

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E GENOTÍPICA DE CARACTERES
AGRONÔMICOS EM UMA POPULAÇÃO DE LINHAGENS RECOMBINANTES
DE AVEIA (*Avena sativa* L.)

Carolina Cover
Engenheiro Agrônomo/UFRGS

Dissertação apresentada com um dos requisitos
à obtenção do Grau de Mestre em Fitotecnia
Ênfase Melhoramento e Biotecnologia Vegetal

Porto Alegre (RS), Brasil
Julho de 2010

CIP - CATALOGAÇÃO INTERNACIONAL NA PUBLICAÇÃO
Biblioteca Setorial da Faculdade de Agronomia da UFRGS

C874c Cover, Carolina
Caracterização fenotípica e genotípica de caracteres agronômicos em uma população de linhagens recombinantes de aveia (*Avena sativa* L.) / Carolina Cover. — Porto Alegre : C. Cover, 2010.

x, 89 f.; il.

Dissertação (Mestrado – Melhoramento e Biotecnologia Vegetal)
– Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2010.

1. Aveia. 2. Melhoramento Genético Vegetal. 3. Biotecnologia. I. Título.

CDD: 633

CAROLINA COVER
Engenheira Agrônoma - UFRGS

DISSERTAÇÃO

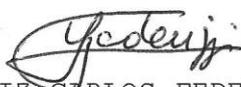
Submetida como parte dos requisitos
para obtenção do Grau de

MESTRE EM FITOTECNIA

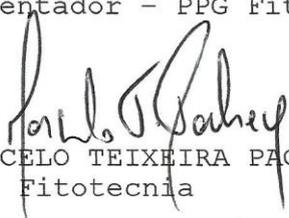
Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia
Faculdade de Agronomia
Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Porto Alegre (RS), Brasil

Aprovado em: 23.07.2010
Pela Banca Examinadora

Homologado em: 14.09.2010
Por



LUIZ CARLOS FEDERIZZI
Orientador - PPG Fitotecnia



MARCELO TEIXEIRA PACHECO
PPG Fitotecnia



PAULO HENRIQUE DE OLIVEIRA
Universidade Tecnológica do Paraná
Pato Branco



CLAUDIA ERNA LANGE
Instituto Riograndense do Arroz
IRGA



PEDRO ALBERTO SELBACH
Diretor da Faculdade de
Agronomia

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida e por sempre guardar boas surpresas no meu caminho.

Aos meus pais, Itacir e Marlene Cover, pelo apoio e amor incondicionais e por sempre valorizarem o meu estudo.

Aos meus irmãos, Jaciel e Jonas, que sempre torceram por mim.

À Guilherme Steffen, pelo carinho, paciência e por mesmo na distância me apoiar e me fazer acreditar que tudo era possível.

Aos meus amigos de Chapada e de Porto Alegre, em especial a Nara, Neila e Ivania Cover, Jaqueline Lermen, Luciane Azevedo, Vanessa Peripolli e Gelson Schuh, pelos inesquecíveis momentos que compartilhamos.

À Felipe Graichen, sempre disposto a me ajudar nas análises dos dados de campo. Obrigada também pela amizade e por ser um exemplo profissional e de vida.

Aos colegas da UFRGS, em especial a Ana Paula Valentini, Adriana Figueiró, Adriano Schneider, Cibele da Costa, Deise Riffel, Graciela Castilhos, Fábio Berndt, Letícia Tonello, Noryam Bispo, Rodrigo dos Santos, Vladirene Vieira, pelo apoio nas horas difíceis e pela alegria nos momentos de descontração.

Aos professores Luiz Carlos Federizzi e Marcelo Teixeira Pacheco, pela orientação e oportunidade de realização deste trabalho.

Aos funcionários da Estação Experimental Agronômica da UFRGS, pela amizade e auxílio nos trabalhos de campo.

À Sandra Cristina Kothe Milach e a Pioneer pela concessão da bolsa de mestrado.

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E GENOTÍPICA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM UMA POPULAÇÃO DE LINHAGENS RECOMBINANTES DE AVEIA (*Avena sativa* L.)¹

Autor: Carolina Cover

Orientador: Luiz Carlos Federizzi

RESUMO

O melhoramento genético de aveia envolve a seleção de múltiplos caracteres quantitativos e qualitativos. O conhecimento das regiões genômicas que afetam estas características possibilita a seleção assistida por marcadores moleculares, técnica que visa complementar a seleção convencional. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi de identificar regiões genômicas responsáveis por caracteres quantitativos (QTLs), associadas a marcadores moleculares previamente identificados. O experimento foi conduzido nos anos de 2008 e 2009, sendo empregadas 150 linhagens recombinantes de aveia, oriundas do cruzamento entre os genótipos UFRGS 8 e UFRGS 930605. O mapeamento de QTLs foi realizado através do método por intervalo composto. No primeiro ano, 2008, foram identificados 34 QTLs, sendo estes distribuídos em nove grupos de ligação e abrangendo 10 das 11 características avaliadas. No ano de 2009, foram detectados 22 QTLs para 11 dos 12 caracteres avaliados, sendo estes também distribuídos em nove grupos de ligação. A porção da variação fenotípica explicada pelos QTLs variou de 6,15% a 34,85%. Importantes QTLs foram identificados para caracteres de interesse aos programas de melhoramento de aveia, como a estatura de planta, o número de dias ao florescimento, o peso do hectolitro, o peso de mil grãos, o rendimento de grãos, o peso de panícula e o número de grãos por panícula. Foram observados QTLs para diferentes caracteres na mesma região genômica, ou seja, ligados aos mesmos marcadores moleculares, sendo que, vários destes caracteres também apresentaram correlações fenotípicas significativas. A maioria dos QTLs detectados apresentou expressão em apenas um dos anos avaliados, porém alguns QTLs, como os associados ao caráter estatura de planta, foram detectados nos dois anos de avaliação. Sendo assim, os resultados gerados neste trabalho fornecem subsídios aos programas de melhoramento genético de aveia, proporcionando um maior entendimento dos mecanismos genéticos envolvidos com os caracteres de interesse. No entanto, estes resultados devem ser integrados e validados em outras populações para que a seleção assistida por marcadores moleculares possa ser realizada com sucesso.

¹ Dissertação de Mestrado em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (99p) Julho, 2010.

**PHENOTYPIC AND GENOTYPIC CHARACTERIZATION AGRONOMIC
TRAITS IN A POPULATION OF RECOMBINANT INBRED LINES OF OATS
(*Avena sativa* L.)¹**

Author: Carolina Cover
Adviser: Luiz Carlos Federizzi

ABSTRACT

The genetic improvement of oats requires selection of multiple quantitative and qualitative traits. Knowledge of the genomic regions controlling them makes possible the adoption of marker-assisted selection, a supporting technique to conventional breeding. Therefore, the objective of this study was to identify genomic regions responsible for quantitative traits loci (QTLs) associated with molecular marker previously identified. The experiment was conducted in 2008 and 2009 and employed a population of 150 recombinant inbred lines of oats from the cross between the oat genotypes UFRGS 8 and UFRGS 930605. QTL mapping was carried out by composite interval analysis. In the first year, 2008, 34 QTLs were identified, which were distributed in nine linkage groups, covering 10 of 11 traits studied. In 2009, 22 QTLs were detected for 11 of 12 traits analyzed, which were also distributed in nine linkage groups. Phenotypic variation explained by the QTLs ranged from 6.15% to 34.85%. QTLs with important effect on the phenotypic variance were identified for traits of interest in oat breeding programs, such as plant height, number of days to flowering, test weight, thousand grain weight, grain yield, panicle weight and number of grains per panicle. QTLs affecting different traits were identified in the same genomic region, i.e., linked to the same molecular markers. Several of these traits also revealed significant phenotypic correlations. Most QTLs were detected in only one of the two years of evaluation. Even though, some QTLs, such as those associated with plant height, were detected in both years. The results generated in this work provide a better understanding of the genetic basis controlling traits of interest, which can be useful for oat breeding programs. However, these results should be validated in other populations in order to allow the marker-assisted selection to be successful.

¹ Master of Science dissertation in Agronomy, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (99p) July, 2010.

SUMÁRIO

	Página
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	4
2.1 A aveia	4
2.2 Caracteres adaptativos em aveia	5
2.2.1 Ciclo e estatura.....	5
2.3 Componentes do rendimento em aveia.....	8
2.3.1 Crescimento inicial e fitomassa	9
2.3.2 Número de colmos férteis por metro	9
2.3.3 Índice de colheita	10
2.3.4 Peso do hectolitro.....	11
2.3.5 Peso de panícula.....	12
2.3.6 Número de grãos por panícula	13
2.3.7 Rendimento de grãos	13
2.4 Marcadores moleculares	14
2.5 Mapeamento genético	18
2.5.1 Mapeamento molecular em aveia	19
3 MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1 Local, clima e solo	22
3.2 Material vegetal e instalação dos experimentos a campo	22
3.3 Avaliação das características fenotípicas de interesse na população.....	24
3.3.1 Vigor inicial de plantas e densidade de plantas na parcela.....	24
3.3.2 Número de dias até o florescimento	25
3.3.3 Número de colmos férteis	25
3.3.4 Estatura	25
3.3.5 Componentes da panícula	25
3.3.6 Índice de colheita	26
3.3.7 Rendimento de grãos	26
3.3.8 Peso do hectolitro.....	26
3.4 Análise estatística	27
3.5 Obtenção dos marcadores moleculares DArT e construção do mapa genético ..	27
3.6 Mapeamento genético de caracteres quantitativos.....	28
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
4.1 Análises fenotípicas	31

	Página
4.2 Mapa de ligação molecular	49
4.3 Mapeamento de QTL	52
4.3.1 Mapeamento por intervalo simples	52
4.3.1 Mapeamento por intervalo composto	55
4.3.2 Análise conjunta dos QTLs nos dois anos de avaliação	71
5 CONCLUSÕES.....	75
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	76
7 APÊNDICES	86

RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1. Genealogia e demais características de interesse agrônômico dos genitores da população utilizada no experimento.	23
2. Análise de variância para os caracteres: (D) densidade de plantas, (E) estatura de planta, (IC) índice de colheita, (BA) biomassa aparente, (NDF) número de dias ao florescimento, (PH) peso do hectolitro, (P) pilosidade, (PMG) peso de mil grãos, (R) rendimento, (NCF) número de colmos férteis, (V) vigor inicial, (PP) peso de panícula, (NEP) número de espiguetas por panícula, (NGP) número de grãos por panícula. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2008/2009.....	31
3. Resumo da análise estatística para as características fenotípicas avaliadas nos anos de 2008 e 2009. E (estatura de planta, cm), D (densidade de plantas na parcela), IC (índice de colheita), BA (biomassa aparente por metro) NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro, kg.hL ⁻¹), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos, g), R (rendimento de grãos, Kg.ha ⁻¹), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula, g), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2008/2009.....	33
4. Análise de correlação fenotípica para 12 características avaliadas no ano de 2008. E (estatura de planta), D (densidade de plantas na parcela), BA (biomassa aparente por metro), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento de grãos), V (vigor inicial de plantas), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2008.	37
5. Análise de correlação fenotípica para 13 características fenotípicas avaliadas no ano de 2009. E (estatura de planta), D (densidade de plantas na parcela), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento de grãos), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2009.....	38

6. Resumo da análise estatística para as características fenotípicas avaliadas no ano de 2009 para os genitores UFRGS8 (U8) e UFRGS930605 (U605). E (estatura de planta, cm), D (densidade de plantas na parcela), IC (índice de colheita), BA (biomassa aparente por metro, g), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro, kg.hL ⁻¹), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos, g), R (rendimento de grãos, Kg.ha ⁻¹), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula, g), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2009.	49
7. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo simples nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2008. E (estatura de planta), NDF (número de dias ao florescimento), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento), V (vigor), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).	53
8. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo simples nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2009. E (estatura de planta), IC (índice de colheita), PH (peso do hectolitro), R (rendimento), V (vigor), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).	54
9. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo composto nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2008. E (estatura de planta), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento), V (vigor), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).	58
10. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo composto nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2009. E (estatura de planta), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade), R (rendimento), V (vigor), NCF (número de colmos férteis), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).	66

RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2008. \bar{x} = média da população.	44
2. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2009. \bar{x} = média da população.	46
3. Mapa genético de ligação baseado em marcadores moleculares DArT e AFLP para o cruzamento de aveia entre os genitores UFRGS 8 x UFRGS 930605. GL: grupo de ligação.	51
4. Grupos de ligação com a identificação dos QTLs detectados através do método do intervalo composto no ano de 2008.	63
5. Grupos de ligação com a identificação dos QTLs detectados através do método do intervalo composto no ano de 2009.	70

1 INTRODUÇÃO

A aveia (*Avena sativa* L.) é uma importante cultura tanto para a alimentação humana quanto animal, podendo também ser utilizada como pastagem ou como cobertura verde dos solos no inverno. No Sul do Brasil, a aveia é uma das principais culturas utilizadas, resultado do intenso melhoramento genético da cultura, que determinou a introdução desta no sistema de semeadura direta.

Até a década de 80, as principais variedades de aveia cultivadas eram provenientes dos Estados Unidos ou Argentina, e apresentavam problemas de adaptação ao ambiente brasileiro, principalmente por apresentarem um longo ciclo de cultivo e uma elevada estatura, o que resultava no acamamento de plantas e em baixos rendimentos de grãos e baixa qualidade do produto. Assim, para que a cultura pudesse se inserir no sistema de produção foi necessário uma mudança drástica nestes caracteres, originando variedades com ciclo e estatura reduzidos e maior rendimento e qualidade de grãos.

Apesar dos avanços obtidos nas modernas variedades de aveia, ainda existem muitas oportunidades para melhorar a eficiência dos programas de melhoramento genético da cultura, principalmente no que diz respeito ao uso de técnicas de biotecnologia.

Dentre as várias ferramentas da genética molecular disponíveis para o melhoramento de plantas, os mapas genéticos têm se revelado como um recurso de grande valor, pois permitem a localização de genes ou locos responsáveis por

características quantitativas (QTLs) sem a necessidade de conhecimento prévio da arquitetura genética da característica. Com o advento dos marcadores moleculares, tem-se desenvolvidos mapas genéticos cada vez mais saturados, permitindo identificar marcadores associados às características de interesse através do mapeamento molecular.

Recentes avanços em marcadores moleculares foram feitos com o desenvolvimento da tecnologia DArT (*Diversity Arrays Technology*), que é um sistema de genotipagem baseado em uma plataforma de microarranjos, o qual independe de informações prévias do genoma, produz dados em grande escala e baixo custo.

No ano de 2007, linhagens recombinantes de aveia, resultantes do cruzamento entre os genótipos UFRGS 8 e UFRGS 930605, foram submetidas, pelo Programa de Melhoramento Genético de Aveia da UFRGS, para análise de marcadores DArT, sendo gerados nesta análise 177 marcadores moleculares.

Com a disponibilidade desses marcadores moleculares é possível a construção de mapas genéticos de ligação para a população oriunda do cruzamento, bem como se faz necessário identificar a cosegregação destes marcadores de DNA com as características fenotípicas de interesse, especialmente com as características quantitativas, sendo esse um dos objetivos deste trabalho.

Objetivo geral

Caracterizar, fenotipicamente e genotipicamente, linhagens recombinantes de aveia para diferentes caracteres de interesse agrônômico na cultura.

Objetivos específicos

1. Fenotipar a população de linhagens recombinantes de aveia oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 x UFRGS 930605, em relação aos principais caracteres adaptativos e de rendimento da cultura.
2. Construir uma mapa genético a partir de marcadores moleculares DArT previamente identificados.
3. Identificar, na população de linhagens recombinantes, QTLs relacionados aos principais caracteres fenotípicos avaliados, em diferentes anos.
4. Determinar os efeitos de cada QTL mapeado.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A aveia

A aveia é um cereal de inverno com centro de origem no Oriente Médio e Mediterrâneo, possuindo ampla adaptação geográfica, sendo cultivada em diferentes locais do mundo. A maior distribuição e cultivo estão concentrados em áreas de clima temperado e úmido, na América do Norte, Europa e Rússia (Murphy & Hoffman, 1992). Na América Latina, o Brasil é um dos maiores produtores de aveia para grãos, sendo sua introdução atribuída aos imigrantes espanhóis (Federizzi, 2002).

As aveias formam uma série poliplóide onde ocorrem espécies diplóides, tetraplóides e hexaplóides, com número básico de cromossomos igual a sete. A aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma espécie alohexaplóide com $2n = 6x = 42$ cromossomos, combinando os genomas AACCCDD de três espécies ancestrais diplóides (Thomas, 1992). Pertencente à família *Poaceae*, tribo *Avenae* é, dentre as gramíneas cultivadas, a que possui o maior genoma, superando o trigo (Thomas, 1992). É uma espécie anual que se reproduz por autofecundação, destinada a produção de grãos para a alimentação humana e animal.

Na região sul do Brasil, a aveia tem sido uma excelente alternativa agrônômica e econômica de inverno, proporcionando aos agricultores a adoção do sistema de semeadura direta. Assim, a aveia contribui de maneira direta na conservação do solo, na redução dos custos de produção e para uma maior sustentabilidade dos sistemas agrícolas (Federizzi, 2002).

O melhoramento genético de aveia no Brasil é recente, com aproximadamente trinta e cinco anos. Inicialmente, as variedades utilizadas eram provenientes dos Estados Unidos e Argentina, sendo destinadas a produção de forragem e posterior colheita de grãos. Estas variedades não apresentavam adaptação adequada aos nossos ambientes, proporcionando grãos de baixa qualidade e de baixo rendimento (Federizzi & Pacheco, 2009). A substituição de variedades antigas por variedades modernas, com melhor tipo agrônomo, maior adaptação ambiental, melhor rendimento e qualidade de grãos, fez com que o país deixasse de ser um importador tornando-se autossuficiente na produção de grãos de boa qualidade (Carvalho *et al.*, 1987).

Em aveia, os programas de melhoramento visam selecionar genótipos que apresentem grãos de elevada qualidade, com alto potencial de rendimento e com resistência as principais doenças. Porém, para potencializar o rendimento de grãos, caracteres adaptativos como o ciclo e estatura de planta também possuem um papel fundamental, devendo ser avaliados durante o processo de seleção. Como a maior parte das características de importância agrônoma em aveia, como o rendimento de grãos e o peso do hectolitro, são herdados de maneira quantitativa e estão sob forte influência do ambiente, o processo de seleção convencional é dificultado, fazendo-se necessário o desenvolvimento de técnicas de seleção baseadas no genótipo dos indivíduos, proporcionando assim um maior ganho genético e de forma rápida e eficiente (Holland, 1997a).

2.2 Caracteres adaptativos em aveia

2.2.1 Ciclo e estatura

Dentre os principais caracteres que foram modificados na cultura da aveia durante sua adaptação ao ambiente do Sul do Brasil, o ciclo, ou o número de dias ao

florescimento é um dos que merece maior destaque, já que o número de dias do plantio à colheita foi reduzido de 190 para menos de 130 dias (Federizzi & Pacheco, 2009). Em trabalhos realizados por Barbosa Neto *et al.* (2000) foi estimado que houve uma redução de 21% do ciclo ou -1,5 dias por ano, quando comparados genótipos modernos com os dos anos 70. A precocidade de ciclo permite um melhor ajuste das cultivares as condições de luminosidade e temperatura, podendo também ser usada como um mecanismo de escape a ocorrência de moléstias como as ferrugens, além de favorecer o sistema de cultivo adotado no sul do Brasil, onde são utilizadas duas culturas anuais em sucessão, sendo uma de verão e outra de inverno (Federizzi, 2002).

O número de dias para o florescimento é importante fator de adaptação da aveia aos diferentes ambientes de cultivo, sendo que para este caráter foram identificados, em germoplasma brasileiro, dois sistemas gênicos com dominância para a precocidade. O primeiro sistema foi identificado em UFRGS 8, com um gene de grande efeito e o segundo sistema em UFRGS 7, com dois genes de menor efeito (Federizzi, 1996a). Dados recentes demonstram que o gene presente em UFRGS 8 é de insensibilidade ao fotoperíodo (Locatelli *et al.*, 2008).

O evidente ganho genético no ciclo vegetativo em aveia, pode ser explicado devido aos altos valores de herdabilidade encontrados para o caráter. A herdabilidade descreve a proporção da variância fenotípica que pode ser transmitida dos pais à progênie, porém vale ressaltar que a herdabilidade varia de acordo com a população em estudo bem como com o efeito do ambiente sobre o caráter. Em trabalhos realizados com genótipos brasileiros, Bertan *et al.* (2002), encontrou um valor de herdabilidade no sentido amplo de 0,60. Nos genótipos avaliados por Amaral *et al.* (1995), a herdabilidade para precocidade de ciclo variou de 0,19 até 0,59, sendo que a maioria

dos valores de herdabilidade para ciclo situou-se acima de 0,30, e 16% foram superiores a 0,50.

Outro caráter que sofreu forte pressão de seleção nos programas de melhoramento de aveia foi a redução da estatura da planta. As variedades antigas apresentavam mais de 150 cm e, em anos de bom ambiente, cresciam demais e acamavam, o que prejudicava a colheita e a qualidade dos grãos (Federizzi, 2002). A redução da estatura está associada ao aumento da relação grão/biomassa aparente, além de permitir que novas tecnologias, como altos níveis de adubação e irrigação, sejam adotados sem que ocorram perdas por acamamento. Porém, para Brown *et al.* (1980), plantas de aveia do tipo semianão podem apresentar menores rendimentos, isso devido ao tamanho reduzido dos grãos. As variedades modernas apresentam estatura entre 90 e 120 cm (Floss *et al.*, 2001). Ao comparar variedades antigas e modernas, Barbosa Neto *et al.* (1996), estimou uma redução da estatura de plantas de aveia de 31% ou 1,60 cm.ano⁻¹.

Em genótipos brasileiros, Federizzi *et al.* (1996b) e Milach & Federizzi (2001), verificaram a existência de dois sistemas distintos controlando a estatura em aveia: o primeiro é baseado em genes dominantes para baixa estatura, presentes nas linhagens UFRGS 884095 e UFRGS 884077, provavelmente os mesmos genes conhecidos internacionalmente como DW 6 e DW 7; e o segundo tem por base genes de menor efeito e recessivos, presentes nas variedades brasileiras UFRGS 7 e UFRGS 15.

Para o caráter estatura de planta, Amaral *et al.* (1995), encontraram valores de herdabilidade elevados, sendo que 87,5% dos genótipos avaliados apresentaram herdabilidade superior a 0,50.

Apesar dos avanços já obtidos no melhoramento genético de aveia em relação ao número de dias ao florescimento e a estatura de planta, estes caracteres ainda são alvos

de estudos dos programas de melhoramento, que visam à otimização destes no desenvolvimento de variedades adaptadas aos mais diversos sistemas de produção e com elevados rendimentos de grãos.

2.3 Componentes do rendimento em aveia

A produção de altos rendimentos em cereais requer, mais que em outras culturas, o controle dos diferentes componentes responsáveis pelo desenvolvimento biológico da cultura (Bellido, 1991). Durante o período de crescimento tem lugar a diferenciação dos órgãos vegetativos e reprodutivos determinando-se a quantidade de biomassa produzida, sua distribuição e especialmente sua acumulação no grão. A formação do rendimento deve ser, portanto, considerada em relação a todos os fatores e processos responsáveis da biomassa total e, de maneira singular, com o componente economicamente mais importante, que é o rendimento de grãos (Bellido, 1991).

Em cereais, Grafius (1956) sugeriu que o rendimento de grãos é o resultado da multiplicação de três componentes: o número de panículas/planta; o número de grãos/panícula e o peso de grãos. Já Donald (1968), propôs ideotipos de plantas, os quais seriam desenvolvidos com base no conhecimento fisiológico do rendimento, no qual os melhoristas poderiam selecionar morfológicamente e fisiologicamente. A busca de um ideotipo de planta é um método de seleção que visa aumentar o potencial genético de rendimento, baseado na modificação de caracteres individuais. A planta ideal deve combinar as características que serão usadas como critério de seleção indireta para rendimento de grãos. O ideotipo de planta de aveia, segundo Peltonen-Sainio (1990), é composto de características tais como alta produção de fitomassa, com um alto peso de panícula, resultante de um grande número de grãos, baixa estatura de planta e precocidade.

2.3.1 Crescimento inicial e fitomassa

O crescimento inicial está diretamente associado ao aproveitamento da radiação solar disponível no início do ciclo da cultura, quando as plantas com maior crescimento, se beneficiam com a maior captação de energia (Almeida *et al.*, 1998). O crescimento inicial aumenta a capacidade produtiva dos cereais através da fixação e distribuição de fotoassimilados na planta, sendo, portanto, um importante aspecto a ser utilizado no processo de seleção (Causse *et al.*, 1995).

A produção de fitomassa também pode potencializar a formação de grãos, através da maior área fotossintética para a produção de carboidratos, resultando em grãos maiores e mais pesados (Boukerrou & Rasmusson, 1990). Porém, no processo de seleção, não se deve selecionar plantas mais vigorosas, mas sim plantas que em densidade adequada manifestem o seu crescimento máximo, a fim de que permitam que plantas vizinhas também possam manifestar essa característica (Almeida *et al.*, 1998).

2.3.2 Número de colmos férteis por metro

Dentre os diversos componentes do rendimento em cereais encontra-se o número de colmos férteis por metro, que é uma medida que visa identificar o potencial de afilhamento das plantas. Os filhos são colmos axilares, produzidos pelo colmo principal ou colmos laterais e se originam pela divisão celular da terceira camada de células do colmo, no ponto onde se encontram as folhas (Bonnett, 1961).

O afilhamento é fundamental na determinação do rendimento de grãos em aveia, pois afeta o número de panículas por área (Davidson & Chevalier, 1990). Para se obter maior rendimento e qualidade de grãos, os filhos devem alcançar um crescimento sincronizado com o colmo principal.

O número de afilhos férteis depende das condições ambientais presentes durante a iniciação do primórdio do afilho, sendo que estresses ambientais durante este período podem inibir a sua formação e, em estádios posteriores, causar o seu abortamento (Mass *et al.*, 1994). O afilhamento é uma característica desejável para os cereais cultivados no Sul do Brasil, de modo a proporcionar maior plasticidade às culturas frente às condições climáticas adversas (Alves *et al.*, 2005).

2.3.3 Índice de colheita

O índice de colheita é a relação entre o rendimento de grãos e o total de biomassa aparente produzida, sendo que esta relação mede a eficiência entre a produção total de biomassa e a produção econômica. O índice de colheita, assim como os demais componentes do rendimento, pode ser afetado pelas condições ambientais, onde condições desfavoráveis na pré-antese, combinadas com condições favoráveis no enchimento de grãos, tendem a aumentar o índice de colheita, resultado da produção de grãos mais pesados. Baixos índices de colheita podem ser decorrentes de um ambiente favorável no período anterior a antese, o que favorece o crescimento vegetativo, combinado com condições desfavoráveis durante o enchimento de grãos (Peltonen-Sainio *et al.*, 2008).

Em genótipos brasileiros de aveia, o índice de colheita tem alcançado, nos últimos anos, melhores resultados com a redução da estatura de planta e com o aumento do número de grãos e do peso de grãos por panícula (Barbosa Neto *et al.*, 2000). Para Peltonen-Sainio *et al.* (2008), a introdução dos genes do nanismo nas cultivares modernas de aveia contribuiu no aumento do índice de colheita, pois a redução da estatura de planta para incrementar a resistência ao acamamento, teve como consequência a redução da demanda de assimilação para a elongação do colmo,

reduzindo a habilidade para a produção de biomassa e aumentando para a produção de grãos. Em algumas cultivares, o índice de colheita tem apresentado uma maior associação com o peso de grãos do que com número de grãos por panícula, o que também pode estar associado ao fato de que o maior número de grãos tende a diminuir o peso dos grãos e, conseqüentemente, o rendimento (Peltonen-Sainio *et al.*, 2008).

2.3.4 Peso do hectolitro

Em aveia, o peso do hectolitro é um importante parâmetro utilizado na comercialização dos grãos, especialmente no que se refere ao rendimento industrial, representando o peso de grãos por unidade de volume. Este caráter está relacionado com a quantidade de flocos produzida.

O peso do hectolitro na década de 40, em anos bons para a cultura da aveia, estava ao redor de 44 kg.hL^{-1} , valor que não se pode comparar diretamente com os dados de hoje, porque agora os grãos são desaristados, processo não empregado antigamente (Federizzi, 2002). Porém, segundo Barbosa Neto *et al.* (1996), houve um aumento de 124,2% no peso do hectolitro ou $0,92 \text{ kg.hL}^{-1}.\text{ano}^{-1}$ nas variedades da época.

Na análise conjunta do ensaio brasileiro de cultivares de aveia do ano de 2009, as variedades mais recentes, URS 21 ($48,3 \text{ kg.hL}^{-1}$), UPFA 22 Temprana ($47,6 \text{ kg.hL}^{-1}$) e UFRGS 19 ($46,8 \text{ kg.hL}^{-1}$), apresentam os melhores pesos do hectolitro na média de todos os ambientes testados (Floss *et al.*, 2009).

2.3.5 Peso de panícula

Outro caráter importante em aveia é o peso da panícula, principalmente porque dois dos componentes primários do rendimento de grãos, espiguetas por panícula e peso dos grãos são parte predominante deste caráter (Chapko & Brinkman, 1991).

Em aveia, cada espiguetas, que compõem a panícula, pode apresentar de um a três grãos (Bonnett, 1961), sendo que usualmente cada panícula possui de 20 a 120 espiguetas. O número de flores férteis por panícula depende de diversos fatores como, por exemplo, o potencial genético da cultivar e as condições climáticas na antese e na fecundação (Petr *et al.*, 1988).

Alguns trabalhos apresentaram forte correlação entre o peso da panícula e o rendimento de grãos (Peltonen-Sainio, 1990; Chapko & Brinkman, 1991), o que justifica o uso deste caráter como um critério de seleção por alguns programas de melhoramento. O peso de panícula em aveia apresenta valores de baixa à média herdabilidade, sendo encontrados valores que variam entre 0,21 e 0,40 (Caierão, 2000; Federizzi *et al.*, 1993). O fato de serem encontrarem baixos valores de herdabilidade para o peso de panícula se deve ao controle do caráter, que se dá por vários genes e que sofrem forte influência no ambiente (Bertan *et al.*, 2002). Em estudo realizado com treze cultivares de aveia recomendadas para o sul do Brasil, foi encontrado um valor médio de peso de panícula de 1,72 gramas (Valentini *et al.*, 2008).

Em genótipos brasileiros, o peso de grãos foi o caractere que mais contribuiu no aumento do rendimento de grãos, sendo estimado um ganho de 20% ou 0,5 mg.ano⁻¹, comparando-se as variedades da década de 70 com as da década de 1990 (Barbosa Neto *et al.*, 2000). Valores de herdabilidade para este caráter, em aveia, foram encontrados variando entre 0,38 e 0,75 (Federizzi *et al.*, 1993; Bertan *et al.*, 2002; Valentini *et al.*,

2008). Nas cultivares de aveia recomendadas para cultivo no Brasil, no ano de 2008, o valor médio do peso de mil grãos foi de 32,8 gramas (Floss *et al.*, 2008).

2.3.6 Número de grãos por panícula

Os grãos representam o rendimento econômico da cultura, sendo assim um dos focos principais dos programas de melhoramento. Porém, o incremento no número de grãos por panícula, em aveia, pode estar associado com a redução no peso dos grãos (Peltonen-Sainio *et al.*, 2008). Para este caráter, foram encontrados valores de baixa a média herdabilidade, com índices variando entre 0,14 e 0,47 (Federizzi *et al.*, 1993; Bertan *et al.*, 2002), valores que refletem a dificuldade de serem obtidos maiores ganhos genéticos durante o processo de seleção. O valor médio do número de grãos por panícula de aveia, encontrado em estudo realizado com treze cultivares recomendadas, foi de 53,7 (Valentini *et al.*, 2008).

2.3.7 Rendimento de grãos

O rendimento de grãos em cereais é obtido através do produto do rendimento biológico pelo índice de colheita e o rendimento biológico sendo produto da taxa de crescimento pela duração do período de crescimento (Takeda *et al.*, 1980). Desta forma, o rendimento de grãos é igual à taxa de crescimento multiplicada pela duração do período do crescimento e pelo índice de colheita. Assim, a obtenção de cultivares de cereais com alto rendimento de grãos está associada à seleção de genótipos com maiores índices de colheita (Donald & Hamblin, 1976).

Segundo Barbosa Neto *et al.* (2000), o rendimento de grãos em genótipos brasileiros de aveia cresceu na ordem de 44 kg. ha⁻¹.ano⁻¹, ou 22% em 40 anos, sendo o peso de grãos o caráter que mais contribuiu para este aumento. No ano de 2008, o

rendimento médio das cultivares de aveia recomendadas pela Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia, em Eldorado do Sul, foi de 4116 kg/ha (Pacheco *et al.*, 2009).

Como visto, o rendimento de grãos em aveia é resultado da combinação de diversos componentes, sendo que o desenvolvimento de um genótipo com alto potencial de rendimento de grãos depende do conhecimento da complexa relação entre eles e também da identificação de quais podem ser mais passíveis de modificação e de ganho genético. Além disso, a forte influência do ambiente nestes caracteres, indicado pelos baixos a intermediários valores de herdabilidade, evidenciam a necessidade de utilização de novas técnicas que permitam aprimorar o processo de seleção convencional.

2.4 Marcadores moleculares

Até meados da década de 60, os marcadores utilizados em estudos de genética e melhoramento eram controlados por genes associados a caracteres morfológicos, em geral fenótipos de fácil identificação visual. Estes marcadores morfológicos contribuíram significativamente para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos (Ferreira e Grattapaglia, 1998). No entanto, a utilização de marcadores morfológicos apresenta algumas limitações de uso, isto porque, frequentemente, são controlados por genes dominantes, não permitindo a distinção entre genótipos heterozigotos e homozigotos dominantes (Cavalli, 2003).

O desenvolvimento dos marcadores moleculares, no início da década de 80, representou grande avanço no conhecimento dos caracteres quantitativos, devido à disponibilidade de número suficiente de marcadores para a associação aos diferentes alelos da espécie em estudo. Com isso, mapas genéticos contendo grande número desses

marcadores foram construídos para várias espécies, possibilitando o mapeamento dos locos controladores dos caracteres quantitativos.

Os marcadores moleculares traduzem as diferenças na seqüência de DNA de diferentes genótipos de uma determinada espécie. Estas variações são chamadas de polimorfismos, sendo originadas por rearranjos cromossômicos, como inserções, duplicações, deleções, mutações (Griffiths *et al.*, 2006). Segundo Ferreira & Grattapaglia (1996), marcadores moleculares são todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA.

Os marcadores moleculares têm vantagens sobre os marcadores morfológicos porque, na grande maioria, são herdados de forma codominante e raramente exibem interações epistáticas ou pleiotrópicas; podem ser detectados tanto em tecidos jovens como adultos e, teoricamente utilizáveis em qualquer estágio de desenvolvimento da planta (Milach, 1998).

Vários tipos de marcadores moleculares têm sido desenvolvidos, os quais podem ser utilizados conforme os objetivos de cada trabalho. A primeira técnica desenvolvida para a identificação de marcadores baseados em DNA foi de RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). Esta técnica baseia-se na diferença de comprimentos de DNA gerados quando clivados com a mesma enzima de restrição e que diferem quanto ao tamanho, em número de pares de bases, em indivíduos geneticamente diferentes, como resultado de possíveis mutações nos sítios de restrição, deleções, inserções, translocações ou inversões, os quais alteram a distância entre os sítios de restrição (Botstein *et al.*, 1980).

Na década de 1980, foi desenvolvida por Kary Mullis (Mullis & Faloona, 1987), a técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) a qual é baseada em ciclos contínuos de desnaturação e amplificação das fitas de DNA mediados pela enzima DNA polimerase

em pontos específicos do genoma, determinado pelo anelamento de *primers* específicos de sequências complementares a estes pontos. A primeira técnica derivada da PCR foi RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) desenvolvida por Williams *et al.*, (1990). Com a técnica de RAPD, foi possível superar a limitação encontrada na técnica da PCR, a qual exigia a utilização de iniciadores específicos (*primers*) construídos a partir de sequências conhecidas de DNA. A possibilidade de utilizar iniciadores arbitrários, que amplificam sequências-alvos desconhecidas, trouxe novas perspectivas para a identificação de marcadores moleculares. Entretanto, uma das limitações encontradas no uso de RAPD foi a baixa repetibilidade dos resultados.

A técnica baseada em PCR levou à descrição de outras classes de marcadores moleculares, como o AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) (Zabeau & Vos, 1993) e SSR (*Simple Sequence Repeat*) (Litt & Luty, 1989), também conhecidos como microssatélites. Estes marcadores caracterizam-se pela maior repetibilidade, pelo grande poder de resolução e pelos altos níveis de polimorfismo.

Mais recentemente, foram desenvolvidos marcadores moleculares baseados na técnica de hibridização por microarranjo de DNA (*DNA microarray*). Esta técnica permite medir a expressão de transcritos em larga escala e com isso a observação simultânea de várias centenas de locos polimórficos espalhados pelo genoma. O emprego destes arranjos segue alguns passos, como: síntese do arranjo de DNA, preparo de sondas, hibridização do arranjo, detecção do sinal e análise dos dados (Caixeta *et al.*, 2009). Dentre os tipos de marcadores que utilizam esta técnica estão os DArT (*Diversity Arrays Technology*) (Jaccoud *et al.*, 2001) e os SFPs (*Single Feature Polymorphisms*) (Borevitz *et al.*, 2003).

A tecnologia DArT é baseada em uma plataforma de microarranjos, independente de informações prévias do genoma, a qual produz dados em grande escala

e baixo custo (Jaccoud *et al.*, 2001). A técnica consiste de que, para cada amostra de DNA individual que é estudada, são desenvolvidas representações genômicas através da digestão de DNA genômico com enzimas de restrição e posterior ligação de adaptadores aos fragmentos digeridos. Em seguida é feito um PCR onde são utilizados primers complementares à sequência dos adaptadores para reduzir a complexidade do genoma. Os fragmentos amplificados são clonados. Esses insertos clonados são novamente amplificados, purificados e arranjados em um suporte sólido (microarranjo), resultando em um “discovery array”. Representações genômicas, preparadas a partir de genomas individuais alvos de estudos, são hibridizados a esse “discovery array” para a identificação de polimorfismos. Os clones polimórficos (marcadores DArT) mostram intensidade de sinais de hibridização variáveis para diferentes indivíduos, conforme os genótipos (Jaccoud *et al.*, 2001).

Os marcadores moleculares podem ser empregados em estratégias como o mapeamento e seleção assistida por marcadores (MAS – *Marker Assited Selection*), que é uma poderosa ferramenta para a seleção indireta de caracteres que apresentam dificuldade de avaliação nos primeiros estádios de seleção e/ou que são altamente afetados pelo ambiente (Schuster *et al.*, 2001). Os marcadores também têm sido aplicados em análise genética com as mais diferentes finalidades, tais como: identificação de clones, testes de paternidade, análise de fluxo gênico, determinação de parentesco e na construção de mapas genéticos, necessários para o mapeamento de locos responsáveis por características quantitativas, os QTLs (*Quantitative Trait Loci*).

O uso dos marcadores moleculares na análise de características quantitativas parte do pressuposto de que com a genotipagem de plantas pelos marcadores pode ser utilizada para obter informações indiretas sobre os genótipos de determinado QTL. Portanto, se o QTL estiver próximo do marcador, eles podem cosegregar. O ideal seria a

disponibilidade de um grande número de marcadores, ou seja, de um mapa genético saturado, que permita a detecção de um QTL em qualquer parte do genoma (Tanksley, 1993).

2.5 Mapeamento genético

Os mapas genéticos representam a ordem dos locos ao longo do cromossomo e a distância relativa entre eles. A construção de mapas genéticos foi viabilizada após a descoberta, no início do século passado, da ligação entre genes e da localização destes nos cromossomos (Vieira *et al.*, 2006). Em 1913, A.H. Sturtevant, interpretando dados oriundos da segregação de genes ligados, sugeriu o uso da porcentagem de recombinantes como indicador quantitativo da distância linear entre dois genes na construção de mapas genéticos. Os mapas mostravam que a posição dos genes correspondia à sua ordem linear nos cromossomos. Assim, o conceito de localização dos genes em uma ordem linear passou a ser incorporado à teoria cromossômica da herança (Gardner & Snustad, 1986; Griffiths *et al.*, 1998).

Mais recentemente, com o advento dos marcadores moleculares e com metodologias estatísticas mais eficientes, os mapas genéticos receberam um grande impulso, sendo amplamente saturados para um grande número de espécies. Estes mapas permitem a localização relativa de genes e, ou, locos que governam características qualitativas ou quantitativas (QTLs) sem a necessidade de conhecimento prévio da herança do caráter, a não ser a possibilidade de mensurar adequadamente o fenótipo (Grattapaglia & Ferreira, 2009).

Mapear um QTL significa identificar sua posição relativa no genoma e estimar seus efeitos genéticos, tais como: o efeito aditivo, efeito de dominância e outros efeitos presentes no modelo adotado. Para realizar o mapeamento são necessárias informações

tais como: dados fenotípicos do caráter quantitativo de interesse e dados de marcadores moleculares, os quais são obtidos em laboratórios especializados. Uma vez que estes dados estejam disponíveis, faz-se necessário a distribuição dos marcadores utilizados em grupos, chamados grupos de ligação. Depois estes marcadores são ordenados no grupo e, então, dentro de cada grupo, são estimadas as distância entre os marcadores adjacentes ou marcadores flanqueadores, obtendo-se assim o mapa genético. O propósito do mapeamento de QTLs é inferir os genótipos de um QTL, a fim de poder estimar os efeitos e a localização de QTLs a partir das associações com marcadores genéticos conhecidos (Liu, 1998).

2.5.1 Mapeamento molecular em aveia

Em programas de melhoramento, a utilização de marcadores moleculares possibilita a identificação de genótipos recombinantes dentro de uma população e a seleção destes indivíduos para futuros cruzamentos, apresentando assim as características desejadas. Em aveia, poucas características de importância econômica são governadas por poucos genes, por isso a utilização de marcadores com base na caracterização de QTLs é importante para a sua manipulação genética (Rines *et al.* 2006).

Os estudos com marcadores moleculares em aveia iniciaram na década de 90 (O'Donoghue, 2000). Para a aveia diplóide dois mapas foram desenvolvidos, sendo o primeiro em uma população derivada do cruzamento entre *A. atlantica* x *A. hirtula*, usando marcadores AFLP (O'Donoghue *et al.*, 1992), e o segundo mapa a partir do cruzamento entre *A. strigosa* x *A. wiestti*, com o uso de marcadores do tipo RFLP (Rayapati *et al.*, 1994).

O mapeamento em aveia hexaplóide é mais complicado devido ao tamanho de seu genoma e de sua natureza poliplóide. Obter a cobertura completa do genoma e resolver os grupos de ligação nos 21 cromossomos esperados não tem sido uma tarefa fácil. Um dos maiores problemas é devido a diferenças de translocações entre as linhas parentais (O'Donoghue, 2000). Em aveia hexaplóide o primeiro mapa foi desenvolvido para uma população de linhagens recombinantes oriundas do cruzamento entre *A. byzantina* C. Koch cv. *Kanota* x *A. sativa* L. cv. Ogle (K x O) (O'Donoghue *et al.*, 1995). Este mapa, que é a principal referência das análises de mapas em aveia, foi atualizado em 2003, quando foram incluídos novos marcadores e uma população maior, resultando na redução do número de grupos de ligação de 38 para 29 (Wight *et al.*, 2003). Recentemente, foi desenvolvido através da técnica de microarranjos, ou marcadores DArT, um novo mapa para a aveia, tendo como objetivo, fornecer uma cobertura completa do genoma da cultura (Tinker *et al.*, 2009). Para tal, foram utilizados acessos de diversos países, de forma a representar o germoplasma global. Foram utilizados 1010 marcadores DArT associados aos 287 marcadores utilizados por Wight *et al.* (2003), bem como com outros 119 desenvolvidos recentemente. Desta forma, foi produzido um mapa integrado, que concorda com o mapa anterior, porém revisa alguns grupos de ligação (Tinker *et al.*, 2009). A disponibilidade destes marcadores moleculares em aveia é de grande importância aos programas de melhoramento genético, podendo ser empregados na genotipagem do germoplasma, identificação de QTLs, seleção assistida por marcadores moleculares, introgressão de genes ou regiões genômicas via marcadores DArT e mapeamento molecular de genes a partir de mapas genéticos pré-existentes.

As características mais estudadas através do mapeamento em aveia referem-se à resistência as doenças (principalmente a ferrugem da folha, *Puccinia coronata* f.sp.

avenae) e de qualidade dos grãos (conteúdo de óleo e teor de β -glucana), fatores de grande importância devido a utilização da aveia na alimentação humana (Siripoonwiwat *et al.*, 1996, Zhu *et al.*, 2004; Portyanko *et al.*, 2005; Carlson & Kaeppler, 2007).

Em aveia, vários QTLs e marcadores associados têm sido identificados para os caracteres adaptativos, como a resposta a vernalização, número de dias ao florescimento e estatura de planta (Holland *et al.*, 1997b, Holland *et al.*, 2002, Koeyer *et al.*, 2004; Nava, 2008; Wooten *et al.*, 2009). Em trabalho realizado por Tanhuanpää *et al.* (2006), foram encontrados dois marcadores SNPs para o caráter estatura de planta em aveia, sendo estes marcadores localizados próximos ao gene do nanismo em aveia, DW6, gene também já mapeado por Milach *et al.* (1997).

Utilizando marcadores moleculares AFLP, Achleitner *et al.* (2008), encontraram associações significativas entre os marcadores e características de interesse em aveia. Dos 23 marcadores moleculares encontrados, sete foram considerados passíveis de utilização na seleção assistida, sendo que estes apresentavam forte associação com caracteres como o rendimento de grãos e a susceptibilidade ao acamamento.

No Sul do Brasil, em trabalhos conduzidos por Bothona *et al.* (1996 e 1997ab), foram identificadas regiões genômicas em aveia associadas a características de interesse agrônomo em uma população oriunda do cruzamento entre K x O. Neste experimento foram encontrados QTLs associados à estatura de planta, ao ciclo e ao caráter peso de panícula (Bothona *et al.*, 1997ab).

Apesar dos vários trabalhos de mapeamento molecular em aveia, são poucos os realizados em populações brasileiras, sendo assim necessário que mais estudos sejam conduzidos nos genótipos adaptados ao Sul do Brasil, com o objetivo de identificar regiões genômicas associadas aos caracteres de maior interesse agrônomo.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local, clima e solo

Os trabalhos de campo foram conduzidos nos anos de 2008 e 2009 na Estação Experimental Agronômica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (EEA/UFRGS), em Eldorado do Sul, RS, situada na região fisiográfica da Depressão Central do Rio Grande do Sul, a 30° 05' 52" de latitude sul e 51° 39' 08" de longitude oeste, a uma altitude média de 46 metros acima do nível do mar. O clima da região é do tipo Cfa, segundo a classificação de Koeppen, que corresponde à subtropical úmido (Ipagro, 1979). A precipitação pluvial média anual, em Eldorado do Sul, é de 1440 mm e a temperatura média mensal varia entre 14 e 25° C, entre os meses mais frios e os meses mais quentes (Bergamaschi, 2003). O solo da área experimental pertence à unidade de mapeamento São Jerônimo, caracterizado como Argissolo Vermelho Distrófico típico (Streck *et al.*, 2002).

3.2 Material vegetal e instalação dos experimentos a campo

Neste estudo foram avaliadas fenotipicamente 150 linhagens recombinantes F6 (RILs – *Recombinant Inbred Lines*), desenvolvidas através do cruzamento entre os genótipos UFRGS 8 e UFRGS 930605 (U8 x U605). Estes materiais pertencem ao Programa de Melhoramento de Aveia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). A população foi desenvolvida pelo método de SSD (*Single Seed Descendent*), sem seleção até a geração F5. A escolha desta população foi realizada a

partir da resposta diferencial dos pais para as diferentes características de interesse agrônomo. Na Tabela 1, são apresentados os principais caracteres, bem como a genealogia dos genitores da população em estudo.

TABELA 1. Genealogia e demais características de interesse agrônomo dos genitores da população utilizada no experimento.

Genótipos	Genealogia	Número de dias ao florescimento (dias)	Estatura (cm)	Rendimento (Kg.ha ⁻¹)	Peso do hectolitro (kg.hL ⁻¹)	Peso de mil grãos (g)
UFRGS 8	OA338 x 2682-1	Semiprecoce 78,4	118,1	2971	51,3	34,7
UFRGS 930605	UFRGS 15 x UFRGS 881920	Semitardio 91,0	89,2	3962	56,1	26,0

O principal caráter que distingue os genótipos parentais utilizados neste trabalho se refere ao ciclo vegetativo. O genótipo U8 apresenta um gene maior para florescimento precoce, sendo recentemente demonstrado que este gene é de insensibilidade ao fotoperíodo, ou seja, o florescimento precoce independe da quantidade de luz (Federizzi *et al.* 1996a, Locatelli *et al.*, 2008). Já o genótipo U605 é dependente do comprimento do dia para florescer, sendo considerado de ciclo semitardio, ou dependente de dias longos (Locatelli *et al.*, 2006).

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com três repetições. Cada linhagem constituiu uma parcela de 5 linhas e três metros de comprimento, com espaçamento de 0,2 metros entre linhas.

Nos dois anos de experimentação a campo, a semeadura foi direta e mecanizada. A adubação de base constituiu de 300 kg.ha⁻¹ da fórmula 10-30-15 de N-P-K. No ano de 2008 a semeadura foi realizada no dia dezessete de junho. Já no ano de 2009, a semeadura foi no dia três de julho. A densidade de semeadura utilizada nos dois anos foi de 300 sementes/m². As sementes foram previamente tratadas com o inseticida

Imidacloprid, na dose de 60 ml.100 kg de sementes⁻¹ do produto (suspensão concentrada 600 g.l⁻¹), quinze dias antes do plantio, com o objetivo de diminuir a ocorrência do vírus do nanismo amarelo da cevada (VNAC), transmitido por afídeos.

A adubação de cobertura consistiu de duas doses de nitrogênio, na forma de uréia, na dose de 70 kg.ha⁻¹ de uréia em cada aplicação, correspondendo a aproximadamente 32 kg.ha⁻¹ de nitrogênio por aplicação, quando as plantas estavam com quatro e seis folhas completamente expandidas. O controle de plantas daninhas na área foi realizado através de capina manual e da aplicação do herbicida Metsulfurometílico, na dose de 4 g.ha⁻¹ do produto. O controle da principal doença incidente sobre a aveia, a ferrugem da folha, causada por *Puccinia coronata* f. sp. *avenae*, foi realizado com a aplicação do fungicida Tebuconzole, na dose de 750 ml.ha⁻¹. Em cada ciclo da cultura foram necessárias duas aplicações da calda de fungicida.

3.3 Avaliação das características fenotípicas de interesse na população

3.3.1 Vigor inicial de plantas e densidade de plantas na parcela

As avaliações iniciaram a partir do estágio de desenvolvimento das plantas em que estas apresentavam quatro folhas completamente expandidas. Os caracteres vigor inicial de plantas (V) e densidade de parcela (D) foram avaliados visualmente, sendo atribuídas notas de um a cinco. Notas maiores de vigor foram atribuídas as parcelas onde as plantas apresentaram bom afilhamento, com boa produção de biomassa e notas menores para as parcelas onde as plantas apresentavam baixa produção de biomassa. A densidade foi avaliada como um critério que visava monitorar possíveis falhas na germinação de cada linhagem na parcela. Parcelas que se apresentavam sem falhas na germinação receberam nota cinco, sendo atribuídas notas decrescentes conforme as perdas ou danos nas mesmas.

3.3.2 Número de dias até o florescimento

O número de dias até o florescimento (NDF) foi realizado individualmente em cada parcela da população. A data do florescimento foi considerada aquela em que 50% da parcela apresentava 50% da panícula do colmo principal exposta, ou seja, não sendo mais envolvida pela bainha da folha bandeira. A data inicial para o cálculo dos dias até o florescimento foi estabelecida como sendo o dia da semeadura.

3.3.3 Número de colmos férteis

Após a plena floração foi avaliado, apenas no ano de 2009, o número de colmos férteis (NCF) em um metro linear representativo da parcela, sendo este previamente demarcado.

3.3.4 Estatura

A estatura (E) de cada linhagem foi determinada com o auxílio de uma régua de 200 cm, quando as plantas encontravam-se próximas da maturação. A estatura de planta correspondeu à distância entre o solo e a espiguetas mais alta da planta. Para isso foram tomadas três plantas ao acaso por parcela e em seguida feita a média.

3.3.5 Componentes da panícula

De cada parcela, foram separadas 15 panículas do colmo principal no primeiro ano, e 10 no segundo ano. A partir destas panículas foram feitas, em laboratório, as seguintes determinações: o peso de panícula (PP), em gramas; o número de espiguetas por panícula (NEP); o número de grãos por panícula (NGP); e a estimativa do peso de mil grãos (PMG), em gramas.

3.3.6 Índice de colheita

Na maturação, um metro previamente demarcado foi colhido separadamente, sendo seco ao sol, e em seguida pesados para a determinação do rendimento de biomassa aparente acima do solo (BA). O material foi trilhado e os grãos obtidos foram pesados para a determinação do rendimento de grãos (RG). O índice de colheita (IC) foi obtido pelo quociente entre RG/BA, multiplicado por 100.

3.3.7 Rendimento de grãos

O rendimento de grãos (R) foi obtido através da massa de grãos, não desaristados, colhidos de forma mecanizada de cada parcela e transformados para kg. ha⁻¹.

3.3.8 Peso do hectolitro

O peso do hectolitro (kg.hL⁻¹) foi obtido após o desaristamento e limpeza dos grãos colhidos de cada parcela. Para a medição do peso do hectolitro (PH) utilizou-se uma balança com capacidade para um quarto de litro. A pesagem dos grãos foi feita em uma balança analítica, com precisão de 0,01 g.

3.3.9 Pilosidade dos grãos

A partir dos grãos obtidos da panícula, foi realizada a avaliação de pilosidade dos grãos, sendo atribuídas notas de 1 a 3, utilizando-se o seguinte critério: 1, pouco piloso; 2, piloso e 3, muito piloso.

3.4 Análise estatística

A partir dos dados fenotípicos obtidos das avaliações, procedeu-se a análise de variância (ANOVA) para todos os caracteres avaliados a partir do programa SAS (*Statistical Analysis System*). A comparação entre médias foi realizada pelo teste de Tukey a 1%. Procedeu-se a análise de correlações entre os caracteres avaliados de forma a buscar associações positivas ou negativas entre os mesmos.

3.5 Obtenção dos marcadores moleculares DArT e construção do mapa genético

O mapa genético de ligação foi desenvolvido a partir de marcadores detectados na população de linhagens recombinantes F6 (RILs) oriundas do cruzamento U8 x U605. Foram utilizados 177 marcadores polimórficos DArT, identificados previamente por Nava (2008), juntamente com 17 marcadores AFLP, desenvolvidos por Locatelli *et al.*, 2006.

O mapa genético foi desenvolvido com o programa JoinMap, versão 3.0 (Ooijen & Voorrips, 2001), a partir da matriz gerada pelo programa DarTsoft contendo os marcadores polimórficos entre as linhagens de aveia. Através deste programa foi possível determinar a ordem dos marcadores e a distância de ligação entre marcadores vizinhos. Grupos de ligação foram identificados usando LOD (*Logarithm of the odds*) 7,0. A máxima frequência de recombinação utilizada foi de 40% e as frequências de recombinação foram convertidas em distâncias genéticas (centiMorgans – cM) através da função Kosambi. A figura do mapa genético foi obtida através do programa Windows QTL Cartographer[®] (Wang, 2007).

3.6 Mapeamento genético de caracteres quantitativos

Para que seja possível utilizar a seleção assistida em um programa de melhoramento, os marcadores moleculares devem ser fortemente ligados a genes de interesse ou a regiões genômicas que estão envolvidas com características complexas, os QTLs. Também é desejável que tenham efeito relativamente pronunciado na expressão fenotípica, além de serem consistentes em diversos ambientes. Para isso, os dados obtidos tanto no mapa genético quanto nas análises fenotípicas, devem ser submetidos a testes estatísticos que irão fornecer as posições, a magnitude dos efeitos de cada região e discernir as interações gênicas entre elas. Dentre os programas mais utilizados para este fim está o Windows QTL Cartographer (Wang, 2007), que realiza três tipos de mapeamento: Mapeamento por Intervalo (*Interval Mapping - IM*), Mapeamento por Intervalo Composto (*Composite Interval Mapping - CIM*) e Mapeamento de Múltiplos Intervalos (*Multiple Interval Mapping - MIM*).

No mapeamento por intervalo (IM), utilizam-se dois marcadores flanqueadores observáveis para a construção de um intervalo no qual se busca um QTL. A significância dessa análise pode ser verificada por análise de regressão (Equação 1) ou pela função de máxima verossimilhança. Uma desvantagem deste método é que outros QTLs, fora do intervalo em questão, não são considerados, o que tem duas consequências. A primeira é que toda a variação genética, devido a estes outros QTLs, é residual, o que diminui a precisão do teste. A segunda é que, se dois QTLs estiverem ligados no intervalo considerado, isto pode levar a identificação de QTLs que não existem, conhecidos como QTLs fantasmas.

$$\text{Equação 1: } Y_j = u + ax_j + \epsilon_j$$

Y_j : valor da característica Y no indivíduo j;

u : valor genotípico que expressa a média dos homozigotos para o loco controlador da característica quantitativa;

a : efeito aditivo do loco em estudo sobre a característica;

x_j : variável condicionadora cujos valores são dependentes dos genótipos dos marcadores que flanqueiam o QTL, no indivíduo j ;

ϵ_j : erro aleatório.

Para evitar esses efeitos Jansen (1993) e Zeng (1993) propuseram, de forma independente, um método em que QTLs fora do intervalo em questão são considerados através do método de regressão múltipla. Em seguida, Zeng (1994) propôs o Mapeamento por Intervalo Composto (CIM), onde marcadores sabidamente relacionados a QTLs são incluídos como variáveis independentes no modelo de regressão múltipla (Equação 2), o que reduz a variância residual entre os locos e aumenta, assim, o poder de detecção de cada QTL e a precisão na estimação de seus efeitos (Zeng, 1994; Jansen & Stam, 1994). Para minimizar os efeitos dos demais QTLs fora do intervalo em análise, estes são incluídos nela como cofatores, que são determinados previamente através do procedimento *stepwise* (Zeng, 1994).

$$\text{Equação 2: } Y_j = \beta_0 + \sum_{i=1}^m \beta_i x_{ji} + \epsilon_j$$

j : 1, 2, ..., n indivíduos;

m : marcadores;

x_{ji} : escore do marcador i no indivíduo j ;

β_i : coeficiente de regressão parcial do fenótipo y ao marcador i condicional a todos aos outros marcadores.

Com isso é possível construir um modelo para cada posição do genoma, sendo testados a significância dos efeitos aditivos e de dominância de cada modelo através da máxima verossimilhança e LOD score. Sendo que, para cada experimento de

mapeamento um grande número de testes é realizado, a significância em cada caso pode ser obtida por vários métodos, sendo o teste de permutação o mais indicado.

Dessa forma, os valores fenotípicos analisados para os diferentes caracteres foram utilizados para análise de mapeamento por intervalo simples e composto para o mapeamento de locos quantitativos, pelo programa Windows QTL Cartographer[®] (Wang, 2007). O nível de significância de LOD para detectar QTLs foi de 2,5, com 1000 permutações e varredura de 2 cM para análise de intervalo simples e composto (Zheng, 1994). A estimativa da posição, efeito genético e porcentagem da variação fenotípica (dada pelo coeficiente de determinação, R^2) dos QTLs foi estabelecida nos picos de LOD acima do nível de significância (*threshold*) considerado.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises fenotípicas

Nos experimentos realizados em Eldorado do Sul nos anos de 2008 e 2009, para a análise fenotípica das linhagens recombinantes, foram detectadas diferenças significativas entre os genótipos para todos os caracteres avaliados (TABELA 2), a exceção da biomassa aparente no ano de 2008 ($p = 0,3709$), da densidade ($p = 0,0033$) e biomassa aparente ($p = 0,1162$) no ano de 2009. Estes resultados indicam a variabilidade genética existente entre as linhagens recombinantes avaliadas e sugerem que esta é uma boa população para se fazer estudos de mapeamento de QTLs.

TABELA 2. Análise de variância para os caracteres: (D) densidade de plantas, (E) estatura de planta, (IC) índice de colheita, (BA) biomassa aparente, (NDF) número de dias ao florescimento, (PH) peso do hectolitro, (P) pilosidade, (PMG) peso de mil grãos, (R) rendimento, (NCF) número de colmos férteis, (V) vigor inicial, (PP) peso de panícula, (NEP) número de espiguetas por panícula, (NGP) número de grãos por panícula. EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2008/2009.

Caracteres	Ano					
	QM 2008			QM 2009		
	Genótipo	Repetição	CV%	Genótipo	Repetição	CV%
D	0,70*	4,47	14,7	0,53 ^{ns}	4,76	15,5
E	154,8*	68,6	5,7	104,14*	106,6	4,5
IC	41,38*	43,7	11,7	27,9*	289,6	14,5
BA	3794 ^{ns}	16630	24,8	5370 ^{ns}	45393	22,1
NDF	25,0*	68,3	1,1	221,4*	175,4	4,8
PH	24,4*	121,7	4,8	12,4*	10,5	4,0
P	1,47*	0,17	21,3	1,53*	0,42	23,3
PMG	30,2*	53,79	8,9	34,5*	16,8	9,6
R	1129550*	13957681	22,5	106936*	131239	17,4
NCF	-	-	-	437,6*	1518,6	19,5
V	0,71*	0,36	12,8	0,47*	1,54	9,2
PP	0,47*	0,91	15,5	0,37*	0,93	17,3
NEP	126*	83,7	15,5	80,9*	218,4	15,5
NGP	387*	461	15,3	287,1*	1197,1	16,6

*Significativo a 1% de probabilidade de erro pelo teste F. ^{ns} não significativo. – não avaliado em 2008

Os coeficientes de variação verificados neste estudo estão dentro dos padrões normais para a experimentação a campo, variando de 1,1% a 24,8%, indicando que as condições experimentais foram adequadas e que grande parte do erro experimental foi minimizado (TABELA 2).

O valor médio de cada caráter, o desvio padrão, os valores máximos e mínimos observados nas linhagens nos diferentes anos, são apresentados na Tabela 3. Na comparação de médias entre anos, as linhagens recombinantes de aveia apresentaram diferenças significativas para os caracteres avaliados, a exceção da pilosidade dos grãos, do vigor inicial de plantas e do número de colmos férteis, sendo este último, apenas avaliado no segundo ano.

A elevada amplitude de variação observada nos diferentes caracteres avaliados na população reflete o efeito do ambiente na expressão destes e também as diferenças genéticas entre as linhagens recombinantes. Essa relação entre o genótipo e o ambiente proporciona dificuldades ao processo de seleção fenotípica, pois genótipos superiores em um ambiente podem não apresentar o mesmo desempenho em outros ambientes, o que requer que os programas de melhoramento realizem avaliações em diferentes anos.

No ano de 2008, em comparação ao ano de 2009, a população de linhagens recombinantes apresentou maiores valores médios de estatura de planta, de índice de colheita, de número de dias ao florescimento, de peso do hectolitro, de peso de panícula e de número de espiguetas e número de grãos por panícula. Porém, apresentou menores valores de densidade de plantas na parcela, de biomassa aparente por metro, de peso de mil grãos e de rendimento de grãos (TABELA 3).

TABELA 3. Resumo da análise estatística para as características fenotípicas avaliadas nos anos de 2008 e 2009. E (estatura de planta, cm), D (densidade de plantas na parcela), IC (índice de colheita), BA (biomassa aparente por metro) NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro, kg.hL⁻¹), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos, g), R (rendimento de grãos, Kg.ha⁻¹), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula, g), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2008/2009.

Variável	Ano	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
E*	2008	106,3	8,9	81,0	133,0
	2009	101,4	7,0	81,0	122,0
D*	2008	3,6	0,7	1,5	5,0
	2009	3,9	0,7	1,5	5,0
IC*	2008	37,3	5,2	21,2	53,5
	2009	29,2	5,4	22,0	57,0
BA*	2008	242,9	61,4	99,3	473,1
	2009	303,1	71,6	154,0	495,0
NDF*	2008	104,4	3,2	95,0	115
	2009	85,7	9,3	74,0	104
PH*	2008	61,9	3,9	46,2	69,5
	2009	57,0	2,8	46,0	64,0
P	2008	2,2	0,8	1,0	3,0
	2009	2,2	0,8	1,0	3,0
PMG*	2008	29,3	4,0	16,2	41,6
	2009	31,4	4,2	13,0	55,0
R*	2008	3625	951,9	1166	7921
	2009	4404	867,2	1829	6708
V	2008	3,7	0,6	2,5	5,0
	2009	3,7	0,5	2,5	5,0
NCF	2008	-	-	-	-
	2009	73,7	17,0	38,0	127,0
PP*	2008	2,5	0,9	0,4	7,2
	2009	1,8	0,7	0,4	6,2
NEP*	2008	38,8	13,0	10,0	112,0
	2009	27,0	9,2	9,0	83,0
NGP*	2008	73,4	25,0	16,0	211,0
	2009	50,6	18,5	14,0	163,0

*caracteres que apresentaram diferença significativa entre anos pelo teste de Tukey a 1%. – não avaliado em 2008

De forma geral, as linhagens recombinantes apresentaram um bom desempenho agrônômico se comparadas com as cultivares recomendadas pela Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia. No ano de 2008, na EEA/UFRGS as linhagens apresentaram uma média de rendimento de 3625 kg.ha⁻¹, sendo este valor superior ao da melhor

testemunha, que produziu 3574 kg.ha⁻¹, porém sem a aplicação de fungicida (Pacheco *et al.*, 2009a). O peso hectolitro das linhagens também foi superior, apresentando uma média de 62,0 kg.hL⁻¹, sendo que a melhor testemunha apresentou um valor de 51,4 kg.hL⁻¹. Já em relação ao número de dias ao florescimento, as linhagens apresentaram um ciclo mais longo, com média 104,4 dias, sendo que as testemunhas apresentaram menores valores de número de dias ao florescimento, variando de 83 a 87 dias. As linhagens também se destacaram ao apresentarem estatura reduzida, com média de 106,3 cm, sendo inferiores as testemunhas, que variaram de 119 a 132 cm (Pacheco *et al.*, 2009a).

Em 2009, as linhagens recombinantes apresentaram rendimento de grãos de 4406 kg.ha⁻¹, valor superior à melhor testemunha do Ensaio Regional de Linhagens, conduzido em Eldorado do Sul/RS, que apresentou um rendimento de 4016 kg.ha⁻¹, porém no ensaio regional, as linhagens e as testemunhas não foram tratadas com fungicida, fator que interfere no rendimento e no peso do hectolitro das mesmas. O peso do hectolitro das linhagens foi muito próximo ao da melhor testemunha do ensaio, que apresentou um valor de 56,8 kg.hL⁻¹. Quanto ao ciclo, as linhagens apresentaram-se com um maior número de dias ao florescimento (85,7 dias), sendo que a melhor testemunha apresentou 84 dias da semeadura ao florescimento. Em relação à estatura de planta, as linhagens apresentaram-se mais baixas, tendo em média 101,4 cm, contra 112 cm da testemunha de menor estatura (Pacheco *et al.*, 2010).

No primeiro ano de experimentação, o índice de colheita obtido pelas linhagens foi de 37,3, já no segundo ano foi de 28,5. Estes valores estão próximos aos obtidos por Rizzi (2004), que utilizando cultivares recomendadas de aveia branca obteve índices de colheita variando entre 28 e 45. De maneira geral, os maiores valores de índice de colheita no primeiro ano não se refletiram em maiores rendimentos (TABELA 3). Estes

resultados estão de acordo com os encontrados por Peltonen-Sainio (1990), que também não obteve nas cultivares de aveia de maior índice de colheita, os maiores rendimentos de grãos.

O número de dias ao florescimento, também apresentou diferença significativa entre as médias nos diferentes anos, o que pode ter sido resultado da diferença nas datas de semeadura, que no ano de 2009 foi atrasado em 17 dias em relação ao ano de 2008. Como o florescimento em aveia sofre influência do fotoperíodo, da vernalização e da soma térmica, sendo que o efeito de cada fator ambiental varia de genótipo para genótipo, o que pode ter ocorrido é a exposição dos materiais as condições de vernalização no ano de 2009, já que este foi um ano onde as temperaturas médias e mínimas foram inferiores ao ano de 2008 (Apêndice 1 e 2). Apesar do genótipo parental U605 ser considerado semitardio, este é um genótipo que foi identificado com resposta a vernalização (Locatelli *et al.*, 2008), apresentando assim, antecipação do florescimento quando submetido ao tratamento natural ou artificial de frio. Segundo Ritchie (1993), a faixa de temperatura ideal para que ocorra a vernalização é de 0,5°C a 10°C, sendo a faixa ótima entre 1°C e 5°C. No ano de 2009, no mês em que foi realizada a semeadura, a temperatura média mínima ficou em 4,1°C, caracterizando assim uma condição ideal para a vernalização das sementes (Apêndice 2).

O efeito do ambiente sobre os genótipos também pode ser verificada ao serem analisados os componentes da panícula, que apresentaram acentuada mudança na média dos caracteres de acordo com o ano de cultivo, o mesmo sendo observado por Baptista *et al.* (1996).

Como o rendimento de grãos em várias culturas tem sido descritos como produto de vários componentes do rendimento (Franco & Carvalho, 1989), o aumento de alguns destes componentes pode favorecer o incremento de outros, ou a sua redução. Portanto,

os coeficientes de correlação podem gerar informações importantes no processo de melhoramento de plantas.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados nos diferentes anos são apresentados nas Tabelas 4 e 5, e demonstram que existem diferenças nas magnitudes das correlações entre os caracteres estudados. Observam-se correlações significativas positivas e negativas entre as diferentes características nos diferentes anos.

A estatura de plantas apresentou correlação positiva nos dois anos de avaliação com o peso de panícula, o número de espiguetas por panícula e o número de grãos por panícula, com magnitudes variando entre 0,255 e 0,437 (TABELA 4 e 5). Em trabalhos realizados por Chandhanamutta & Frey (1973) e Kurek *et al.* (2002), foram encontrados altos valores de correlação fenotípica entre a estatura de planta e o peso de panícula em aveia, 0,58 e 0,71, respectivamente. A estatura de planta também apresentou correlação fenotípica com o número de grãos por panícula na magnitude de 0,31 em trabalho realizado por Barbosa Neto *et al.* (2000). Estes valores indicam que com maiores estaturas de planta, existe a tendência de aumentar os componentes do rendimento da panícula, porém maiores estaturas também podem vir a ocasionar perdas por acamamento e conseqüentemente, diminuição na qualidade dos grãos (Federizzi, 2002). Em trabalho realizado por Hartwig *et al.* (2006), plantas com as maiores estaturas também apresentaram os maiores rendimentos, indicando que a seleção no sentido de reduzir a estatura de planta pode, indiretamente, levar a seleção de plantas com menor potencial produtivo.

TABELA 4. Análise de correlação fenotípica para 12 características avaliadas no ano de 2008. E (estatura de planta), D (densidade de plantas na parcela), BA (biomassa aparente por metro), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento de grãos), V (vigor inicial de plantas), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2008.

	E	D	BA	IC	NDF	PH	P	PMG	R	V	PP	NEP	NGP
E	1,000												
D	0,125	1,000											
BA	0,258*	0,204	1,000										
IC	-0,143	-0,004	0,100	1,000									
NDF	0,054	-0,211	-0,143	-0,294*	1,000								
PH	-0,004	0,180	0,159	0,250*	-0,360*	1,000							
P	-0,162	0,008	-0,140	-0,185	0,099	-0,021	1,000						
PMG	-0,002	0,018	0,170	0,379*	-0,325*	0,233*	-0,163	1,000					
R	0,122	0,302*	0,439*	0,402*	-0,207*	0,413*	-0,177	0,296*	1,000				
V	0,248*	0,364*	0,221*	0,016	-0,432*	0,139	-0,136	0,266*	0,145	1,000			
PP	0,256*	-0,017	0,350*	0,416*	-0,138	0,168	-0,272*	0,318*	0,296*	0,178	1,000		
NEP	0,324*	-0,042	0,198*	0,126	0,149	-0,032	-0,213*	-0,325*	0,060	-0,017	0,720*	1,000	
NGP	0,255*	-0,012	0,271*	0,248*	0,030	0,052	-0,187	-0,210	0,146	-0,021	0,836*	0,921*	1,000

* Correlação significativa pelo teste *t* a 1% de probabilidade

TABELA 5. Análise de correlação fenotípica para 13 características fenotípicas avaliadas no ano de 2009. E (estatura de planta), D (densidade de plantas na parcela), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento de grãos), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2009.

	E	D	BA	IC	NDF	PH	P	PMG	R	V	NCF	PP	NEP	NGP
E	1,000													
D	0,031	1,000												
BA	0,173	0,047	1,000											
IC	-0,012	-0,047	-0,371*	1,000										
NDF	0,374*	-0,086	0,027	0,126	1,000									
PH	-0,173	0,028	-0,048	0,085	-0,255*	1,000								
P	-0,118	-0,012	-0,031	-0,134	-0,053	-0,139	1,000							
PMG	0,013	-0,069	0,055	0,061	-0,123	0,009	-0,167	1,000						
R	-0,026	0,148	0,261*	-0,070	-0,095	0,299*	-0,096	0,102	1,000					
V	-0,016	0,230*	0,095	-0,174	-0,459*	0,134	-0,039	0,207*	0,064	1,000				
NCF	-0,117	0,274*	0,288*	0,050	-0,089	0,078	-0,023	-0,119	0,118	0,091	1,000			
PP	0,395*	-0,217*	0,233*	0,146	0,279*	-0,031	-0,171	0,279*	0,100	-0,229*	-0,346*	1,000		
NEP	0,437*	-0,171	0,201	0,079	0,367*	-0,087	-0,121	-0,186*	0,041	-0,338*	-0,264*	0,828*	1,000	
NGP	0,395*	-0,197*	0,206	0,132	0,335*	-0,048	-0,107	-0,136	0,038	-0,337*	-0,282*	0,887*	0,948*	1,000

* Correlação significativa pelo teste *t* a 1% de probabilidade

No ano de 2009, a estatura de planta apresentou correlação positiva com o número de dias ao florescimento (0,374) (TABELA 5). Em trabalho realizado em uma população oriunda do cruzamento de K x O, também foi detectada correlação entre o número de dias ao florescimento e a estatura de planta (Siripoonwiwat *et al.*, 1996), indicando que o genótipos de maior ciclo tendem a apresentar um maior acúmulo de biomassa.

Em 2008, a biomassa aparente apresentou correlação fenotípica significativa com a estatura de plantas, com a densidade de plantas na parcela, com o rendimento de grãos, com o vigor inicial e com os principais componentes do rendimento da panícula (TABELA 4). Já em 2009, foram observadas correlações positivas da biomassa aparente com o rendimento de grãos, com o número de colmos férteis e com o peso de panícula. Estes dados revelam a importância da biomassa aparente nos diferentes componentes do rendimento de grãos em aveia.

No ano de 2008, o índice de colheita, que representa a partição da massa de grãos em relação à biomassa produzida, apresentou correlação positiva com os caracteres peso do hectolitro (0,250), peso de mil grãos (0,379), peso de panícula (0,416), número de grãos por panícula (0,248) e o rendimento de grãos (0,402), sendo este último valor, inferior ao encontrado por Peltonen-Sainio *et al.* (2008), onde a correlação entre o índice de colheita e o rendimento de grãos foi de 0,86. Estes resultados estão de acordo com os encontrados por outros autores, que confirmam a correlação positiva entre o índice de colheita e o rendimento de grãos em aveia, sugerindo que linhas selecionadas com base no índice de colheita podem ser agronomicamente superiores quanto ao potencial de rendimento de grãos (Rosielle & Frey, 1975, Takeda *et al.*, 1980). Neste mesmo ano, o índice de colheita apresentou correlação negativa com o número de dias ao florescimento (-0,294) (TABELA 4). Em

trabalho realizado por Peltonen-Sainio *et al.* (2008), no região Sul da Finlândia, também foi encontrado um valor de correlação fenotípica negativo entre o índice de colheita e o número de dias ao florescimento, porém com uma maior magnitude (-0,73), indicando que genótipos de aveia com os maiores ciclos, tendem a reduzir a habilidade de produção de grãos, pois direcionam uma maior quantidade de fotoassimilados para a produção de estruturas vegetativas.

O número de dias ao florescimento apresentou correlações negativas nos dois anos com o peso do hectolitro e com o vigor inicial de plantas (TABELAS 4 e 5). Em relação ao vigor inicial de plantas, a correlação pode ser considerada espúria, já que a população em estudo apresenta hábito de crescimento prostrado, o que induz a baixas notas de vigor inicial de plantas, sendo ainda, este hábito de crescimento, característico de plantas com maior ciclo vegetativo em aveia. Correlação negativa entre o número de dias ao florescimento e o peso do hectolitro também foi encontrado por Siripoonwivat *et al.* (1996), indicando perda do rendimento industrial e da qualidade dos grãos quando os genótipos apresentam maiores ciclos vegetativos. No ano de 2008, o número de dias ao florescimento também apresentou correlação negativa com os caracteres peso de mil grãos (-0,325) e rendimento de grãos (-0,207) (TABELA 4). Em 2009, o número de dias ao florescimento apresentou correlações positivas com o peso de panícula (0,279), com o número de espiguetas (0,367) e com o número de grãos por panícula (0,335) (TABELA 5). Em trabalho conduzido por Barbosa Neto *et al.* (2000), foram observadas correlações negativas entre o número de dias ao florescimento e o rendimento de grãos (-0,32), bem como com o peso do hectolitro (-0,37), o índice de colheita (-0,47) e o peso de mil grãos (-0,61), resultados que refletem a importância deste caráter adaptativo na formação dos componentes do rendimento em aveia.

O peso do hectolitro apresentou correlação positiva com o rendimento de grãos nos dois anos avaliados, 0,413 e 0,299, respectivamente (TABELAS 4 e 5). Estes resultados estão de acordo com os encontrados por Siripoonwiwat *et al.* (1996), onde utilizando uma população proveniente do cruzamento K x O, avaliada nos Estados Unidos, a correlação entre o peso do hectolitro e o rendimento de grãos apresentou um valor de 0,457.

O caráter peso de mil grãos apresentou correlações significativas nos dois anos de avaliação (TABELA 4). Em 2008, foi observada correlação positiva entre o peso de mil grãos e o rendimento de grãos em uma magnitude de 0,296. Neste mesmo ano, também foi observada correlação negativa entre o peso de mil grãos e o número de grãos por panícula (-0,210). Correlações positivas significativas foram observadas nos dois anos entre o peso de mil grãos e o vigor inicial de plantas e entre o peso de mil grãos e o peso de panícula. Nos dois anos de avaliação, também foram observadas correlações significativas negativas entre o peso de mil grãos e o número de espiguetas por panícula, -0,210 e -0,186, respectivamente. A correlação negativa entre o peso de mil grãos e o número de espiguetas, indica que a seleção para incremento do número de grãos, que é altamente correlacionado com o número de espiguetas, pode resultar em decréscimo do peso médio dos grãos, sendo este comportamento também observado por Hartwig *et al.* (2006). Ao avaliar o ganho genotípico de cultivares de aveia no Sul do Brasil, Barbosa Neto *et al.* (2000), encontraram correlação negativa para o peso de mil grãos e o número de grãos por panícula (-0,18).

O caráter rendimento de grãos apenas apresentou correlação significativa no ano de 2008, sendo observado um valor de correlação de 0,296 entre o rendimento de grãos e o peso de panícula. Este resultado justifica a utilização do peso de panícula como um

critério de seleção indireta utilizado por alguns programas de melhoramento de aveia para se selecionar plantas com maior rendimento de grãos.

No ano de 2009, o vigor inicial de plantas apresentou correlações negativas de média magnitude com os caracteres peso de panícula (-0,229), número de espiguetas por panícula (-0,338) e número de grãos por panícula (-0,337) (TABELA 5). Estes valores indicam que nem sempre as plantas mais vigorosas no estágio inicial de desenvolvimento são as mais produtivas, isso porque, plantas com elevado crescimento e desenvolvimento inicial podem vir a competir com as plantas vizinhas no decorrer do ciclo, fazendo com que toda a comunidade de plantas apresente uma redução nos principais componentes do rendimento (Almeida *et al.*, 1998).

O caráter número de colmos férteis, apenas avaliado no ano de 2009, apresentou correlações negativas com o peso de panícula (-0,346), com o número de espiguetas por panícula (-0,264), e com o número de grãos por panícula (-0,282) (TABELA 5). Valor de correlação negativo entre o número de colmos férteis e o número de grãos por panícula também foi observado por Barbosa Neto *et al.* (2000). Estes valores podem ser explicados devido ao efeito compensatório dos cereais, indicando que o maior número de afilhos férteis por planta tende a direcionar a partição de fotoassimilados do colmo principal, ou dos grãos da panícula principal, para a manutenção dos afilhos. Este efeito compensatório dos cereais deve-se, em parte, ao genótipo, ao ambiente, e a interação genótipo x ambiente, apresentando vantagens frente aos estresses ambientais a que as plantas possam ser submetidas (Maas *et al.*, 1994).

Os maiores valores de correlação, nos dois anos, foram verificados entre os caracteres peso de panícula e número de espiguetas por panícula, peso de panícula e número de grãos por panícula e entre número de espiguetas e número de grãos por panícula, com magnitudes variando entre 0,720 e 0,948 (TABELAS 4 e 5). Estes

valores estão de acordo com os encontrados por Chapko e Brinkman (1991), Kurek *et al.* (2002) e Baretta *et al.* (2009), e refletem a baixa esterilidade das espiguetas nas linhagens recombinantes.

Correlações fenotípicas observadas nos dois anos podem revelar indícios de que os caracteres envolvidos também apresentam correlações genéticas, que podem ser resultantes da ligação gênica, do pleiotropismo ou ainda devido aos fatores ambientais, que podem causar uma variação simultânea nas diferentes características (Falconer, 1989). As correlações positivas obtidas da estatura de planta com o peso de panícula, o número de espiguetas e o número de grãos por panícula, apresentam-se como uma condição limitante, devendo ser superado pelos programas de melhoramento de aveia. Já as correlações entre o índice de colheita e o peso de panícula, o peso de panícula e o número de espiguetas e de grãos por panícula, são desejáveis aos programas, visto que são caracteres que podem ser utilizados como critério de seleção indireta para aumentar o potencial de rendimento da cultura. Outra correlação desejável em aveia é o número de dias ao florescimento e o peso do hectolitro, que é negativa, o que está de acordo com os objetivos do melhoramento da cultura, pois permite que as plantas tenham um ciclo precoce, porém sem perdas na qualidade dos grãos. O peso do hectolitro e o rendimento, também é uma correlação desejável, visto que, associados, permitem bons resultados à indústria e aos produtores do grão.

Para o mapeamento de QTLs é fundamental que ocorra variabilidade genética na população em estudo, o que pode ser verificado pela distribuição de frequências dos caracteres (FIGURA 1 e 2). Através do teste de Shapiro-Wilk e Kolmogorov-Smirnov, utilizando-se o procedimento “PROC UNIVARIATE” do programa SAS, foi verificado que no primeiro ano apenas a estatura de plantas ($p = 0,139$) e o peso de mil grãos ($p = 0,177$) apresentaram distribuição normal (Apêndice 3). Já no segundo ano, além da

estatura de planta ($p = 0,379$), o rendimento de grãos também apresentou distribuição normal ($p = 0,635$). A distribuição de frequência fenotípica de uma população é formada pelos valores de cada indivíduo, os quais são formados pelos efeitos genéticos e pelo efeito do ambiente. Geralmente, os caracteres que apresentam distribuição contínua de fenótipos são chamados caracteres quantitativos.

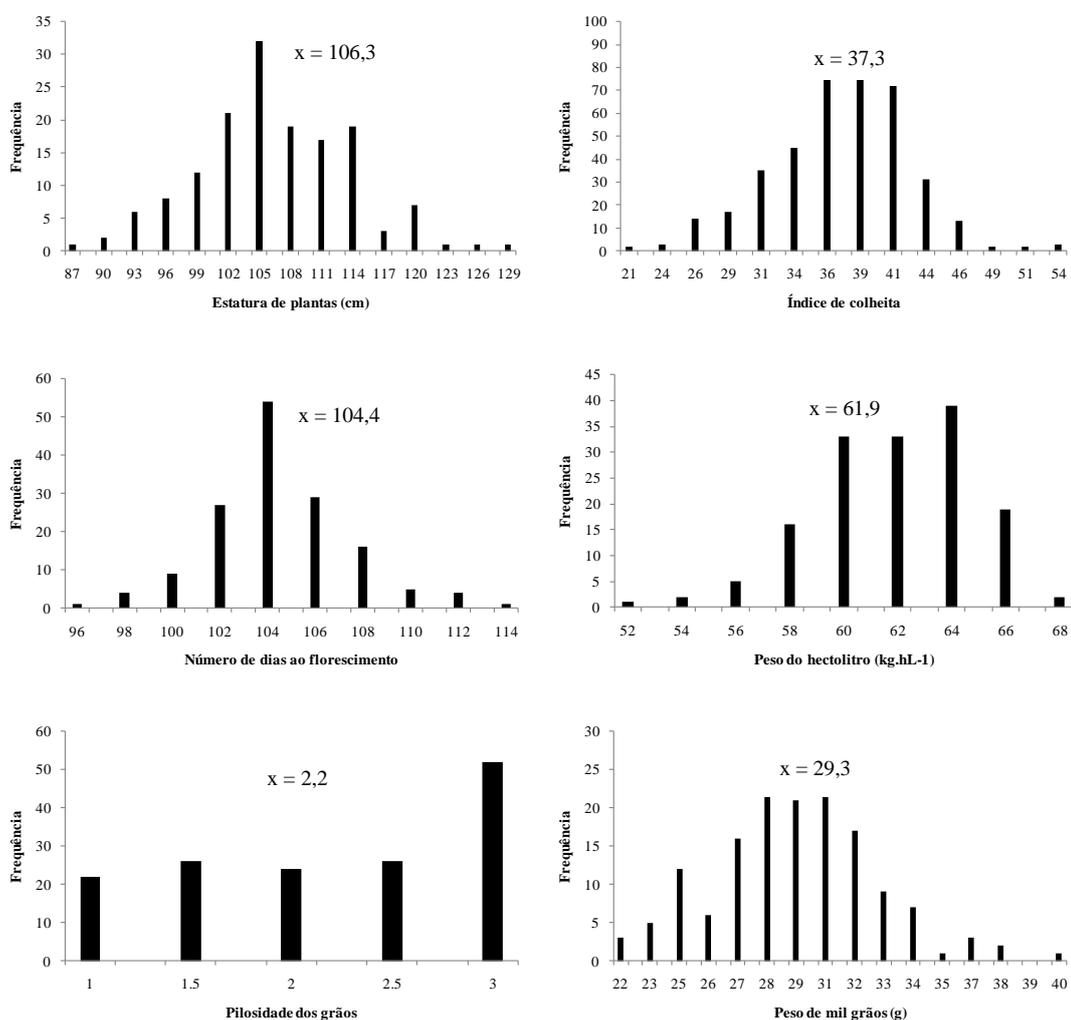
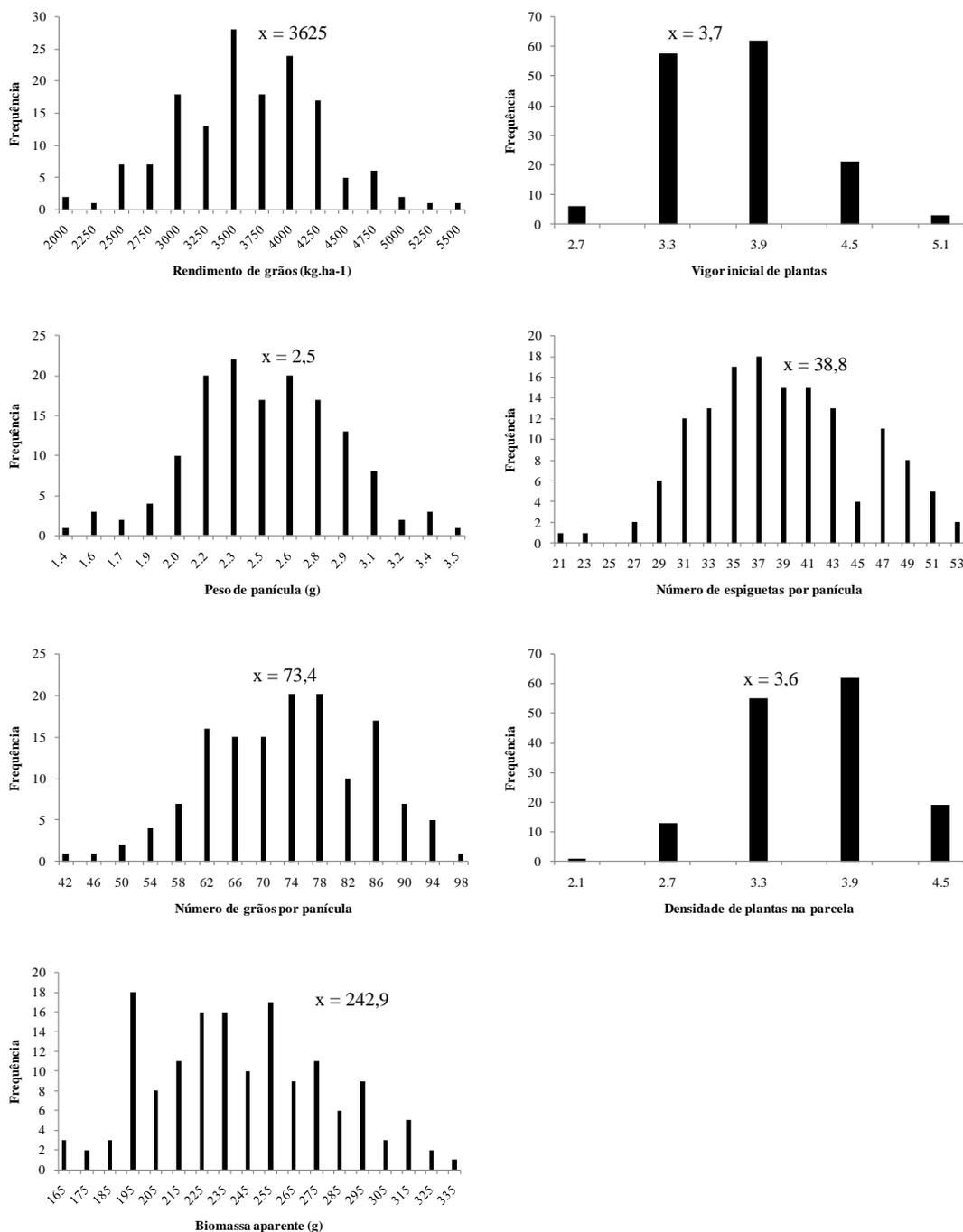


FIGURA 1. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2008. x = média da população.



continuação FIGURA 1. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2008. x = média da população.

No ano de 2009, é possível observar a distribuição de frequências da população de linhagens recombinantes, bem como o comportamento dos pais das linhagens (FIGURA 2 e TABELA 6). O genótipo U8 apresentou um valor médio de estatura de planta de 118,1 cm (TABELA 6), sendo superior ao valor médio encontrado na

população de linhagens recombinantes (FIGURA 2). O genótipo U8 também apresentou um menor número de dias ao florescimento, uma menor pilosidade dos grãos e também um menor peso do hectolitro em relação ao outro genótipo parental U605. Ainda em relação a U605, o genótipo U8 apresentou um maior peso de panícula, de número de espiguetas e de número de grãos por panícula, além de maior peso de mil grãos, porém, este desempenho dos componentes do rendimento não refletiu no rendimento final de grãos (TABELA 6). Estes resultados podem ter decorrido devido à maior produção de biomassa por planta do genótipo U8 em relação ao genótipo U605, isso porque em menor densidade (nota média de 1,5) as plantas de aveia tendem a perfilhar mais, aumentando a biomassa por planta e proporcionando um maior acúmulo de fotoassimilados que então são direcionados aos grãos na fase de enchimento. Porém, essa maior produção de grãos não se refletiu no rendimento total do genótipo devido à baixa densidade de plantas na parcela.

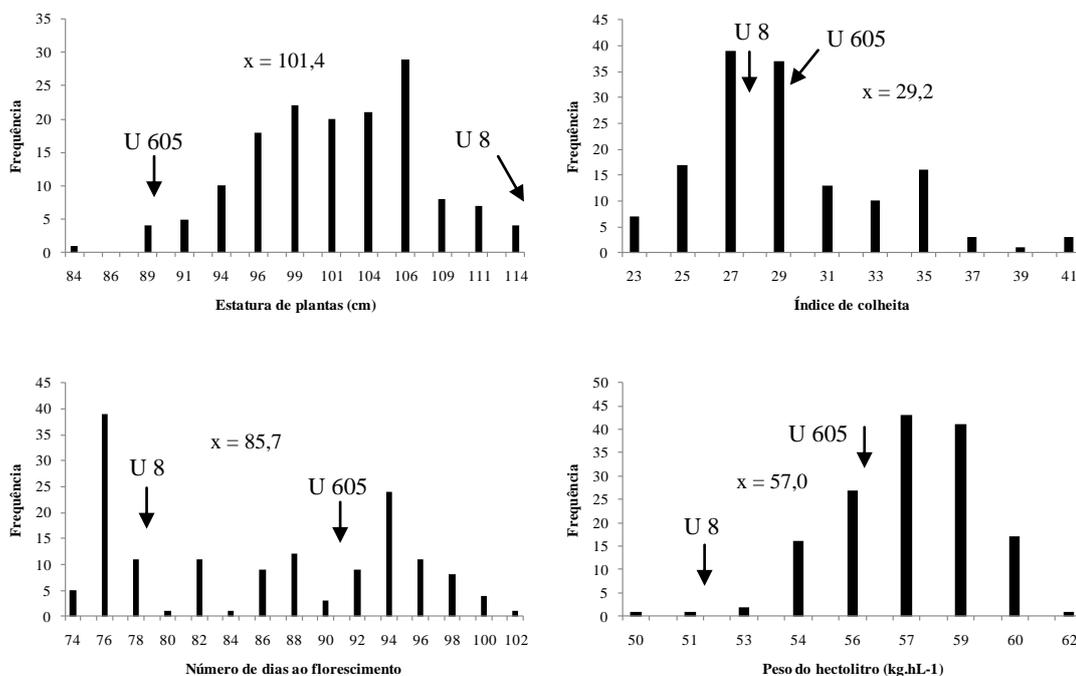
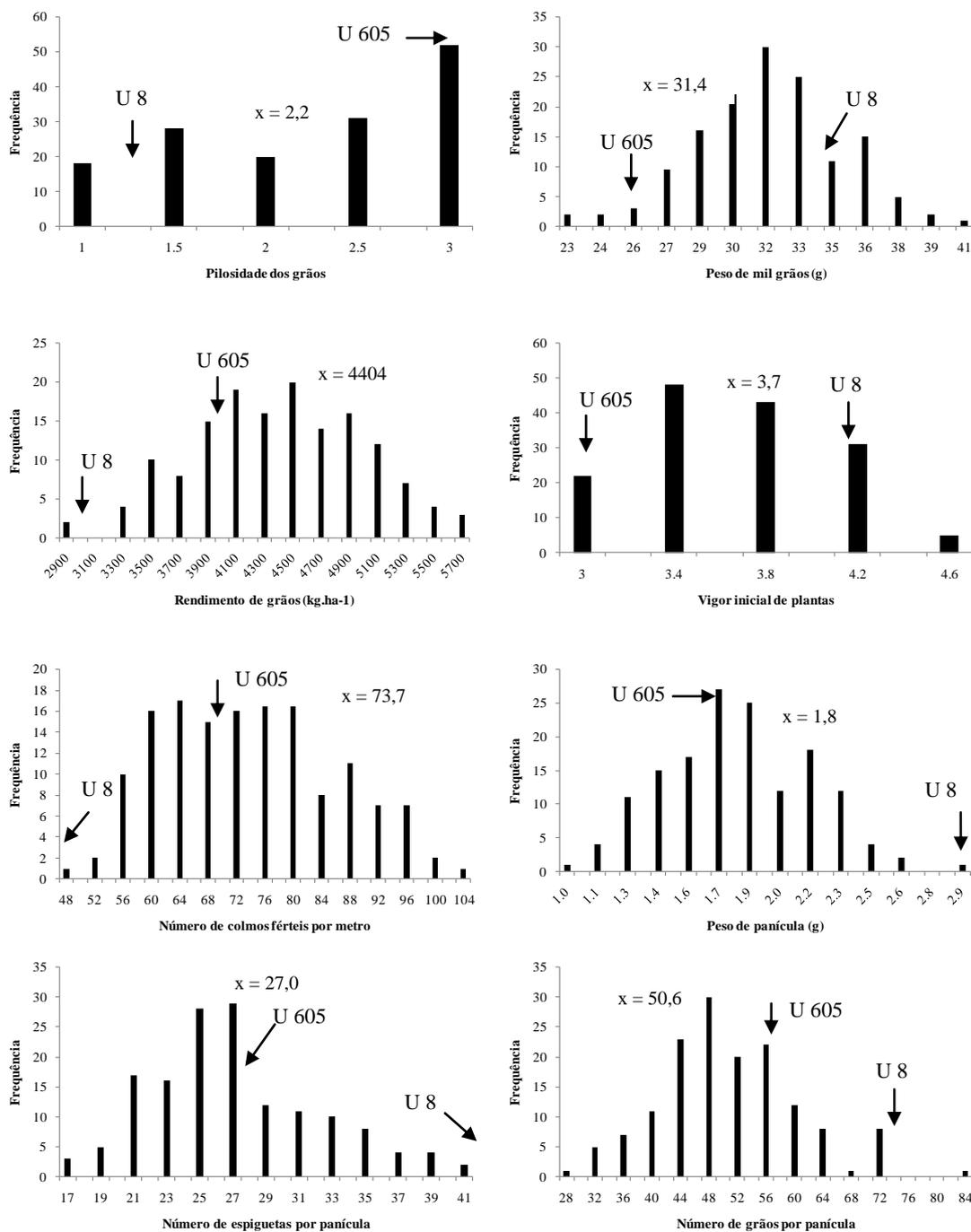
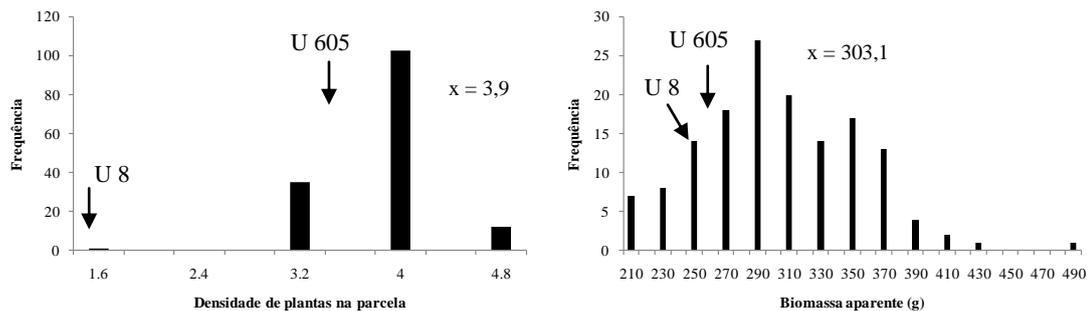


FIGURA 2. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2009. x = média da população.



continuação FIGURA 2. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2009. x = média da população.



continuação FIGURA 2. Distribuição de frequências dos caracteres avaliados nas linhagens oriundas do cruzamento entre UFRGS 8 X UFRGS 930605, no ano de 2009. \bar{x} = média da população.

A precocidade do genótipo U8 também foi observada por Locatelli *et al.* (2008), que ao avaliar este genótipo em condições de inverno e verão, verificou que o mesmo apresenta comportamento precoce independentemente do comprimento do dia. O genótipo U605 apresentou em média 91 dias para o florescimento, ficando abaixo do valor médio obtido para este genótipo, que é de 110 dias (Locatelli, 2003).

Outra importante observação deve ser feita em relação à distribuição de frequências do número de dias ao florescimento da população de linhagens recombinantes no ano de 2009 (FIGURA 2). O caráter apresentou descontinuidade de distribuição, onde a população pode ser dividida em dois grupos, um com ciclo mais precoce e um com ciclo mais tardio, onde os genes que estão atuando nos dois grupos provavelmente são diferentes. Um dos grupos deve estar sob a atuação do gene de insensibilidade ao fotoperíodo, oriundo do genótipo U8, fazendo com que seu florescimento seja sempre precoce, e o segundo grupo deve estar sob atuação de outro sistema gênico.

TABELA 6. Resumo da análise estatística para as características fenotípicas avaliadas no ano de 2009 para os genitores UFRGS8 (U8) e UFRGS930605 (U605). E (estatura de planta, cm), D (densidade de plantas na parcela), IC (índice de colheita), BA (biomassa aparente por metro, g), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro, kg.hL⁻¹), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos, g), R (rendimento de grãos, Kg.ha⁻¹), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula, g), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul, RS. 2009.

Variável	Genótipo	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
E	U605	89,2	5,2	79,0	100,0
	U8	118,1	4,5	109,0	128,0
D	U605	3,5	0,7	2,5	5,0
	U8	1,5	0,2	1,0	2,0
IC	U605	29,2	3,0	25,0	33,0
	U8	28,1	3,3	23,0	33,0
BA	U605	259,3	58,6	196,0	368,0
	U8	250,7	53,3	143,0	323,0
NDF	U605	91,0	4,1	79,0	94,0
	U8	78,4	5,6	76,0	91,0
PH	U605	56,1	3,3	50,0	61,0
	U8	51,3	2,9	45,0	56,0
P	U605	3,0	0,0	3,0	3,0
	U8	1,2	0,6	1,0	3,0
PMG	U605	26,0	3,2	20,0	33,0
	U8	34,7	4,9	21,0	40,0
R	U605	3962	703,0	2420	5020
	U8	2971	739,9	1788	4600
V	U605	3,0	0,4	2,5	3,5
	U8	4,0	0,1	3,5	4,0
NCF	U605	69,2	14,6	52,0	96,0
	U8	32,6	8,1	16,0	45,0
PP	U605	1,7	0,6	0,7	3,5
	U8	2,9	0,9	1,1	5,2
NEP	U605	27,6	8,2	12,0	54,0
	U8	42,3	13,0	20,0	93,0
NGP	U605	57,1	17,4	23,0	107,0
	U8	74,0	23,2	29,0	154,0

4.2 Mapa de ligação molecular

A construção de um mapa genético utilizando marcadores moleculares com um bom nível de saturação é um dos primeiros passos para a identificação eficiente dos locos que participam do controle de um caráter quantitativo (Lynch & Walsh, 1998). Com esse intuito, foi desenvolvido o mapa de ligação molecular para a população U8 x U605. O mapa de ligação foi desenvolvido a partir de 194 marcadores moleculares, sendo 177 marcadores do tipo DArT, desenvolvidos por Nava (2008) e 17 marcadores

do tipo AFLP, desenvolvidos por Locatelli *et al.*, 2006 (FIGURA 3). Também foi integrado a análise, o gene *VRN3*, mapeado por Nava (2008) na população U8 x U605.

O mapa compreendeu 33 grupos de ligação (GL), cobrindo uma extensão total de 726,2 cM, valor considerado baixo se comparado a outros mapas produzidos para a aveia cultivada. Alguns marcadores AFLP não foram encontrados ligados uns aos outros, não sendo identificados grupos de ligação, porém para incluí-los nas análises de mapeamento de QTLs, estes foram alocados como sendo, individualmente, um grupo de ligação. O primeiro mapa desenvolvido para a aveia cultivada, oriunda do cruzamento de K x O, cobria uma distância de 1482 cM (O'Donoghue *et al.*, 1995). Outros mapas também foram desenvolvidos e com extensões aproximadas, como o desenvolvido por Groh *et al.* (2001) com 736 cM e com 27 grupos de ligação. Já o mapa desenvolvido por Zhu & Kaepler (2003), a partir de uma população oriunda do cruzamento entre as cultivares americanas Ogle x MAM17-5, cobre uma extensão de 1.396,7 cM e possui 28 grupos de ligação. Para se obter um mapa de ligação que represente de forma consistente os 21 cromossomos da aveia, muitos fatores devem ser melhorados, como o tamanho da população em estudo, o número de marcadores e o incremento do poder estatístico na identificação de ligação.

O grupo de ligação que apresentou maior saturação foi o GL-I, compreendendo 27 marcadores moleculares numa extensão de 55,5 cM, sendo apenas dois marcadores do tipo AFLP (U86M11 e U86M7). Já o grupo de maior extensão foi o GL-V, com 66,2 cM.

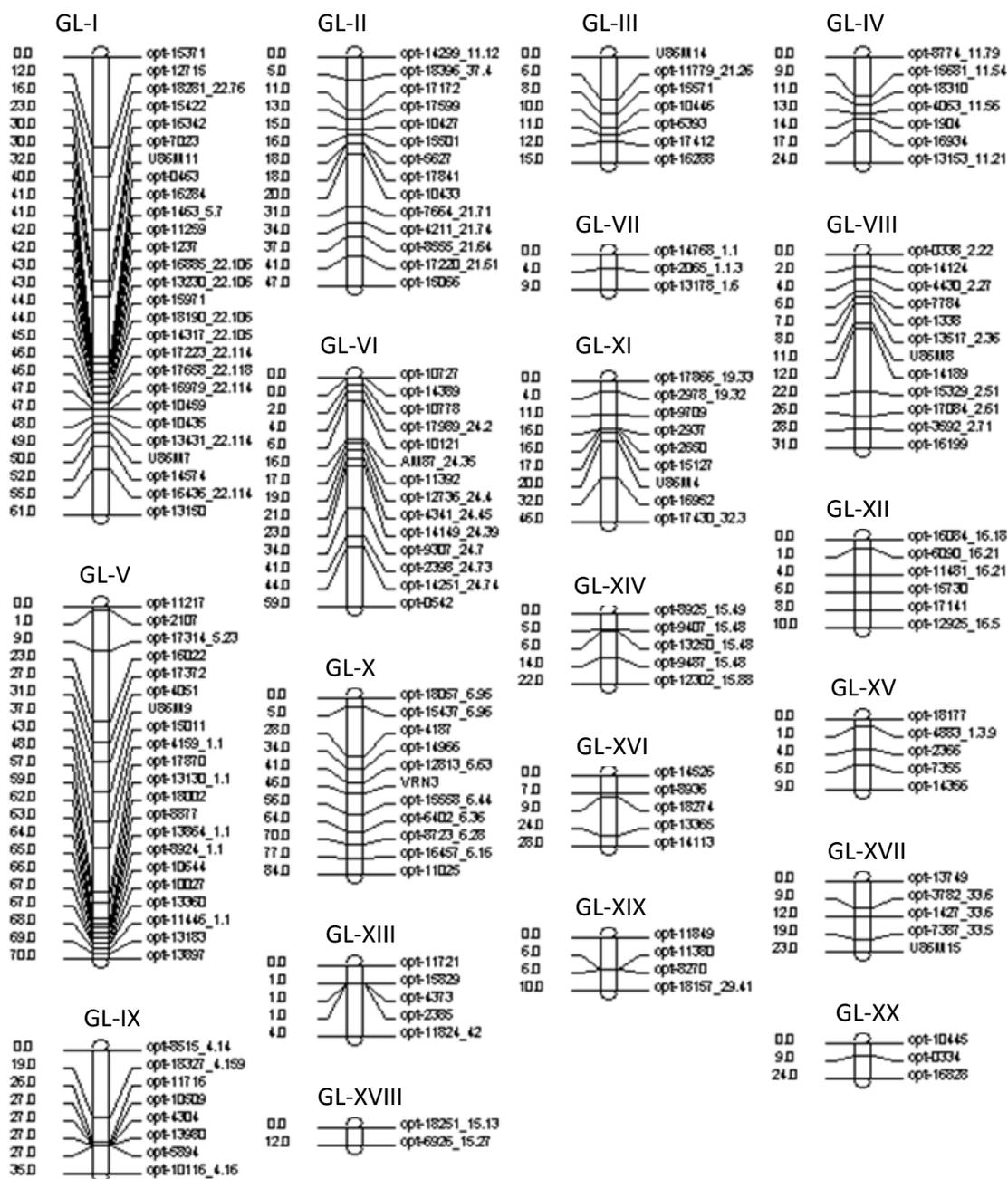
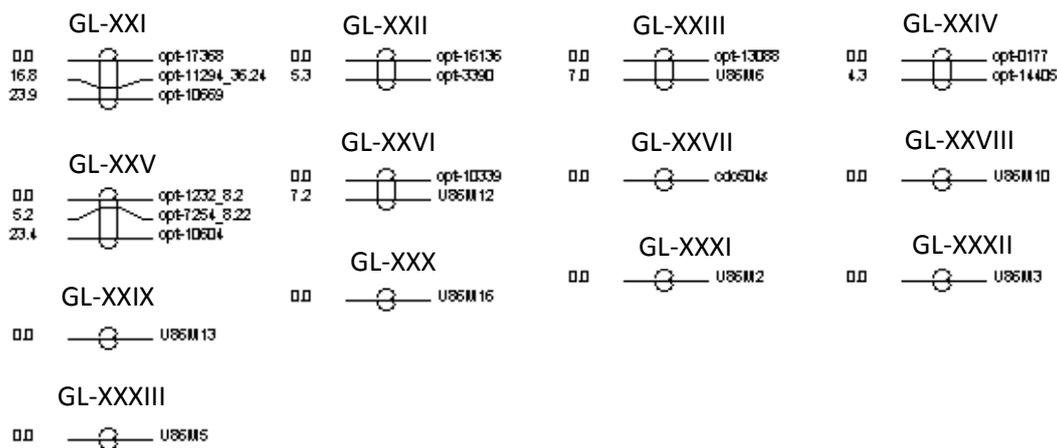


FIGURA 3. Mapa genético de ligação baseado nos marcadores moleculares DArT e AFLP para o cruzamento de aveia entre os genitores UFRGS 8 x UFRGS 930605. GL: grupo de ligação.



continuação FIGURA 3. Mapa genético de ligação baseado em marcadores moleculares DArT e AFLP para o cruzamento de aveia entre os genitores UFRGS 8 x UFRGS 930605. GL: grupo de ligação.

4.3 Mapeamento de QTL

A partir do mapa genético e dos valores fenotípicos avaliados na população segregante, foi realizado o mapeamento de QTLs através do mapeamento por intervalo simples e composto utilizando-se o programa Windows QTL Cartographer® (Wang, 2007). Para o mapeamento de QTLs da população de linhagens recombinantes, foram utilizadas as médias de todos os caracteres avaliados, a exceção da densidade de plantas (D), por esse ser apenas uma avaliação de controle que garante a homogeneidade dos genótipos na parcela. O mapeamento foi realizado separadamente para cada ano de experimento. Os valores de significância, *threshold*, obtidos pelas análises de permutação foram próximos de LOD 2,8, sendo assim estabelecido um valor de 2,5 para a identificação dos QTLs nos dois métodos de detecção.

4.3.1 Mapeamento por intervalo simples

A análise por regressão linear detectou 34 QTLs com significância estatística (LOD *score* maior que 2,5) para oito dos 11 caracteres avaliados no ano de 2008, sendo estes QTLs distribuídos em seis grupos de ligação (TABELA 7).

TABELA 7. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo simples nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2008. E (estatura de planta), NDF (número de dias ao florescimento), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento), V (vigor), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).

Caráter	GL^a	Marcador	Posição^b	LOD	Aditividade^c	% QTL
E	I	opt-16284	42,0	7,4	3,50	23,06
E	I	opt-11259	44,0	6,8	3,38	21,56
E	I	opt-13230_22.106	47,0	7,6	3,55	23,86
E	I	opt-17223_22.114	54,0	9,4	4,06	30,99
E	II	opt-18396_37.4	7,0	7,3	3,79	26,49
E	II	opt-15501	16,0	5,7	3,16	18,66
E	IV	opt-18310	11,0	2,5	2,18	8,77
NDF	I	opt-7023	34,0	3,4	-1,13	14,76
NDF	I	opt-1237	45,0	2,7	-0,89	9,25
NDF	I	opt-13230_22.106	47,0	3,3	-0,98	11,16
NDF	I	opt-18190_22.106	49,0	2,7	-0,88	9,04
PMG	V	opt-8924_1.1	65,0	2,7	1,10	11,01
R	II	opt-17841	26,0	4,6	311,97	22,17
R	II	opt-10433	33,0	4,2	251,70	15,54
R	II	opt-8555_21.64	41,0	3,1	212,10	10,86
R	III	opt-15571	8,0	2,9	205,56	10,09
V	IX	opt-8515_4.14	12,0	2,5	0,22	12,44
PP	I	opt-7023	38,0	2,5	0,13	10,79
PP	I	opt-0463	41,0	2,9	0,14	11,59
PP	I	opt-13230_22.106	47,0	4,0	0,15	14,73
PP	I	opt-18190_22.106	49,0	4,0	0,15	14,57
PP	I	opt-17223_22.114	54,0	3,4	0,15	13,68
PP	II	opt-17172	11,0	3,0	0,14	11,58
NEP	I	U86M11	40,0	2,8	2,06	10,53
NEP	I	opt-16885_22.106	46,0	3,7	2,27	12,82
NEP	I	opt-18190_22.106	49,0	3,2	2,10	11,07
NEP	I	opt-17223_22.114	54,0	4,0	2,45	14,89
NEP	II	opt-17172	11,0	3,2	2,17	11,72
NGP	I	opt-7023	38,0	3,1	4,10	12,98
NGP	I	opt-16885_22.106	46,0	4,0	4,22	13,75
NGP	I	opt-18190_22.106	49,0	3,7	4,10	12,99
NGP	I	opt-17223_22.114	54,0	4,4	4,61	16,34
NGP	II	opt-17172	11,0	3,7	4,16	13,34
NGP	III	U86M14	0,01	2,7	3,61	10,0

^a Grupo de ligação ao qual o QTL pertence

^b Posição mais provável do QTL correspondendo ao pico de LOD, estimado pelo QTLCartographer®; distância em cM da primeira marca do grupo de ligação.

^c Efeito aditivo do QTL, estimado pelo QTLCartographer®.

No ano de 2009, foram encontrados 22 QTLs para oito das 12 características avaliadas, sendo estes distribuídos em oito grupos de ligação (TABELA 8). O caráter estatura de planta foi o que obteve um maior número de QTLs identificados, um total de 11.

TABELA 8. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo simples nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2009. E (estatura de planta), IC (índice de colheita), PH (peso do hectolitro), R (rendimento), V (vigor), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).

Caráter	GL^a	Marcador	Posição^b	LOD	Aditividade^c	%QTL
E	I	opt-16284 ^d	42,0	4,7	2,26	15,42
E	I	opt-11259 ^d	44,0	4,9	2,30	15,99
E	I	opt-13230_22.106 ^d	47,0	4,8	2,27	15,62
E	I	opt-14317_22.105	50,0	3,3	1,90	10,87
E	I	opt-17658_22.118	55,0	5,1	2,36	16,79
E	II	opt-14299_11.12	0,01	3,5	2,05	12,19
E	II	opt-18396_37.4 ^d	9,0	4,9	2,48	18,44
E	II	opt-10427	15,0	3,1	1,91	11,05
E	II	opt-8555_21.64 ^e	41,0	2,6	1,75	9,08
E	IV	opt-8774_11.79	6,0	3,0	2,28	15,15
E	IV	opt-1904	14,0	2,5	1,72	8,62
IC	VIII	opt-14189	16,0	3,9	-1,90	14,94
PH	VI	opt-14149_24.39	36,0	2,8	0,68	11,42
PH	VI	opt-9307_24.7	43,0	2,5	0,62	9,58
PH	VI	opt-2398_24.73	50,0	2,7	0,69	12,04
PH	VIII	opt-14124	6,0	3,1	0,66	10,58
R	VIII	opt-7784	2,0	3,4	192,49	11,53
V	V	opt-13130_1.1	61,0	2,6	0,22	15,30
PP	XI	opt-2978_19.32 ^e	4,0	2,5	0,14	9,05
NEP	XI	opt-2978_19.32 ^e	4,0	2,6	1,56	9,70
NGP	XI	opt-2978_19.32 ^e	4,0	2,7	2,96	10,30
NGP	XXI	opt-17368	14,0	2,5	3,37	13,18

^a Grupo de ligação ao qual o QTL pertence

^b Posição mais provável do QTL correspondendo ao pico de LOD, estimado pelo QTLCartographer®; distância em cM da primeira marca do grupo de ligação.

^c Efeito aditivo do QTL, estimado pelo QTLCartographer®.

^d Marcadores associados ao mesmo caráter nos dois anos de avaliação.

^e Marcadores associados a diferentes caracteres

No ano de 2008, a variação fenotípica explicada pelos QTLs identificados variou de 8,77% a 30,99%. Já no ano de 2009 a variação foi de 8,62% a 18,44%. Estes valores

ressaltam o carácter quantitativo envolvido nas características avaliadas, pois revelam os QTLs de menor efeito.

Dentre os QTLs detectados pelo método do intervalo simples, apenas quatro foram identificados nos dois anos de avaliação, sendo estes associados à estatura de planta, e possuindo efeito aditivo positivo no carácter (TABELA 7 e 8).

O marcador opt-8555_21.64 foi detectado associado ao rendimento de grãos no ano de 2008 e a estatura de planta no ano de 2009. Já o marcador opt-2978_19.32 foi detectado associado aos caracteres peso de panícula, número de espiguetas por panícula e número de grãos por panícula no ano de 2009.

Como o mapeamento por intervalo simples apresenta-se menos rigoroso na detecção e na estimação dos efeitos dos QTLs, serão discutidos, com maior detalhamento, apenas os QTLs detectados através do mapeamento por intervalo composto.

4.3.1 Mapeamento por intervalo composto

4.3.1.1 Mapeamento de QTLs por intervalo composto para caracteres avaliados no ano de 2008

A análise de mapeamento por intervalo composto detectou 34 QTLs no ano de 2008, sendo estes distribuídos em nove grupos de ligação e abrangendo 10 dos 11 caracteres avaliados (TABELA 9 e FIGURA 4). Para uma melhor apresentação, os resultados do mapeamento por intervalo composto foram divididos por caracteres.

a) Estatura de planta

Para o carácter estatura de planta, foram detectados cinco QTLs (TABELA 9). O QTL localizado no GL-I, na posição de 25 cM, possui efeito aditivo negativo no carácter,

reduzindo a estatura de planta em 2,36 cm. Já os demais QTLs, contribuem de forma a aumentar a estatura de planta em magnitudes que variam de 1,87 a 5,07 cm (TABELA 9). Os QTLs das posições 46 e 54 cM, provavelmente correspondem à mesma região genômica, sendo declarado verdadeiro apenas o QTL da posição 54 cM, que apresenta o maior valor de LOD score (12,8). Os QTLs declarados significativos contribuem com 54,76% da variação fenotípica observada no caráter estatura de planta da população em estudo.

A detecção destes QTLs para estatura de planta em aveia possui uma importância relativa nos programas de melhoramento genético da cultura, que visam à redução da estatura de planta, para minimizar as perdas com o acamamento (Federizzi, 2002). Como a estatura de planta é um caráter facilmente mensurável, a utilização de marcadores moleculares para este caráter é questionável, sendo sugerida a sua utilização em gerações precoces, onde os marcadores poderiam ser utilizados na identificação de genótipos de menor estatura, e posteriormente, se buscariam dentro destes genótipos os de maiores rendimentos de grãos.

Em trabalho realizado por Bothona *et al.* (1996), em linhagens obtidas do cruzamento das cultivares americanas K x O, avaliados em condições de cultivo do Sul do Brasil, identificaram seis QTLs associados à estatura de planta, explicando 15% da variância fenotípica total. Para a estatura de planta, Achleitner *et al.* (2008), encontraram quatro associações com marcadores AFLP em aveia, sendo estas responsáveis por valores entre 6% e 19% da variação fenotípica total do caráter.

b) Número de dias ao florescimento

Para o caráter número de dias ao florescimento, foram detectados dois QTLs, sendo estes responsáveis por explicarem 21,73% da variação fenotípica total (TABELA

9). O QTL localizado no GL-I possui efeito aditivo negativo, reduzindo o número de dias ao florescimento em 1,11 unidades. Este QTL é de grande importância para cultura da aveia no Sul do Brasil, pois a redução do ciclo da cultura implica diretamente no sistema de cultivo, já que a cultura de inverno precisa ter um ciclo muito bem ajustado, permitindo a introdução na época adequada da próxima cultura. Já o QTL localizado no GL-XI aumenta o ciclo da cultura em 0,83 dias.

QTLs para número de dias ao florescimento também foram detectados em outros trabalhos. Na população oriunda do cruzamento K x O, Bothona *et al.* (1996) encontraram um QTL, sendo este responsável por 19,5% da variância fenotípica total. Em trabalho realizado por Locatelli (2003), também foi encontrado um QTL para a característica de florescimento na população U8 x U605, sendo este associado ao marcador U86M2, entretanto, esta associação não foi detectada no presente trabalho. Já Nava (2008), encontrou QTLs para o número de dias ao florescimento e resposta à vernalização na população U8 x U605, porém não corresponderam aos mesmos encontrados neste trabalho. Os QTLs encontrados por Nava (2008) apresentaram associação ao marcador molecular DArT 464623b e explicaram de 12% a 20% da variação fenotípica observada para os caracteres avaliados. A não detecção dos mesmos QTLs relacionados ao número de dias ao florescimento no presente estudo com os detectados por Nava (2008), na mesma população, pode ter decorrido dos diferentes ambientes nos quais a população foi fenotipada, o que reflete a interação dos QTLs com o ambiente, bem como podem ser explicados como sendo outras regiões genômicas influenciando o caráter.

TABELA 9. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo composto nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2008. E (estatura de planta), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento), V (vigor), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).

Caráter	GL^a	Marcador	Posição^b	LOD	Aditividade^c	%QTL
E	I	opt-15422	25,0	2,6	-2,36	7,46
E	I	opt-16885_22.106	46,0	10,1	4,24	25,48
E	I	opt-17223_22.114	54,0	12,8	5,07	34,85
E	II	opt-8555_21.64	41,0	3,0	1,87	6,30
E	IV	opt-18310	11,0	3,0	1,87	6,15
NDF	I	opt-7023	34,0	3,8	-1,11	13,98
NDF	XI	opt-2978_19.32	4,0	2,7	0,83	7,75
PH	II	opt-17841	20,01	2,5	0,97	7,05
PH	XI	U86M4	44,01	2,7	-0,92	8,57
P	II	opt-17841	22,0	2,8	-0,27	10,38
PMG	II	opt-17841	22,0	3,4	1,21	10,75
PMG	V	opt-13130_1.1	61,0	3,5	1,14	11,50
PMG	V	opt-8877	63,0	3,1	0,93	7,64
PMG	XI	opt-2978_19.32	4,0	3,5	-1,00	9,06
R	II	opt-17841	26,0	5,6	314,46	22,37
R	II	opt-10433	33,0	6,2	281,58	18,89
R	II	opt-8555_21.64	41,0	4,9	247,85	14,18
R	X	opt-14966	38,0	4,5	-242,80	13,95
V	VII	opt-14768_1.1	2,0	3,6	-0,25	13,71
V	VII	opt-2065_1.1.3	6,0	2,6	-0,21	9,06
PP	I	opt-7023	38,0	2,8	0,13	9,90
PP	I	opt-16284	42,0	3,2	0,13	9,53
PP	I	opt-13230_22.106	47,0	5,6	0,17	16,15
PP	I	opt-18190_22.106	49,0	5,7	0,17	16,15
PP	I	opt-17223_22.114	54,0	4,3	0,15	13,66
NEP	I	opt-16885_22.106	46,0	4,7	2,25	12,53
NEP	I	opt-18190_22.106	49,0	3,8	2,06	10,40
NEP	I	opt-17658_22.118	55,0	4,5	2,28	12,55
NEP	III	U86M14	0,01	2,6	1,69	6,99
NGP	I	opt-16885_22.106	46,0	4,3	3,83	10,93
NGP	I	opt-18190_22.106	49,0	4,8	4,02	12,15
NGP	I	opt-17658_22.118	55,0	4,8	4,13	12,78
NGP	VI	opt-17989_24.2	10,0	2,5	-3,12	7,05
NGP	VI	opt-12736_24.4	21,0	2,6	-2,96	6,48

^a Grupo de ligação ao qual o QTL pertence

^b Posição mais provável do QTL correspondendo ao pico de LOD, estimado pelo QTLCartographer®; distância em cM da primeira marca do grupo de ligação.

^c Efeito aditivo do QTL, estimado pelo QTLCartographer®.

c) Peso do hectolitro

Dois QTLs foram encontrados para o caráter peso do hectolitro, sendo estes responsáveis por 15,62% da variação fenotípica total (TABELA 9). Porém, os alelos destes QTLs apresentam efeitos aditivos contrários, sendo que o alelo associado ao marcador do GL-II contribui positivamente no caráter, e o alelo associado ao marcador do GL-XI é responsável por reduzir o peso do hectolitro. Siripoonwivat *et al.* (1996), também encontraram QTLs associados ao peso do hectolitro em aveia na população oriunda do cruzamento entre K x O. Duas associações foram detectadas por Achleitner *et al.* (2008) para o peso do hectolitro, sendo responsáveis por 11% e 12% da variação fenotípica total do caráter na população em estudo.

d) Pilosidade de grãos

Para o caráter pilosidade de grãos foi detectado apenas um QTL, localizado no GL-II, sendo este responsável pela redução da pilosidade (TABELA 9) e possuindo uma contribuição de 10,38% da variação fenotípica total do caráter. Este QTL é de interesse aos programas de melhoramento genético de aveia, que objetivam a redução da pilosidade da base dos grãos, pois esta aumenta a retenção de umidade, dificultando o processo de secagem e facilitando a contaminação por patógenos (Floss, 1988).

e) Peso de mil grãos

Quatro foram os QTLs detectados para o caráter peso de mil grãos (TABELA 9). Três QTLs possuem efeito aditivo positivo, aumentando o caráter peso de mil grãos na população e um possui efeito negativo, sendo que o alelo deste QTL reduz o peso de mil grãos em um grama. Os QTLs localizados nas posições 61 e 63 cM, provavelmente correspondem à mesma região genômica, sendo assim é declarado como verdadeiro

apenas o QTL de maior valor de LOD score, o da posição de 61 cM. Os QTLs de efeito aditivo positivo são de grande interesse aos programas de melhoramento genético de aveia, que juntos apresentam uma porção de 22,25% da variação fenotípica observada.

Para o caráter peso de mil grãos, Achleitner *et al.* (2008), encontraram cinco associações com marcadores moleculares, com contribuição variando de 7% a 13% na variância fenotípica total.

f) Rendimento de grãos

Já para o rendimento de grãos foram detectados quatro QTLs (TABELA 9). Dos QTLs encontrados, apenas um, localizado no GL-X, possui efeito aditivo negativo, reduzindo o rendimento de grãos em 242,80 gramas. Os QTLs localizados nas posições 33 e 41 cM, provavelmente também correspondam à mesma região genômica, sendo assim, apenas o QTL de maior LOD score é declarado como significativo. Desta forma, os QTLs verdadeiros contribuem com 41,26% da variação fenotípica responsável por aumentar o caráter rendimento de grãos na população em estudo.

QTLs para rendimento de grãos em aveia também foram identificados por Siripoonwiwat *et al.* (1996) e por Achleitner *et al.* (2008), que encontraram associações responsáveis por magnitudes de 6% a 39% da variância fenotípica total do caráter.

g) Vigor inicial de plantas

Para o caráter de vigor inicial de plantas, dois QTLs foram detectados, sendo os dois localizados no GL-VII e sendo provavelmente a mesma região genômica, sendo assim, apenas o QTL da posição 6 cM é declarado significativo, já que apresenta o maior valor de LOD score (TABELA 9).

h) Peso de panícula

Cinco QTLs foram encontrados associados ao caráter peso de panícula, sendo todos localizados no GL-I e entre as posições 38 e 54 cM, dessa forma, apenas o QTL de maior LOD score, o da posição 49 cM é declarado como significativo. Este QTL contribui com 16,15% da variação fenotípica observada (TABELA 9).

Em experimento realizado no Sul do Brasil, a partir de linhagens recombinantes derivadas do cruzamento entre as cultivares americanas K x O, foram identificados oito QTLs associados ao peso de panícula (Bothona *et al.*, 1997b). QTLs para o peso de panícula são de grande importância, pois este caráter inclui dois dos principais componentes do rendimento, que são o número de grãos e o peso de grãos por panícula, desta forma é considerado um importante critério na seleção indireta de genótipos superiores de aveia (Caierão *et al.*, 2000).

i) Número de espiguetas por panícula

Para o caráter número de espiguetas por panícula, foram quatro os QTLs detectados, todos com efeito aditivo positivo. Porém, como três destes QTLs encontram-se no GL-I, sendo localizados entre as posições 46 e 55 cM, ou seja, muito próximos, provavelmente esta seja a mesma região genômica. Sendo assim, apenas o QTL da posição 46 cM pode ser declarado verdadeiro (LOD score de 4,7) (TABELA 9). Assim, a participação dos dois QTLs verdadeiros é de 19,52% na variância fenotípica total do caráter.

j) Número de grãos por panícula

Já para o número de grãos por panícula, foram detectados cinco QTLs, sendo que três marcadores associados ao número de grãos também foram associados ao

número de espiguetas (TABELA 9). Os QTLs localizados no GL-I são responsáveis por aumentar o caráter e estão a pequenas distâncias, correspondendo, provavelmente a mesma região genômica e sendo assim apenas considerado como verdadeiro o QTL da posição 55 cM. Os QTLs do GL-VI possuem o efeito aditivo negativo, diminuindo o número de grãos por panícula. Como estes QTLs provavelmente correspondem à mesma região genômica, apenas o QTL da posição 21 cM pode ser declarado verdadeiro.

Através do mapeamento por intervalo composto, alguns marcadores foram encontrados associados a diferentes caracteres no ano de 2008 (TABELA 9). O marcador opt-16885_22.106 foi encontrado associado aos caracteres estatura de planta, número de espiguetas por panícula e número de grãos por panícula. Entre estes caracteres também foram encontrados valores relevantes de correlação fenotípica (TABELA 4), o que sugere que a mesma região genômica pode estar atuando sobre os diferentes caracteres (FIGURA 4). Os QTLs associados a estes marcadores apresentam efeito aditivo positivo, aumentando a estatura de planta e o número de espiguetas e de grãos por panícula.

Também no ano de 2008, o marcador opt-17223_22.114 foi detectado associado com os caracteres estatura de planta e peso de panícula, caracteres estes, que também apresentaram correlação fenotípica significativa (TABELA 4). Já o marcador opt-8555_21.64 foi detectado associado aos caracteres estatura de planta e rendimento de grãos, caracteres que não apresentaram correlação fenotípica, mas que são de grande interesse aos programas de melhoramento de aveia. Os QTLs associados a estes dois marcadores apresentam efeito aditivo positivo, ou seja, possuem o efeito de aumentar a estatura de planta, o peso de panícula e o rendimento de grãos, o que representa um desafio aos melhoristas de aveia, que visam a redução da estatura com aumento de

rendimento de grãos (Federizzi & Pacheco, 2009). O rendimento de grãos e a estatura de planta, também foram encontrados na mesma região genômica em aveia em trabalho realizado por Siripoonwiwat *et al.* (1996), que atribuiu este resultado aos efeitos pleiotrópicos.

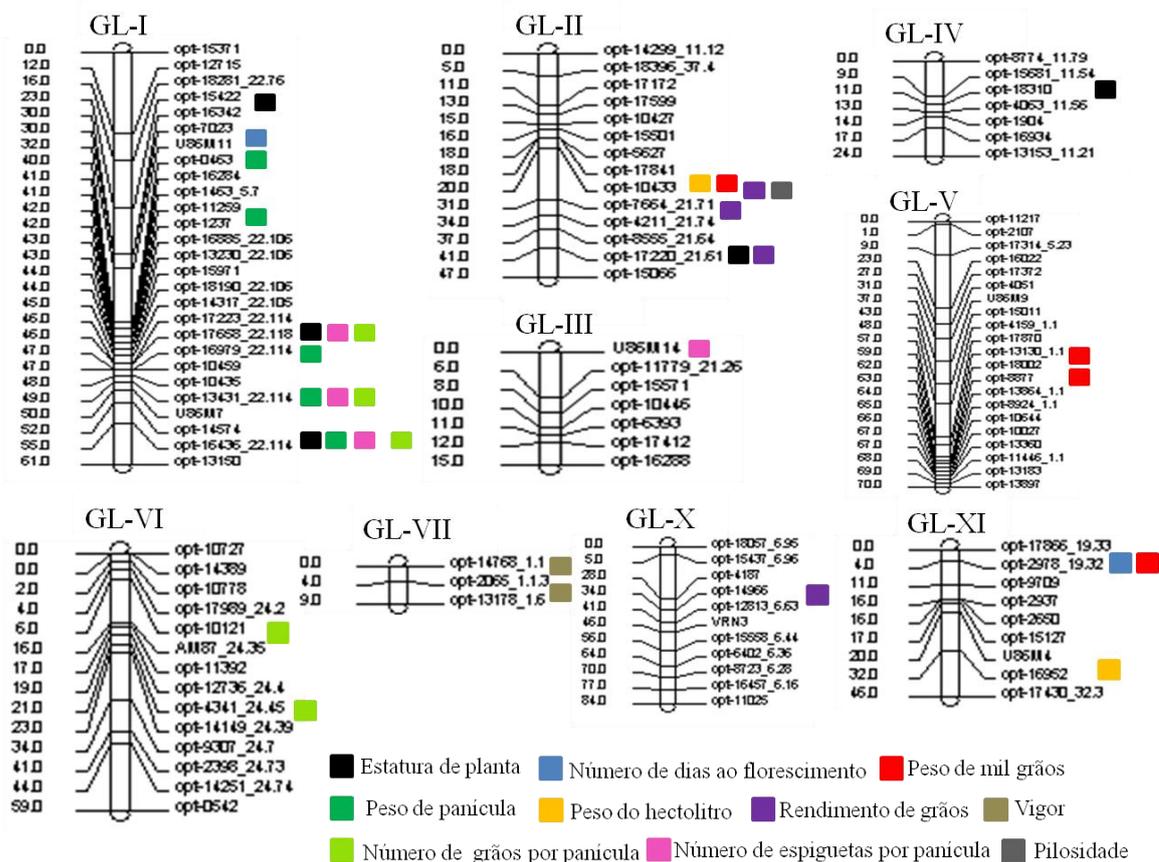


FIGURA 4. Grupos de ligação com a identificação dos QTLs detectados através do método do intervalo composto no ano de 2008.

O marcador opt-7023, localizado no GL-I, foi encontrado associado aos caracteres número de dias ao florescimento e peso de panícula (FIGURA 4). Este marcador é de interesse dos programas de melhoramento de aveia, visto que os QTLs a ele associados apresentam efeito aditivos contrários, ou seja, redução no ciclo vegetativo e aumento do peso de panícula (TABELA 9). Genótipos que possuem estas características são desejáveis, principalmente ao ambiente do Sul do Brasil, onde se

busca a precocidade de ciclo, visando à sucessão com os cultivos de verão (Federizzi, 2002).

Para os caracteres número de dias ao florescimento e peso de mil grãos, o marcador opt-2978_19.32, localizado no GL-XI, foi encontrado associado, porém, esta associação é indesejável aos programas de melhoramento genético de aveia, pois reduzem o peso dos grãos e aumentam o ciclo da cultura. Neste trabalho, a análise de correlação fenotípica encontrou associação negativa significativa entre estes caracteres no ano de 2008 (TABELA 4), sugerindo que a mesma região genômica pode estar associada aos caracteres.

O marcador opt-17841, GL-II, foi detectado associado a quatro caracteres, o peso do hectolitro, a pilosidade de grãos, o peso de mil grãos e o rendimento de grãos (TABELA 9 e FIGURA 4). Os efeitos aditivos destes caracteres estão de acordo com o que se busca nos genótipos de aveia, que são de aumento do peso do hectolitro, redução da pilosidade dos grãos, maior peso e rendimento de grãos (Federizzi *et al.*, 1997). Foi observada correlação significativa entre os caracteres peso do hectolitro e rendimento no primeiro ano de avaliação (TABELA 4). Estes resultados podem estar refletindo os objetivos do programa de melhoramento de aveia de UFRGS, que visa um bom rendimento industrial, através do aumento do valor do peso do hectolitro, e altos rendimentos de grãos (Federizzi *et al.*, 1997).

Já para os caracteres peso de panícula, número de espiguetas por panícula e número de grãos por panícula, o marcador opt-18190_22.106 foi encontrado associado, sendo que os QTLs relacionados a este marcador apresentaram efeito aditivo positivo. Na análise de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados foram detectadas associações significativas entre o peso de panícula e o número de grãos por panícula (TABELA 4).

Os marcadores opt-16885_22.106 e opt-17658_22.118 foram detectados associados aos caracteres número de espiguetas e número de grãos por panícula, caracteres que também apresentaram forte correlação fenotípica (TABELA 4).

Não é possível afirmar se estas regiões genômicas associadas para diferentes caracteres correspondem aos mesmos genes ou a genes próximos. Para isso, seria necessário um estudo com uma população maior e com uma maior saturação de marcadores na região onde estes QTLs foram detectados. Entretanto, quando o modo de ação dos QTLs coincidentes é similar, a pleiotropia tem sido uma explicação aceitável (Conner *et al.*, 1998). Porém, apenas através de um mapeamento fino ou de clonagem gênica a pleiotropia poderia ser confirmada.

4.3.1.2 Mapeamento de QTLs por intervalo composto para caracteres avaliados no ano de 2009

No ano de 2009, foram detectados através do mapeamento por intervalo composto, 22 QTLs para 11 dos 12 caracteres avaliados, sendo estes distribuídos em nove grupos de ligação (TABELA 10 e FIGURA 5).

a) Estatura de planta

Para o caráter estatura de plantas no ano de 2009, foram detectados cinco QTLs através do método do intervalo composto, sendo que todos contribuem de forma positiva no caráter, aumentando a estatura de planta (TABELA 10). Porém, como os três QTLs encontrados no GL-I, localizados entre as posições 46 e 55 cM da primeira marca do grupo de ligação, podem corresponder à mesma região genômica, apenas é declarado como verdadeiro o QTL de maior LOD score, o QTL da posição 46 cM. Da mesma forma, apenas o QTL da posição 41 cM é declarado verdadeiro no GL-II.

Juntos, os dois QTLs são responsáveis por 26,08% da variação fenotípica total do caráter.

TABELA 10. QTLs significativos pelo mapeamento por intervalo composto nas linhagens recombinantes (F6) U8 X U605 no ano de 2009. E (estatura de planta), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade), R (rendimento), V (vigor), NCF (número de colmos férteis), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula).

Caráter	GL ^a	Marcador	Posição ^b	LOD	Aditividade ^c	%QTL
E	I	opt-16885_22.106 ^{de}	46,0	6,6	2,34	16,06
E	I	opt-14317_22.105	50,0	4,4	1,94	11,02
E	I	opt-17658_22.118	55,0	6,3	2,31	15,68
E	II	opt-7664_21.71	34,0	3,1	1,80	7,39
E	II	opt-8555_21.64 ^{de}	41,0	4,2	2,23	10,02
IC	VIII	opt-14189	14,0	4,4	-1,82	13,59
NDF	XII	opt-11481_16.21	4,0	2,5	2,40	7,31
PH	V	opt-15011	43,0	2,5	0,56	7,36
P	III	opt-11779_21.26	6,0	2,6	-0,20	7,08
P	XI	opt-2650	17,0	2,7	0,21	7,70
P	XV	opt-4883_1.3.9	1,0	2,9	0,22	8,04
R	V	opt-13360	68,0	2,8	-204,43	8,38
R	VIII	opt-14124	2,0	4,9	214,85	14,11
V	V	opt-13130_1.1 ^e	61,0	3,7	0,23	17,71
V	V	opt-13864_1.1	64,0	4,2	0,21	14,43
NCF	II	opt-18396_37.4	9,0	2,5	-3,96	8,73
NCF	II	opt-10427	15,0	3,5	-4,25	10,50
NCF	XVII	opt-1427_33.6	12,0	2,6	3,45	7,66
PP	VIII	opt-14189	12,0	3,0	-0,13	7,62
PP	XI	opt-2978_19.32 ^e	4,0	3,1	0,14	8,36
NEP	XI	opt-2978_19.32 ^e	4,0	2,8	1,42	7,97
NGP	XI	opt-2978_19.32 ^e	4,0	4,0	3,14	11,29

^a Grupo de ligação ao qual o QTL pertence

^b Posição mais provável do QTL correspondendo ao pico de LOD, estimado pelo QTLCartographer®; distância em cM da primeira marca do grupo de ligação.

^c Efeito aditivo do QTL, estimado pelo QTLCartographer®.

^d Marcadores associados ao mesmo caráter nos dois anos de avaliação

^e Marcadores detectados nos dois anos de avaliação, porém associados a diferentes caracteres

b) Índice de colheita

Para o caráter índice de colheita, apenas um QTL foi detectado, sendo localizado no GL-VIII, e responsável por explicar 13,59% da variação fenotípica total. O QTL

possui contribuição negativa no caráter, reduzindo o índice de colheita em 1,82 unidades (TABELA 10).

c) Número de dias ao florescimento

Para o número de dias ao florescimento, também foi detectado apenas um QTL, localizado no GL-XII e responsável por 7,31% da variação fenotípica total (TABELA 10). O alelo deste QTL possui efeito aditivo positivo, sendo responsável por aumentar o ciclo da cultura em 2,4 dias.

d) Peso do hectolitro

Para o peso do hectolitro, apenas um QTL foi detectado, sendo localizado no GL-V. Este QTL é responsável por 7,36% da variância fenotípica da característica, e contribui de forma positiva no caráter (TABELA 10).

e) Pilosidade de grãos

Três QTLs foram detectados para o caráter pilosidade de grãos, sendo estes responsáveis por 22,82% da variação fenotípica total (TABELA 10). O QTL localizado no GL-III possui efeito aditivo negativo, ou seja, reduz o caráter, sendo de interesse aos programas de melhoramento de aveia. Já os QTLs localizados nos GL-XI e GL-XV possuem efeito aditivo positivo, aumentando a pilosidade dos grãos (TABELA 10).

f) Rendimento de grãos

Dois QTLs foram encontrados associados ao caráter rendimento de grãos, explicando juntos, 22,49% da variância fenotípica total (TABELA 10). O alelo do QTL localizado no GL-V reduz o rendimento de grãos em 204,43 gramas e o alelo do QTL

localizado no GL-VIII, contribui aumentando o rendimento de grãos em 214,85 gramas (TABELA 10). A detecção deste QTL que contribui aumentando o rendimento de grãos em aveia é de grande importância aos programas de melhoramento da cultura, visto que esta é uma característica complexa, difícil de ser selecionada em gerações precoces, sendo assim, este QTL deve ser validado em outras populações de forma ser utilizado na seleção assistida por marcadores moleculares.

g) Vigor inicial de plantas

Para o caráter vigor inicial de plantas foram encontrados dois QTLs, como estes se encontram no GL-V e a curtas distâncias entre si, 61 e 64 cM da primeira marca do grupo de ligação, apenas o QTL da posição 64 cM, que possui maior LOD score, pode ser declarado como verdadeiro, possuindo efeito aditivo positivo, ou seja, aumentando o vigor inicial de plantas (TABELA 10).

h) Número de colmos férteis

Três QTLs foram detectados para o caráter número de colmos férteis, porém dois localizam-se na mesma região genômica do GL-II, sendo declarado como verdadeiro apenas o QTL de maior valor de LOD (TABELA 10). Os QTLs declarados verdadeiros contribuem com 18,16% da variação fenotípica total do caráter, sendo que o QTL do GL-II possui efeito aditivo negativo no caráter e o QTL do GL-XVII possui efeito aditivo positivo, contribuindo com o aumento no número de colmos férteis por metro (TABELA 12).

i) Peso de panícula

Para o carácter peso de panícula, dois foram os QTLs encontrados associados ao carácter, sendo estes responsáveis por 15,98% do carácter (TABELA 10). O QTL detectado no GL-VIII possui efeito negativo no carácter, reduzindo o peso de panícula em 0,13 gramas (TABELA 10). Já o QTL localizado no GL-XI possui efeito aditivo positivo, aumentando o peso de panícula em 0,14 gramas (TABELA 10).

j) Número de espiguetas por panícula

Para o número de espiguetas foi detectado apenas um QTL, localizado no GL-XI e contribuindo com 7,97% da variância fenotípica total, sendo que este possui efeito de aumentar o carácter (TABELA 10).

k) Número de grãos por panícula

O mesmo marcador encontrado associado ao número de espiguetas por panícula também foi encontrado associado com o carácter número de grãos por panícula. O QTL para o número de grãos por panícula contribuiu com 11,29% da variância fenotípica total, possuindo efeito aditivo positivo no carácter, aumentando em 3,14 o número de grãos por panícula (TABELA 10).

No mapeamento por intervalo composto no ano de 2009, apenas dois marcadores moleculares foram encontrados associados a mais de um carácter. O marcador opt-14189, localizado no GL-VIII, foi detectado associado aos caracteres índice de colheita e peso de panícula, sendo que os QTLs apresentaram efeito aditivo negativo, ou seja, reduzindo os caracteres, o que é indesejável aos programas de melhoramento (FIGURA 5). Estes caracteres também apresentaram média correlação fenotípica no ano de avaliação (TABELA 5). QTLs para o índice de colheita também

foram identificados por Siripoonwiwat *et al.* (1996), sendo estes localizados em regiões associadas ao rendimento de grãos e ao rendimento de biomassa aparente, sugerindo que estes QTLs afetam a partição de fotoassimilados entre os órgãos vegetativos e reprodutivos (Siripoonwiwat *et al.*, 1996).

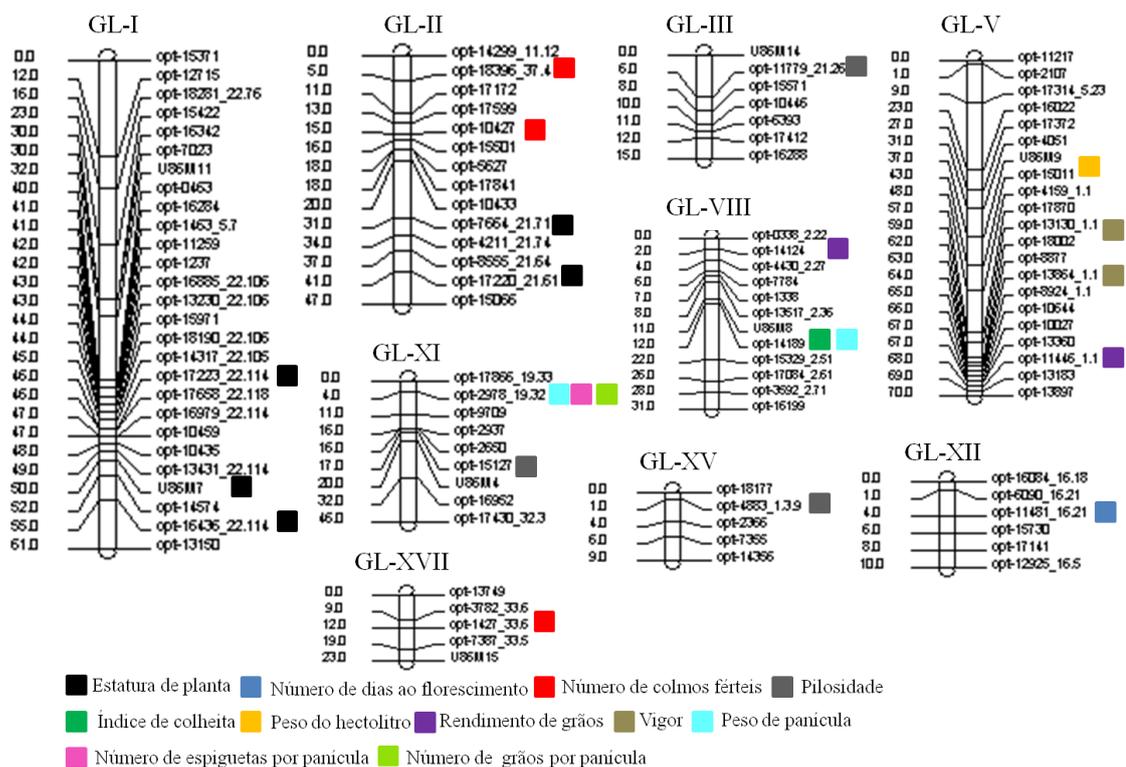


FIGURA 5. Grupos de ligação com a identificação dos QTLs detectados através do método do intervalo composto no ano de 2009.

O marcador opt-2978_19.32 foi encontrado associado aos caracteres peso de panícula, número de espiguetas e número de grãos por panícula, caracteres que apresentaram altos coeficientes de correlação fenotípica (TABELA 5). Os QTLs apresentaram efeito aditivo positivo, aumentando os caracteres, sendo assim, de interesse aos programas de melhoramento genético de aveia.

Outros trabalhos identificaram em aveia regiões genômicas que influenciavam simultaneamente mais de uma característica, como por exemplo, diferentes caracteres associados à qualidade dos grãos (Groh *et al.*, 2001) e regiões associadas aos caracteres

de estatura de planta e rendimento de grãos, e com o rendimento de grãos e o peso de mil grãos (Achleitner *et al.*, 2008). Esta mesma localização para diferentes caracteres tem sido explicada como o resultado de efeito pleiotrópico, porém a confirmação deste efeito apenas pode ser feita se houver clonagem do gene controlando os caracteres. Em aveia, o efeito pleiotrópico já foi relatado em outros trabalhos (Siripoonwiwat *et al.*, 1996; Kianian *et al.*, 2000 e Koeyer *et al.*, 2004), quando QTLs para os mais diversos caracteres foram localizados nas mesmas regiões genômicas.

4.3.2 Análise conjunta dos QTLs nos dois anos de avaliação

A maioria dos QTLs detectados apresentou expressão em apenas um dos anos, ou ambientes avaliados. Contudo, através do mapeamento por intervalo composto foram detectados cinco marcadores DArT em comum nos dois anos avaliados, sendo eles: opt-16885_22.106, opt-17658_22.118, opt-8555_21.64, opt-13130_1.1 e opt-2978_19.32 (TABELA 10).

Os marcadores opt-16885_22.106 e opt-8555_21.64 foram encontrados associados ao caráter estatura de planta nos anos de 2008 e 2009 (TABELA 9 e 10), sendo os únicos marcadores associados ao mesmo caráter e nos diferentes anos. O marcador opt-8555_21.64, ainda foi encontrado associado ao rendimento de grãos no ano de 2008 (TABELA 9) e o marcador opt-16885_22.106, associado aos caracteres número de espiguetas e número de grãos por panícula no ano de 2009 (TABELA 10). Entre os caracteres estatura de planta e número de espiguetas e número de grãos por panícula, foram observadas correlações fenotípicas nos dois anos de avaliação (TABELAS 4 e 5), sugerindo que estes caracteres sofrem a influência dos mesmos genes ou de genes ligados.

O marcador opt-17658_22.118 foi observado associado aos caracteres número de espiguetas por panícula e grãos por panícula no ano de 2008 (TABELA 9) e a estatura de plantas no ano de 2009 (TABELA 10).

O marcador opt-13130_1.1 foi detectado associado ao peso de mil grãos no ano de 2008 (TABELA 11) e ao vigor inicial de plantas no ano de 2009 (TABELA 10). No ano de 2008, estes caracteres apresentaram correlação fenotípica significativa (TABELA 4).

Já o marcador opt-2978_19.32 foi encontrado associado aos caracteres número de dias ao florescimento e peso de mil grãos no ano de 2008 (TABELA 9) e aos caracteres peso de panícula, número de espiguetas por panícula e número de grãos por panícula no ano de 2009 (TABELA 10). Estes caracteres também apresentaram correlação significativa dentro de cada ano (TABELA 4 e 5).

A comparação do mapeamento de QTLs com dados existentes da mesma população, mas coletados em ambientes diferentes permite identificar se existem e quais são as regiões do genoma de uma espécie que possuem expressão consistente nos vários ambientes onde foi feita a avaliação. Também aquelas regiões com expressão específica em cada ambiente. Desta forma, os QTLs associados aos marcadores opt-16885_22.106 e opt-8555_21.64, detectados aumentando o caráter estatura de plantas, podem ser considerados de expressão consistente, já que foram detectados nos dois anos de avaliação (TABELAS 9 e 10). Em população proveniente do cruzamento K x O, Siripoonwiwat *et al.* (1996), também encontraram QTLs para a estatura de planta em mais de um ano de avaliação. Já em trabalho conduzido por Milach *et al.* (1998), utilizando a mesma população, porém em ambientes do Sul do Brasil, a maioria dos QTLs detectados para vários caracteres avaliados, apresentaram expressão em apenas um dos ambientes testados. Contudo, para as características ciclo, estatura,

comprimento de panícula, área e largura do grão, algumas regiões foram significativas para mais de um ambiente (Milach *et al.*, 1998).

Os resultados obtidos neste trabalho revelaram que é possível identificar QTLs com expressão no Sul do Brasil e esses, provavelmente, terão grande contribuição aos programas de melhoramento genético da cultura da aveia, permitindo a utilização destes na seleção assistida por marcadores moleculares. Porém, como apenas parte da variação fenotípica observada foi explicada em ambos os anos de experimentação, torna-se necessário que mais trabalhos sejam realizados para que sejam identificados novos QTLs que expliquem a maior parte da variação fenotípica dos caracteres de interesse.

O baixo número de QTLs identificados neste estudo pode ser devido ao extenso genoma da aveia e da complexidade dos caracteres avaliados. Porém, os resultados obtidos representam um avanço no entendimento dos mecanismos genéticos envolvidos com os principais caracteres de interesse agrônômico na cultura.

Além disso, mais marcadores devem ser adicionados ao mapa genético, principalmente nas regiões cromossômicas que apresentaram grandes distâncias entre eles. A adição de novos marcadores moleculares, juntamente com a realização de novos experimentos de fenotipagem, com mais repetições e em diferentes ambientes, aumentará o poder do mapeamento de QTLs.

O tamanho da população empregada neste estudo e a resolução do mapeamento não foram suficientes para distinguir efeitos pleiotrópicos de proximidade de ligação. Para fazer essa distinção, é necessário identificar os genes sob os QTLs e o seu papel na fisiologia da planta. A detecção de QTLs têm sido feita em muitas culturas, porém, ainda faltam estratégias apropriadas para identificar os genes.

Os resultados obtidos também devem ser integrados e validados em outras populações no futuro para que a seleção assistida por marcadores moleculares possa ser utilizada com segurança pelos programas de melhoramento genético de aveia.

5 CONCLUSÕES

As linhagens recombinantes de aveia, provenientes do cruzamento UFRGS 8 x UFRGS 930605 apresentaram ampla variabilidade genética e fenotípica para os caracteres avaliados nos diferentes anos.

Os marcadores moleculares DArT, mostraram-se úteis na obtenção de mapas genéticos para a cultura da aveia, sendo que o mapa desenvolvido no presente estudo compreendeu 33 grupos de ligação, cobrindo uma extensão de 726,2 cM.

Para o caráter estatura de planta foram detectados QTLs nos dois anos de avaliação, explicando entre 6,15% e 34,85% da variação fenotípica total. Destes QTLs, dois, apresentaram consistência nos diferentes anos, apresentando potencial para utilização na seleção assistida por marcadores moleculares. Estes marcadores também apresentaram associação a diferentes caracteres nos dois anos de avaliação, sugerindo que a mesma região genômica pode afetar diferentes caracteres.

Nos dois anos de avaliação, três QTLs foram detectados para o número de dias ao florescimento, sendo que o de maior interesse aos programas de melhoramento de aveia é aquele ligado ao marcador opt-7023, detectado no ano de 2008, que explicou 13,98% da variação fenotípica observada e possui efeito aditivo negativo, reduzindo o número de dias ao florescimento.

Para os principais componentes do rendimento, foram identificados QTLs nos dois anos de avaliação. A variação fenotípica explicada por estes QTLs variaram de 6,48%, para o número de grãos por panícula, a 22,37%, para rendimento de grãos, ambos detectados em 2008.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACHLEITNER, A.; TINKER, A.N.; ZECHNER, E.; BUERSTMAYR, H. Genetic diversity among oat varieties of worldwide origin and associations of AFLP markers with quantitative traits. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 117, p.1041–1053, 2008.

ALMEIDA, M.L.; MUNDSTOCK, C.M.; SANGOI, L. Conceito de ideotipo e seu uso no aumento do rendimento potencial de cereais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.28, n.2, p.325-332, 1998.

ALVES, A.C.; MUNDSTOCK, C.M.; MEDEIROS, J.D. Iniciação e emergência de afilhos em cereais de estação fria. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.1, p-39-45, 2005.

AMARAL, A.; CARVALHO, F.I.F. de; MITTELMANN, A. Estimativa da herdabilidade para os caracteres adaptativos precocidade de ciclo e estatura de plantas em aveia. In: REUNIÃO DA COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 15., 1995, Guarapuava. **Resultados experimentais...** Guarapuava: Cooperativa Agrária, 1995. p.148-150.

BAPTISTA, R.L.; FEDERIZZI, L.C.; PACHECO, M.T. Variabilidade fenotípica para caracteres de panícula em diferentes cruzamentos de aveia (*Avena sativa* L.). In: REUNIÃO DA COMISSÃO SULBRASILEIRA DE AVEIA, 16., 1996. **Resultados Experimentais...** Florianópolis, 1996. p.79-85.

BARBOSA NETO, F.F.; CARVALHO, F.I.F. de; FEDERIZZI, L.C. Progressos em caracteres de importância agrônômica em aveia. In: REUNIÃO DA COMISSÃO SULBRASILEIRA DE AVEIA, 16., 1996. **Resultados Experimentais...** Florianópolis, 1996. p.98-101.

BARBOSA NETO, J.F.; MATIELLO, R.R.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, J.M.S.; PEGORARO, D.G.; SCHNEIDER, F.; SORDI, M.H.B.; VACARO, E. Progresso Genético no Melhoramento da Aveia-Branca no Sul do Brasil. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1605-1612, 2000.

BARETTA, D.; LUCHE, H.S.; NORNBORG, R.; TESSMANN, E.W.; SILVEIRA, S.F.; CRESTANI, M.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C. Correlação fenotípica em caracteres relacionados ao rendimento de grãos em genótipos de aveia branca conduzidos em diferentes sistemas de semeadura. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 29., 2009, Porto Alegre. **Resultados Experimentais...** Porto Alegre, 2009. p.222-225.

- BELLIDO, L.L. **Cultivos herbáceos: cereales**. Madrid: Mundi-Prensa, 1991. p.539.
- BERGAMASCHI, H.; GUADAGNIN, M.R.; CARDOSO, L.S.; SILVA, M.I.G. **Clima da Estação Experimental da UFRGS (e região de abrangência)**. Porto Alegre: Ed. da UFRGS, 2003. 77p.
- BERTAN, I.; KURED, A.J.; SILVA, G.; COSSA, M.L.; POSSAMAI, E.; BELLANDI, E. Estimativa de herdabilidade em diferentes caracteres de aveia através do método de regressão genitor-Progênie. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DA AVEIA, 22., 2002, Passo Fundo. **Resultados Experimentais...** Passo Fundo: UPF, 2002. p.331-332.
- BONNETT, O.T. **The oat plant: Its histology and development**. Urbana, IL: University of Illinois Agricultural Experimental Station, 1961. 112p. (Bulletin 672)
- BOREVITZ, J.O.; LIANG, D.; PLOUFFE, D.; CHANG, H.; ZHU, T.; WEIGEL, D.; BERRY, C.C.; WINZELER, E.; CHORY, J. Large-scale identification of single-feature polymorphisms in complex genomes. **Genome Research**, Ottawa, v.13, p.513-523, 2003.
- BOTHONA, C.R.A.; CABRAL, C.B.; THOMÉ, G.C.H.; MILACH, S.C.K.; FEDERIZZI, L.C. Identificação de regiões cromossômicas relacionadas a caracteres de importância agrônômica em aveia. In: REUNIÃO DA COMISSÃO SULBRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 16., 1996, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis, 1996. p.38-40.
- BOTHONA, C.R.A.; MILACH, S.C.K.; ALMEIDA, J.L.; ENDER, M.; WAGNER, C.M.; DURLO, T.; MEROTTO, A.; THOMÉ, G.C.H.; CABRAL, C.B.; FEDERIZZI, L.C. Identificação de QTLs para caracteres de importância agrônômica em aveia expressos em quatro ambientes do sul do Brasil: I. ciclo e estatura de planta. In: REUNIÃO DA COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 17., 1997, PASSO FUNDO. **Resumos**. Passo Fundo, 1997. p. 447-449.
- BOTHONA, C.R.A.; MILACH, S.C.K.; ALMEIDA, J.L.; ENDER, M.; WAGNER, C.M.; DURLO, T.; MEROTTO, A.; THOMÉ, G.C.H.; CABRAL, C.B.; TADERKA, I.; FEDERIZZI, L.C. Identificação de QTLs para caracteres de importância agrônômica em aveia expressos em quatro ambientes do sul do Brasil: II. Comprimento e peso de panícula. In: REUNIÃO DA COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 17., 1997. **Resumos**. Passo Fundo, 1997b. p. 450-452.
- BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.E.; DAVIS, R.W.; Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v.32, p.314-331, 1980.
- BOUKERROU, L.; RASMUSSEN, D.C. Breeding for high biomass yield in spring barley. **Crop Science**, Madison, v.30, p. 31-35, 1990.
- BROWN, P.D.; MCKENZIE, R.I.H.; MIKAELSEN, K. Agronomic, genetic and cytologic evaluation of a vigorous new semidwarf oat. **Crop Science**, Madison, v.20, p.303-306, 1980.

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

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BOREM, A.; CAIXETA, E.T. **Marcadores moleculares**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2009. p. 11-95.

CARLSON, A.; KAEPLER, H.F. Oat. In: PUA, E.C.; DAVEY, M.R. **Biotechnology in Agriculture and Forestry**. Madison : Department of Agronomy, University of Wisconsin-Madison, 2007. p. 151-160. Transgenic Crops IV, 2007. v. 59.

CARVALHO, F.I.F. de; BARBOSA NETO, J.F.; FLOSS, E.L. Potencial genético da aveia, como produtora de grão, no sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.22, n.1, p.71-82, 1987.

CAUSSE, M.; ROCHER, J.; PELLESCI, S.; BARRIERE, Y.; VIENNE, D.; PRIOUL, J. Sucrose phosphate synthase: an enzyme with heterotic activity correlated with maize growth. **Crop Science**, Madison, v.35, p. 995-1011, 1995.

CAVALLI, S.S. Polimorfismos moleculares. In: FRETAS, L.B.; BERED, F. **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: UFRGS, 2003. p.311-332.

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

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

CONNER, P.J.; BROWN, S.K.; WEEDEN, N.F. Molecular marker analysis of quantitative traits for growth and development in juvenile apple trees. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.96, p.1027-1035, 1998.

DAVIDSON, D.J.; CHEVALIER, P.M. Preanthesis tiller mortality in spring wheat. **Crop Science**, Madison, v.30, n.4, p.832-836, 1990.

DONALD, C.M. The breeding of crop ideotypes. **Euphytica**, Wageningen, v. 17, p. 385-403, 1968.

DONALD, C.M.; HAMBLIN, J. The biological yield and harvest index of cereals as agronomic and plant breeding criteria. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 28, p.361-405, 1976.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3 ed. Harlow, New York : Longman Scientific and Technical, 1989. 438p.

FEDERIZZI, L.C. Progressos no melhoramento genético de aveia no Brasil, história, principais resultados e perspectivas futuras. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 22., 2002, Passo Fundo. **Palestras...** Passo Fundo, 2002. p.45-63.

FEDERIZZI, L.C.; BERTAGNOLLI, P.F.; CARVALHO, F.I.F. de. Genetics of flowering time in oat (*Avena sativa* L.). **Journal of Genetics and Breeding**, Roma, v.50, p.147-154, 1996a.

FEDERIZZI, L.C.; BERTAGNOLLI, P.F.; CARVALHO, F.I.F. de. Genetics of plant height of oat (*Avena sativa* L.). **Journal of Genetics and Breeding**, Roma, v.50, p.137-145, 1996b.

FEDERIZZI, L.C.; CARVALHO, F.I.F. de; ACUAN, L.R.; ZANETTINI, M.H.B. Variabilidade fenotípica para caracteres de panículas de aveia (*Avena sativa* L.). In: REUNIÃO DA COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 8., 1993, Ijuí. **Resultados Experimentais...** Ijuí, 1993. p.119-124.

FEDERIZZI, L.C.; MILACH, S.C.K.; BARBOSA NETO, J.F.; PACHECO, M.T. Melhoramento genético de trigo e aveia no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras, 1997. p.127-146.

FEDERIZZI, L.C.; PACHECO, M.P. Programa de Melhoramento Genético de Aveia da UFRGS: 35 anos de história. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 29., 2009, Porto Alegre. **Resultados Experimentais...** Porto Alegre, 2009. p.202-205.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília, DF: EMBRAPA/CENARGEM, 1996. 220p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília, DF: EMBRAPA/CENARGEM, 1998. 220p.

FLOSS, E. L. Aveia. In: BAIER, A. C.; FLOSS, L. E.; AUDE, M. I. S. **As lavouras de inverno - 1**. Rio de Janeiro: Globo, 1988. p. 17-74

FLOSS, E.L.; FEDERIZZI, L.C.; MATZEMBACKER, R.G.; CARVALHO, F.I.F.; ALMEIDA, J.L.; SILVA, A.C.; OLIVEIRA, J.C.; GODOY, R.; ASSMANN, I.; MOLIN, R. Análise conjunta do ensaio brasileiro de cultivares recomendadas de aveia branca, 2000. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 21., 2001, Lages. **Resultados Experimentais...** Lages, 2001. p.350-356.

FLOSS, E.L.; FEDERIZZI, L.C.; PACHECO, M.T.; CARVALHO, F.I.F.; SILVA, A.C.; ALMEIDA, J.L.; OLIVEIRA, J.C.; BENIN, G.; MOLIN, R.; GARRAFA, M.; TRAGNAGO, J.L.; CECCON, G.; CASTRO, R.L.; SOUZA, C.A. Análise conjunta do ensaio brasileiro de cultivares de aveia-branca, 2008. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 29., 2009, Porto Alegre. **Resultados Experimentais...** Porto Alegre, 2009. p.401-411.

FLOSS, E.L.; FEDERIZZI, L.C.; PACHECO, M.T.; CARVALHO, F.I.F.; SILVA, A.C.; ASSMANN, I.; ALMEIDA, J.L.; OLIVEIRA, J.C.; MOLIN, R.; GARRAFA, M.; TRAGNAGO, J.L.; CECCON, G. Ensaio Brasileiro de cultivares de aveia branca, 2007, Análise conjunta. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 28., 2008, Pelotas. **Resultados Experimentais...** Pelotas, 2008.p.166-178.

FRANCO, F. A.; CARVALHO, F. I. F.de. Estimativa do progresso genético no rendimento de grãos de trigo e sua associação com diferentes caracteres sob o efeito de variação no ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.22, p. 311-321, 1989.

GARDNER, E. J.; SNUSTAD, P. **Genética**. Rio de Janeiro: Interamericana, 1986. 497p.

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

GRATTAPAGLIA, D.; FERREIRA, M.E. Mapeamento Físico e Clonagem Posicional. In: BOREM, A.; CAIXETA, E.T. **Marcadores Moleculares**. 2 ed, Viçosa: UFV, 2009. p.327-370.

GRIFFITHS A.J.F.; MILLER J.H.; SUZUKI D.T.; LEWONTIN R.C.; GELBART W.M. **An introduction to genetic analysis**. New York: W. H. Freeman and company, 2006. 720p.

GRIFFITHS, A.J.F.; MILLER, J.H.; SUZUKI, D.T.; LEWONTIN, R.C.; GELBART, W.M. **Introdução à genética**. Rio de Janeiro: Guanabara, 1998. 856p.

GROH, S.; KIANIAN, S.F.; PHILLIPS, R.L.; RINES, H.W.; STUTHMAN, D.D.; WESENBERG, D.M.; FULCHER, R.G. Analysis of factors influencing milling yield and their association to other traits by QTL analysis in two hexaploid oat populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, p.9-18, 2001.

HARTWIG, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; BERTAN, I.; SILVA, G.O.; VALÉRIO, I.P.; SCHMIDT, D.A.M. Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de interesse em cruzamentos dialélicos de aveia branca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.273-278, 2006.

HOLLAND, J. B. Oat Improvement, A brief history of oats. In: M.S. Kang (Ed.), Crop Improvement for the 21st Century. **Research Signpost**, Trivandrum, 1997a, p. 57–98.

HOLLAND, J.B.; MOSER, H.S.; O'DONOUGHUE, L.S.; LEE, M. QTLs and epistasis associated with vernalization response in oat. **Crop Science**, Madison, v. 37, n.4, p. 1306-1316, 1997b.

HOLLAND, J.B.; PORTYANKO, V.A.; HOFFMAN, D.L.; LEE, M. Genomic regions controlling vernalization and photoperiod responses in oat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 105, p.113–126, 2002.

IPAGRO. **Observações meteorológicas no Estado do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre, 1979, 272p.

JACCOUD, D.; PENG, K.; FEINSTEIN, D.; KILIAN, A. Diversity Arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v.29, n.4, p.1-7, 2001.

JANSEN, R.C. Interval mapping of multiple quantitative trait loci. **Genetics**, Baltimore, v. 135, p.205-211, 1993.

JANSEN, R.C.; STAM, P. High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. **Genetics**, Baltimore, v. 136, p.1447-1455, 1994.

KIANIAN, S.F.; EGLI, M.A.; PHILLIPS, R.L.; RINES, H.W.; SOMERS, D.A.; GENGENBACH, B.C.; WEBSTER, F.H.; LIVINGSTON, S.M.; GROH, S.; O'DONOUGHUE, L.S.; SORRELS, M.E.; WESENBERG, D.M.; STUTHMAN, D.D.; FULCHER, R.G. Association of major oat oil content QTL and na acetyl-CoA carboxylase gene oat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 98, p.884-894, 2000.

KOEYER, D.L. DE; TINKER, N.A.; WIGHT, C.P.; DEYL, J.; BURROWS, V.D.; O'DONOUGHUE, L.S.; LYBAERT, A.; MOLNAR, S.J.; ARMSTRONG, K.C.; FEDAK, G.; WESENBERG, D.M.; ROSSNAGEL, B.G.; MCELROY, A.R. A molecular linkage map with associated QTLs from a hulless x covered spring oat population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, p.1285-1298, 2004.

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

LITT, M.; LUTY, J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 4, p.397-401, 1989.

LIU, B.H. **Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis**. Boca Raton: CRC Press, 1998. 611 p.

LOCATELLI, A.B. **Florescimento em aveia: identificação de genes e análise genética**. 2003. 84f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2003.

LOCATELLI, A.B.; FEDERIZZI, L.C.; MILACH, S.C.K.; MCELROY, A.R. Flowering time in oat: Genotype characterization for photoperiod and vernalization response. **Field Crops Research**, Wageningen, v.106, n.3, p.242-247, 2008.

LOCATELLI, A.B.; FEDERIZZI, L.C.; MILACH, S.C.K.; WIGHT, C.P.; MOLNAR, S.J.; CHAPADOS, J.T.; TINKER, N.A. Loci affecting flowering time in oat under short-day conditions. **Genome**, Ottawa, v.49, n.12, p.1528-1538, 2006.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland : Sinauer Associates, 1998. 980p.

MAAS, E.V.; LESCH, S.M.; FRANCOIS, L.E.; GRIEVE, C.M. Tiller development in salt-stressed wheat. **Crop Science**, Madison, v.34, n.6, p.1594-1603, 1994.

MILACH, S.C.K. Marcadores de DNA: Aplicações no melhoramento de plantas. **Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento**, Brasília, v. 1, n. 5, p. 14-17, 1998.

MILACH, S.C.K.; BOTHONA, C.A.; ALMEIDA, J.L.; ENDER, M.; FEDERIZZI, L.C. Causas da interação genótipo x ambiente em aveia: evidências do mapeamento molecular. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 18., 1998, Londrina. **Resumos...** Londrina, 1998. p.67-69.

MILACH, S.C.K.; FEDERIZZI, L.C. Dwarfing Genes in Plant Improvement. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 73, p.35-63, 2001.

MILACH, S.C.K.; RINES, H.W.; PHILLIPS, R.L. Molecular genetic remapping of dwarfing genes in oat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 95, p.783-790, 1997.

MULLIS, K.B.; FALOONA, F.A. Specific synthesis of DNA in vitro via polymerase catalysed chain reaction. **Methods in Enzymology**, New York, v. 155, p.335-350, 1987.

MURPHY, J.P.; HOFFMAN, L.A. Origin, history and production of oat, In: MARSHALL, H.G.; SORRELS, M.E (Co-ed.) **Oat Science and Technology**. Madison: Crop Science Society of American, 1992. p.1-28.

NAVA, I.C. **Caracterização genética e molecular de fatores associados a resposta a vernalização para o florescimento em aveia**. 2008. 117f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2008.

O'DONOUGHUE, L.; KIANIAN, S.; RAYAPATI, P.; PENNER, G.; SORRELLS, M.; TANKSLEY, S.; PHILLIPS, R.; RINES, H.; LEE, M.; FEDAK, G.; MOLNAR, S.; HOFFMAN, D.; SALAS, C.; WU, B.; AUTRIQUE, E.; VAN, D.A. A molecular linkage map of cultivated oat. **Genome**, Ottawa v.38, p.368-380, 1995.

O'DONOUGHUE, L.; WANG, Z.; RODER, M.; KNEEN, B.; LEGGET, M.; SORRELLS, M.; TANKSLEY, S. An RFLP based linkage map of oats based on a cross between two diploid taxa (*Avena atlantica* × *A. hirtula*). **Genome**, Ottawa, v. 35, p.765-771, 1992.

O'DONOUGHUE, L.S. Molecular markers as tools to characterize and use genetic resources in oat. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 20., 2000, Pelotas. **Resultados Experimentais...** Pelotas, 2000. p. 2-15.

OOIJEN, J.W. VAN; VOORRIPS, R.E. **JoinMap®**. Software for the calculation of genetic linkage maps. Versao 3.0. Wageningen, 2001. Disponível em: <http://www.kyazma.nl/index.php/mc.JoinMap>. Acesso em: mar. 2010.

PACHECO, M. T.; FEDERIZZI, L. C.; GOULART, I.C.; FELTES, D.A.; CAMPOS, S.S; SEVERO, M. F. Ensaio Regional de Linhagens de Aveia Branca, Eldorado do Sul conduzido em Eldorado do Sul em 2008. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 29., 2009, Porto Alegre. **Resultados Experimentais...** Porto Alegre, 2009. p. 282-283.

PACHECO, M.T.; FEDERIZZI, L.C.; ARRUDA, M.P.de; BONARDI, N.; ZAMBONATO, F.; DUARTE, I.T.L.; SEVERO, M.F.; VALENTINI, A.P.F. Ensaio Regional de Linhagens de Aveia Branca – Eldorado do Sul, 2009. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 30., 2010, São Carlos. **Resultados Experimentais...** São Carlos, 2010. p.267-269.

PACHECO, M.T.; FEDERIZZI, L.C.; GOULART, I. C. G. R.; SEVERO, M. F. Ensaio Brasileiro de Cultivares de Aveia Branca, Eldorado do Sul, 2008. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 29., 2009, Porto Alegre. **Resultados Experimentais...** Porto Alegre, 2009. p. 361-362.

PELTONEN – SAINIO, P. Morphological and physiological characters behind high-yielding ability of oats (*Avena sativa*), and their implications for breeding. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 25, p.247-252, 1990.

PELTONEN – SAINIO, P.; MUURINEN, S.; RAJALA, A.; JAUHIAINEN, L. Variation in harvest index of modern spring barley, oat and wheat cultivars adapted to northern growing conditions. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 146, p.35–47, 2008.

PETR, J.; GERNY, V.; HEUSKA, L. Yield formation in cereals. In: YIELD formation in the main yield crops. New York, 1988. p. 72-153.

PORTYANKO, V.A.; CHEN, G.; RINES, H.W.; PHILLIPS, R.L; LEONARD, K.J.; OCHOCKI, G.E; STUTHMAN, D.D. Quantitative trait loci for partial resistance to crown rust, *Puccinia coronate*, in cultivated oat, *Avena sativa* L. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.111, p 313-324, 2005.

RAYAPATI, P.J.; GREGORY, J.W.; LEE, M.; WISE, R.P. A linkage map of diploid *Avena* based on RFLP loci and a locus conferring resistance to nine isolates of *Puccinia coronata* var. *avenae*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 89, p.831-837, 1994.

RINES, H.W.; MOLNAR, S.J.; TINKER, N.A.; PHILLIPS, R.L. Oat. In: KOLE, C. **Genome mapping and molecular breeding in plants**. Berlin: Springer-Verlag, 2006. v. 1. p.211-242.

RITCHIE, J.T. Genetic specific data for crop modeling. In: PENNING DE VRIES, F.W.T. (Eds.) **Systems approaches for agricultural development**. Netherlands: Kluwer, 1993. p.77-93.

RIZZI, S. P. **Caracteres morfo-fisiológicos e produtividade de cultivares de aveia branca**. 2004. 97f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2004.

ROSIELLE, A.A.; FREY, K.J. Estimates of selection parameters associated with harvest index in oat lines derived from a bulk population. **Euphytica**, Amsterdam, v.24, p.121-131, 1975.

SHUSTER, I.; ABDELNOOR, R.V.; ARIM, S.R.R.; CARVALHO, V. P.; KIIHL, R.A. S.; SILVA, J.F.V.; SEDIYAMA, C.S.; BARROS, E.G.; OREIRA, M.A. Identification of a new major QTL associated with resistance to soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.102. p.91-96, 2001.

SIRIPOONWIWAT, W.; O'DONOUGHUE, L.S.; WESENBERG, D.; HOFFMAN, D.L.; BARBOSA-NETO, J.F.; SORRELLS, M.E. Chromosomal regions associated with quantitative traits in oat. **Journal of quantitative trait loci**, v. 2, 1996. Disponível em: <http://wheat.pw.usda.gov/jag/papers96/paper396/oatqtl3g.html>. Acesso: 9 fev. 2010.

STRECK, E.V.; KAMPF, N.; DALMOLIN, R.S.D.; KLAMT, E.; NASCIMENTO, P.C.; SCHNEIDER, P. **Solos do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: EMATER/RS: UFRGS, 2002. 127p.

TAKEDA, K.; FREY, K.J.; BAILEY, T.B. Contribution of growth rate and harvest index to grain yield in F9-derived lines of oats (*Avena sativa* L.). **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.60, p.379-84, 1980.

TANHUANPÄÄ, P.; KALENDAR, R.; LAURILA, J.; SCHULMAN, H.A.; MANNINEN, O.; KIVIHARJU, E. Generation of SNP markers for short straw in oat (*Avena sativa* L.). **Genome**, Ottawa, v.49, p.282–287, 2006.

TANKSLEY, S.D. Mapping polygenes. **Annual Review of Genetic**, Palo Alto, v.27, p.205-233, 1993.

THOMAS, H. Cytogenetics of *Avena*. In: MARSHALL, H.G.; SORRELS, M.E. (Co-ed). **Oat Science and Technology**. Madison: Crop Science Society of America, 1992. p.473-507.

TINKER, N.A.; KILIAN, A.; WIGHT, C.P.; HELLER-USZYNSKA, K.; WENZL, P.; RINES, H.W.; BJORNSTAD, A.; HOWARTH, C.J.; JANNINK, J.; ANDERSON, J.M.; ROSSNAGEL, B.G.; STUTHMAN, D.D.; SORRELLS, M.E.; JACKSON, E.W.; TUVESON, S.; KOLB, F.L.; OLSSON, O.; FEDERIZZI, L.C.; CARSON, M.L.; OHM, H.W.; MOLNAR, S.J.; COLES, G.J.; ECKSTEIN, P.E.; BONMAN, J.M.; CEPLITIS, A.; LANGDON, T. New DArT markers for oat provide enhanced map coverage and global germplasm characterization. **BioMedCentral Genomics**, London, v. 10, n. 39, p.1-22, 2009.

VALENTINI, A.P.F.; MARTINS, J.A.K.; ZAMBONATO, F.; GAVIRAGHI, F.; WAGNER, J.F.; BOSA, D.; SILVA, A.J.; BATTISTI, G. K.; CRESTANI, M.; SILVA, J.A.G.; FERNANDES, S. B.V.; BERTO, J. L.; CARVALHO, F.I.F. Herdabilidade de caracteres relacionados ao rendimento de grãos de aveia (*Avena sativa* L.). In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 28., 2008, Pelotas. **Resultados Experimentais....** Pelotas, 2008. p.23-26.

VIEIRA, E.A.; NODARI, R.O.; CARVALHO, F.I.F.; FIALHO, J.F. **Mapeamento genético de caracteres quantitativos e sua interação com o ambiente**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2006. 28p.

WANG, S. **Windows QTL Cartographer 2.5. (Software)**. Raleigh, NC : Department of Statistics [of the] North Carolina State University, 2007. Disponível em: <<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>>. Acesso em: mar. 2010.

WIGHT, C.P.; TINKER, N.A.; KIANIAN, S.F.; SORRELLS, M.E.; O'DONOUGHUE, L. S.; HOFFMAN, D.H.; GROH, S.; SCOLES, G.J.; LI, C.D.; WEBSTER, F.H.; PHILLIPS, R.L.; RINES, H.W.; LIVINGSTON, S.M.; ARMSTRONG, K.C.; FEDAK, G.; MOLNAR, S.J. A molecular marker map in 'Kanota' x 'Ogle' hexaploid oat (*Avena* spp) enhanced by additional markers and a robust framework. **Genome**, Ottawa, v.46, p.28-47, 2003.

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; KENNETH, J.L.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.

WOOTEN, D.R.; LIVINGSTON III, D.P.; LYERLY, H.J.; HOLLAND, J.B.; JELLEN, E. N.; MARSHALL, D.S.; MURPHY, J.P. Quantitative trait loci and Epistasis for oat winter-hardiness component traits. **Crop Science**, Madison, v.49, p 1989-1998, 2009.

ZABEAU, M.; VOS, P. **Selective restriction fragment amplification**: a general method for DNA fingerprinting. Paris: [s.n.], 1993. European Patent Application No 0534858.

ZENG, Z.B. Precision mapping of quantitative trait loci. **BMC Genetics**, London, v. 136, n.5, p. 1457-1468, 1994.

ZENG, Z.B. Theoretical basis for separation of multiple linked gene effects in mapping quantitative trait loci. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Raleigh, v. 90, p.10972-10976, 1993.

ZHU, S.; KAEPPLE, H.F. A genetic linkage map for hexaploid, cultivated oat (*Avena sativa* L.) based on an intraspecific cross Ogle/MAM17-5. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 107, p. 26-35, 2003.

ZHU, S.; ROSSNAGEL, B.G.; KAEPPLE, H.F. Genetic Analysis of Quantitative Trait Loci for Groat Protein and Oil Content in Oat. **Crop Science**, Madison, v.44, p.254-260, 2004.

7 APÊNDICES

Apêndice 1. Dados meteorológicos observados no ano de 2008, durante a estação de crescimento da cultura da aveia, na Estação Experimental Agronômica – UFRGS. Eldorado do Sul, 2008.

Mês	Rs (calcm ² /dia)	Temperatura do ar (°C)			Chuva (mm)	UR (%)	Vento (m/s)	ET0 (mm)	
		Média	Máxima	Mínima					
Junho	DEC 1	170	13,8	18,3	9,0	91,8	90	1,2	11,7
	DEC 2	250	8,8	16,0	2,9	13,5	82	1,1	16,3
	DEC 3	160	13,0	17,0	9,0	36,9	93	1,2	9,0
	MÉDIA	194	11,8	17,1	7,0	142,2	89	1,2	37,0
Julho	DEC 1	145	15,1	19,6	11,0	23,8	93	0,8	9,7
	DEC 2	252	15,6	23,8	9,4	8,3	81	1,0	19,7
	DEC 3	149	14,3	17,7	11,1	183,3	89	1,5	12,9
	MÉDIA	182	15,0	20,4	10,5	215,4	88	1,1	42,3
Agosto	DEC 1	266	12,0	18,5	5,8	29,2	85	1,3	18,9
	DEC 2	194	16,7	21,8	12,5	99,5	91	1,8	14,3
	DEC 3	370	14,1	20,7	7,4	12,5	81	1,6	30,0
	MÉDIA	277	14,3	20,3	8,6	141,2	85	1,6	63,2
Setembro	DEC 1	302	14,2	20,4	8,7	105,0	86	2,1	23,1
	DEC 2	351	13,7	19,3	7,4	54,9	83	1,6	26,5
	DEC 3	464	17,0	22,6	12,2	7,4	81	2,3	39,0
	MÉDIA	372	15,0	20,8	9,4	167,2	83	2,0	88,6
Outubro	DEC 1	513	16,5	23,2	9,6	49,8	77	2,0	42,5
	DEC 2	304	18,7	22,7	15,0	65,2	90	2,0	24,7
	DEC 3	367	20,0	24,8	16,2	139,0	87	2,2	34,4
	MÉDIA	394	18,4	23,5	13,6	253,9	85	2,0	101,7
Novembro	DEC 1	556	21,7	27,6	16,8	8,3	83	2,0	48,8
	DEC 2	611	19,6	25,3	14,2	14,4	78	3,1	55,2
	DEC 3	724	20,7	30,1	15,4	35,0	77	2,7	64,5
	MÉDIA	630	20,7	27,7	15,5	57,8	80	2,6	168,5

Rs – Radiação solar global (actinógrafo). (Cal/cm².dia)

Tempertatuta do ar em um abrigo meteorológico – média ponderada

UR – Umidade relativa (psicrômetro) em um abrigo meteorológico – média ponderada

Vento – velocidade média a 2 m acima do solo (anemômetro totalizador)

ET0 – Evapotranspiração calculada pelo método de Penman

DEC – Decênio – 10 dias

Apêndice 2. Dados meteorológicos observados no ano de 2009, durante a estação de crescimento da cultura da aveia, na Estação Experimental Agrônômica – UFRGS. Eldorado do Sul, 2009.

Mês	Rs (calcm ² /dia)	Temperatura do ar (°C)			Chuva (mm)	UR (%)	Vento (m/s)	ETo (mm)	
		Média	Máxima	Mínima					
Junho	DEC 1	205	11,9	18,8	6,0	29,9	87	0,8	13,3
	DEC 2	199	11,1	15,9	6,0	7,7	88	1,1	13,6
	DEC 3	290	7,5	15,1	0,3	24,4	78	1,4	20,9
	MÉDIA	231	10,2	16,6	4,1	62,0	84	1,1	47,8
Julho	DEC 1	205	11,9	18,8	6,0	29,9	87	0,8	13,3
	DEC 2	199	11,1	15,9	6,0	7,7	88	1,1	13,6
	DEC 3	297	7,6	15,4	0,4	24,4	78	1,3	19,3
	MÉDIA	234	10,2	16,7	4,1	62,0	84	1,1	46,2
Agosto	DEC 1	163	13,5	17,9	8,6	200,3	89	1,7	11,7
	DEC 2	273	14,8	22,8	8,6	57,1	84	1,7	20,8
	DEC 3	420	16,4	25,4	8,4	0,0	77	0,8	36,5
	MÉDIA	285	14,9	22,0	8,5	257,4	83	1,4	69,1
Setembro	DEC 1	206	16,4	20,9	12,6	133,5	91	1,6	15,4
	DEC 2	273	16,8	20,6	13,3	100,8	90	2,5	21,4
	DEC 3	380	14,9	20,6	8,7	126,8	83	1,8	29,2
	MÉDIA	286,2	16,0	20,7	11,5	361,1	88,1	2,0	66,0
Outubro	DEC 1	416	16,5	22,0	11,2	52,0	85	2,0	33,4
	DEC 2	449	17,6	23,8	11,7	38,5	80	1,7	37,4
	DEC 3	517	19,4	26,5	12,5	52,3	81	1,6	48,2
	MÉDIA	461	17,8	24,1	11,8	142,9	82	1,7	119,0
Novembro	DEC 1	372	21,8	27,0	17,3	126,8	88	1,7	31,7
	DEC 2	305	21,5	25,6	17,9	195,2	92	2,2	26,1
	DEC 3	377	23,8	28,6	20,2	84,1	90	1,9	33,2
	MÉDIA	351,4	22,4	27,0	18,5	406,1	90,0	1,9	91,1

Rs – Radiação solar global (actinógrafo). (Cal/cm².dia)

Tempertatuta do ar em um abrigo meteorológico – média ponderada

UR – Umidade relativa (psicrômetro) em um abrigo meteorológico – média ponderada

Vento – velocidade média a 2 m acima do solo (anemômetro totalizador)

ET0 – Evapotranspiração calculada pelo método de Penman

DEC – Decênio – 10 dias

Apêndice 3. Teste de normalidade para as características fenotípicas avaliadas nos anos de 2008 e 2009. E (estatura de planta), D (densidade de plantas na parcela), BA (biomassa aparente por metro), IC (índice de colheita), NDF (número de dias ao florescimento), PH (peso do hectolitro), P (pilosidade dos grãos), PMG (peso de mil grãos), R (rendimento de grãos), V (vigor inicial de plantas), NCF (número de colmos férteis por metro), PP (peso de panícula), NEP (número de espiguetas por panícula), NGP (número de grãos por panícula). EEA-UFRGS, Eldorado do Sul. RS.2008/2009.

Caráter	Teste	Ano	Probabilidade
D	Shapiro-Wilk	2008	0,0001
		2009	0,0001
E	Shapiro-Wilk	2008	0,1386*
		2009	0,3786*
BA	Shapiro-Wilk	2008	0,0005
		2009	0,0001
IC	Shapiro-Wilk	2008	0,0033
		2009	0,0001
NDF	Shapiro-Wilk	2008	0,0001
		2009	0,0001
PH	Shapiro-Wilk	2008	0,0001
		2009	0,0001
P	Shapiro-Wilk	2008	0,0001
		2009	0,0001
PMG	Shapiro-Wilk	2008	0,1771*
		2009	0,0001
R	Shapiro-Wilk	2008	0,0032
		2009	0,6352*
V	Shapiro-Wilk	2008	0,0001
		2009	0,0001
NCF	Shapiro-Wilk	2008	-
		2009	0,0001
PP	Kolmogorov-Smirnov	2008	0,0100
		2009	0,0100
NEP	Kolmogorov-Smirnov	2008	0,0100
		2009	0,0100
NGP	Kolmogorov-Smirnov	2008	0,0100
		2009	0,0100

*caracteres com distribuição normal segundo o procedimento "PROC UNIVARIATE" do programa SAS