

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

MARCIO ANDREI CAPELIN

**HETEROSE E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM TRIGO
ENVOLVENDO FONTES DE GENES DE NANISMO**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2014

**UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

MARCIO ANDREI CAPELIN

**HETEROSE E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM TRIGO
ENVOLVENDO FONTES DE GENES DE NANISMO**

DISSERTAÇÃO

PATO BRANCO

2014

MARCIO ANDREI CAPELIN

**HETEROSE E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM TRIGO
ENVOLVENDO FONTES DE GENES DE NANISMO**

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

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin

PATO BRANCO

2014

C239h Capelin, Marcio Andrei.
Heterose e capacidade de combinação envolvendo fontes de genes de nanismo / Marcio Andrei Capelin. -- 2014.
83 f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Giovani Benin
Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Pato Branco, PR, 2014.
Bibliografia: f. 72 – 83.

1. *Triticum aestivum* L. 2. Estatura de planta. 3. Acamamento. 4. Seleção de genitores. I. Benin, Giovani, orient. II. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDD (22. ed.) 630

Ficha Catalográfica elaborada por
Suélem Belmudes Cardoso CRB9/1630
Biblioteca da UTFPR Campus Pato Branco



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



TERMO DE APROVAÇÃO

Título da Dissertação nº 097

HETEROSE E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO EM TRIGO ENVOLVENDO FONTES DE GENES DE NANISMO

por

MARCIO ANDREI CAPELIN

Dissertação apresentada às treze horas e trinta minutos do dia vinte e sete de fevereiro de dois mil e quatorze, como requisito parcial para obtenção do título de MESTRE EM AGRONOMIA, Linha de Pesquisa – Melhoramento Genético Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco. O candidato foi arguido pela Banca Examinadora composta pelos professores abaixo assinados. Após deliberação, a Banca Examinadora considerou o trabalho APROVADO

Banca examinadora:

Prof. Dra. Betânia Brum
UTFPR

Dr. Volmir Sergio Marchioro
COODETEC

Prof. Dr. Paulo Henrique Oliveira
UTFPR

Prof. Dr. Giovanni Benin
UTFPR
Orientador

Visto da Coordenação:

Prof. Dr. Idalmir dos Santos
Coordenador do PPGAG

A minha família,
e a minha namorada Pamela Tais Clein
que sempre me apoiaram para que eu obtivesse esse título.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelo Dom da vida, e a proteção que tem me garantido;

Agradeço aos meus antepassados por juntos trilharem os caminhos difíceis do momento em que enfrentaram a abertura do desenvolvimento;

A minha família em especial aos meus pais Mauri Capelin e Margarete Fátima Momoli Capelin, os quais foram batalhadores e guerreiros em lutar pela minha caminhada estudantil e agora pós-graduado o meu muito obrigado; e junto a eles agradeço ao meu irmão Mateus Andriu Capelin;

Agradeço a Pamela Tais Clein minha namorada pelo apoio incondicional;

Agradeço a minha tia Prof. Dra. Marlene Capelin Ignoato pelo imenso apoio durante meus estudos.

Ao meu orientador Giovani Benin que durante toda a minha graduação e a pós-graduação foi compreensivo e apoiador para que eu enfrentasse as dificuldades, junto a ele estendo os cumprimentos aos demais professores da UTFPR – Campus Pato Branco, PPGAG;

A todos os amigos criados aqui na UTFPR, em especial aos companheiros que sempre me deram apoio: Elesandro Bornhofen, Lucas Berger Munaro, Cristiano Lemes, Eduardo Beche, Eduardo Pagliosa, Mariana Flowers, Thaís Raquel Hagemann, Matheus Henrique Todeschini, Anderson Simionato Milioni, Diego M. Trevisan, Samuel Dalló, Luiz Henrique Sassi, Ronaldo de Oliveira. Estendo também agradecimentos aos demais membros do grupo de melhoramento genético da Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

A multinacional Nidera Sementes pela oportunidade de trabalho em especial ao Gilvani Matei pelo apoio e companheirismo.

Por fim, agradeço a todos que de uma forma ou de outra contribuíram para que eu pudesse alcançar essa conquista.

Muito Obrigado!

“...Esteja preparado, a oportunidade da sua vida pode estar muito próxima...”

RESUMO

CAPELIN, Marcio Andrei. Heterose e capacidade de combinação em trigo envolvendo fontes de genes de nanismo. 83 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Área de Concentração: Produção vegetal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2014.

A introdução de genes Rht, oriundos principalmente de programas de melhoramento da Ásia, Europa, Estados Unidos e México permitiu o avanço da cultura do trigo (*Triticum aestivum* L.) para áreas consideradas marginais. Nesse contexto, este trabalho se propõe avaliar a capacidade de combinação, heterose e heterobeltiose em um dialelo 8x8 afim de verificar o efeito pleiotrópico (único gene controla diversas características do fenótipo), ou seja, além da estatura, quais os componentes de rendimento que estão sendo alterados quando cultivares de maior estatura são cruzados com as linhas anãs CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 disponibilizadas por programas de melhoramento genético nacionais de trigo. O experimento foi conduzido em Pato Branco – PR, na safra agrícola de 2012, em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições. As hibridações foram realizadas com oito genitores, sendo três anões (CD 0827, CD 0985 e UTF 0605) e BRS Pardela, Safira, BRS Tangará, CD 111 e CD 108, escolhidos por apresentarem estatura de planta média à elevada, potencial produtivo e demais caracteres agrônômicos de interesse. Os valores dos quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) foram superiores à capacidade específica de combinação (CEC) para todos os caracteres estudados, demonstrando maior contribuição dos efeitos gênicos aditivos. A capacidade geral de combinação das linhagens anãs (CD 0827, CD 0985 e UTF 0605) indicou as maiores contribuições para a redução da estatura de planta, em ambas as gerações avaliadas, com destaque para a linhagem UTF 0605. A CGC também indica que os genitores UTF 0605, Safira e BRS Tangará maximizam o número de afilhos férteis por planta (AFPL) e CD 0985 e CD 111 se mostraram efetivos em aumentar o número de grãos por planta (NGE). Os genitores Safira, BRS Tangará, CD 108 e entre as anãs CD 0827 se destacaram com os mais elevados valores quanto a CGC para rendimento de grãos por planta (RGP). Os genitores anões UTF 0605, CD 0985 e CD 0827 são fontes promissoras de genes aditivos para o desenvolvimento de progênies de menor estatura de planta e maior

número de afilhos férteis por planta, grãos por espiga e massa de mil grãos. Os cruzamentos CD 0827 x Safira, UTF 0605 x Safira, CD 0985 x CD 111, CD 0985 x CD 108, UTF 0605 x CD 111, UTF 0605 x BRS Tangará destacaram-se com maiores valores de capacidade específica de combinação para rendimento de grãos, e os dois primeiros foram superiores quando se considera os valores de heterose e heterobeltiose e depressão endogâmica. Os resultados deste estudo demonstram a viabilidade de utilização de linhagens anãs em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L. Estatura de planta. Acamamento. Seleção de genitores.

ABSTRACT

CAPELIN , Marcio Andrei. Heterosis and combining ability in wheat involving sources of dwarfing genes. 83 f. Dissertation (MSc in Agronomy) - Graduate Program in Agronomy (Area of Concentration: Crop Production), Federal Technological University - Paraná. Pato Branco, 2014.

The introduction of Rht genes, mainly from breeding programs in Asia, Europe, United States and Mexico has allowed the advancement of wheat (*Triticum aestivum* L.) to marginal areas considered. In this context, this study aims to evaluate the combining ability, heterosis and heterosis in a 8x8 diallel order to verify the pleiotropic effect (single gene controls several features of the phenotype), in other words, beyond the stature which components of income that are being changed when taller cultivars are crossed with dwarf lines CD 0827, CD 0985 and UTF 0605 provided by national wheat breeding programs. The experiment was conducted in Pato Branco - PR in the 2012 harvest, in a randomized block design with three replications. Hybridizations were performed with eight parents, three of them dwarfs (CD 0827 , CD 0985 and UTF 0605), BRS Pardela, Safira , BRS Tangara, CD 111 and CD 108. The values of the mean squares for GCA were higher than SCA for all traits indicating higher contribution of additive genetic effects. The general combining ability of the dwarf lines (CD 0827 , CD 0985 and UTF 0605) indicated the greatest contributions to the reduction of plant height in both generations evaluated, highlighting the UTF 0605 lineage. The CGC also indicates that UTF 0605, Safira and BRS Tangará parents maximize the number of fertile tillers per plant (NFPP) and CD 0985 , CD 111 were effective in increasing the number of grains per spike (NGS). The Safira, BRS Tangará, CD 108 and CD 0827 between dwarf parents stood out with the highest values for GCA for grain yield per plant (GYP) . The dwarf parents UTF 0605, CD 0985 and CD 0827 are promising sources of additive genes for the development of progenies of lower plant height and increased number of fertile tillers per plant, grains per spike and thousand grain weight. The CD 0827 x Safira, UTF 0605 x Safira, CD 0985 x CD 111, CD 0985 x CD 108, UTF 0605 x CD 111, UTF 0605 x BRS Tangará stood out with higher values of specific combining ability for grain yield, and the first

two were higher when considering the values of heterosis and heterosis and inbreeding depression. The results of this study demonstrate the feasibility of using plant population used in breeding programs.

Keywords: *Triticum aestivum* L., plant height, lodging, parent selection.

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1. ESTIMATIVAS DA CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO DE OITO GENITORES DE TRIGO PARA OITO CARACTERES AGRONÔMICOS NAS GERAÇÕES F1 E F2, OBTIDOS APARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8. UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO - PR, 2013..... 42
- FIGURA 2. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013..... 46
- FIGURA 3. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE MASSA DE MIL GRÃOS, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013. 48
- FIGURA 4. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013..... 50
- FIGURA 5. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE NÚMERO DE ESPIGUETAS POR ESPIGA, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013..... 50
- FIGURA 6. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE NÚMERO DE AFILHOS FÉRTEIS POR PLANTA, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013. 51
- FIGURA 7. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE ESTATURA DE PLANTAS, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013..... 52
- FIGURA 8. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013..... 52
- FIGURA 9. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DA HETEROBELTIOSE E HETEROSE

NAS GERAÇÕES F1 E F2 PARA O CARACTERE COMPRIMENTO DO SEGUNDO ENTRENÓ, OBTIDO A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8 DE TRIGO. \bar{Y} – MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS COM PARTICIPAÇÃO DA CULTIVAR ANÃ. UTFPR, PATO BRANCO – PR, 2013.....53

- FIGURA 10. CORRELAÇÃO ENTRE A MÉDIA DA GERAÇÃO F1 E F2 DE OITO CARACTERES AGRONÔMICOS (A), MASSA MIL GRÃOS F1 E RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA EM F2 (B), NÚMERO DE ESPIGUETAS POR ESPIGA F1 E RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA F2 (C), NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA F1 E RENDIMENTO DE GRÃOS F2 (D). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013.....56
- FIGURA 11. CORRELAÇÃO ENTRE A MASSA DE MIL GRÃOS E O NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA (A), NÚMERO DE ESPIGUETAS POR ESPIGA E NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA (B), ESTATURA E COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO (C), ESTATURA E COMPRIMENTO DO SEGUNDO ENTRENÓ (D), COMPRIMENTO DO SEGUNDO ENTRENÓ E COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO (E) E MASSA DE MIL GRÃOS COM COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO (F). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013.....58
- FIGURA 12. CORRELAÇÃO ENTRE AFILHOS FÉRTEIS POR PLANTA E A HETEROSE PARA ESTATURA (A), NÚMERO DE ESPIGUETAS POR ESPIGA (B), RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA (C) E MASSA DE MIL SEMENTES E HETEROSE PARA RENDIMENTO E GRÃOS/PLANTA (D). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013.60
- FIGURA 13. CORRELAÇÃO ENTRE O COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO E A HETEROSE PARA AFILHOS FÉRTEIS POR PLANTA (A), ESTATURA (B), MASSA DE MIL GRÃOS (C), RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA (D). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013. 61
- FIGURA 14. CORRELAÇÃO ENTRE O COMPRIMENTO DO SEGUNDO ENTRENÓ E A HETEROSE PARA AFILHOS FÉRTEIS/PLANTA (A), ESTATURA (B), NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA (C), RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA (D). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013. 62
- FIGURA 15. CORRELAÇÃO ENTRE A ESTATURA E A HETEROSE PARA AFILHOS FÉRTEIS POR PLANTA (A), MASSA DE MIL GRÃOS (B), NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA (C), RENDIMENTO DE GRÃOS/POR PLANTA (D). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013. 63
- FIGURA 16. CORRELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE ESPIGUETAS POR ESPIGA E A HETEROSE PARA MASSA DE MIL GRÃOS (A), RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA (B), NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA E A HETEROSE PARA MASSA DE MIL GRÃOS (C), RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA (D). UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013. 64
- FIGURA 17. CORRELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE AFILHOS FÉRTEIS E O RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA NOS CRUZAMENTOS COM CD 0827, CD 0985 E UTF 0605 EM F1 (A), EM F2 (B) E CORRELAÇÃO DE TODOS OS CRUZAMENTOS EM F1 E F2 (C). CORRELAÇÃO ENTRE A ESTATURA E O RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA NOS CRUZAMENTOS COM CD 0827, CD 0985 E UTF 0605 EM F1 (D), EM F2 (E) E CORRELAÇÃO DE TODOS OS CRUZAMENTOS EM F1 E F2 (F). UTFPR, CÂMPUS PATO BRANCO, 2013.66

FIGURA 18. CORRELAÇÃO ENTRE O COMPRIMENTO DO PEDÚNCULO E O RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA NOS CRUZAMENTOS COM CD 0827, CD 0985 E UTF 0605 EM F1 (A), EM F2 (B) E CORRELAÇÃO DE TODOS OS CRUZAMENTOS EM F1 E F2 (C). CORRELAÇÃO ENTRE O COMPRIMENTO DO SEGUNDO ENTRE-NÓ E O RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA NOS CRUZAMENTOS COM CD 0827, CD 0985 E UTF 0605 EM F1 (D), EM F2 (E) E CORRELAÇÃO DE TODOS OS CRUZAMENTOS EM F1 E F2 (F). UTFPR, CÂMPUS PATO BRANCO, 2013. 67

FIGURA 19. CORRELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE ESPIGUETAS POR ESPIGA E O RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA NOS CRUZAMENTOS COM CD 0827, CD 0985 E UTF 0605 EM F1 (A), EM F2 (B) E CORRELAÇÃO DE TODOS OS CRUZAMENTOS EM F1 E F2 (C). CORRELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE GRÃOS POR ESPIGA E O RENDIMENTO DE GRÃOS POR PLANTA NOS CRUZAMENTOS COM CD 0827, CD 0985 E UTF 0605 EM F1 (D), EM F2 (E) E CORRELAÇÃO DE TODOS OS CRUZAMENTOS EM F1 E F2 (F). UTFPR, CÂMPUS PATO BRANCO, 2013. 69

LISTA DE TABELAS

- TABELA 1. INFORMAÇÕES TÉCNICAS DOS GENITORES, INCLUINDO GENEALOGIA, OBTENTOR, ESTATURA MÉDIA DE PLANTA E REAÇÃO AO ACAMAMENTO. UTFPR, CÂMPUS PATO BRANCO, 2013.....30
- TABELA 2. QUADRADOS MÉDIOS DA ANÁLISE DE VARIÂNCIA DIALÉLICA PARA AS GERAÇÕES F_1 , F_2 E CONJUNTA OBTIDOS A PARTIR DE UM CRUZAMENTO DIALÉLICO 8X8, PARA UM CONJUNTO DE OITO CARACTERES AGRONÔMICOS DE TRIGO. UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO - PR, 2013.35
- TABELA 3. DESEMPENHO MÉDIO DE OITO GENITORES DE TRIGO E RESPECTIVAS COMBINAÇÕES DIALÉLICAS PARA OITO CARACTERES AGRONÔMICOS DE TRIGO NAS GERAÇÕES F_1 E F_2 . UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013.37
- TABELA 4. ESTIMATIVAS DA CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO PARA OITO CARACTERES AGRONÔMICOS DE TRIGO OBTIDOS A PARTIR DE UM DIALÉLO COMPLETO 8X8, INCLUINDO GENITORES E RESPECTIVAS COMBINAÇÕES. UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO - PR, 2013.44
- TABELA 5. ESTIMATIVAS DA MAGNITUDE DE VALORES DA DEPRESSÃO ENDOGÂMICA OBSERVADA PARA OS GENITORES (MÉDIAS DOS CRUZAMENTOS EM QUE PARTICIPOU) E RESPECTIVAS COMBINAÇÕES HÍBRIDAS, OBTIDAS A PARTIR DE UM DIALÉLO 8X8. UTFPR, CAMPUS PATO BRANCO, 2013.54

LISTA DE SIGLAS

CD	COODETEC
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
Embrapa	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
HMP	Heterose
HPS	Heterobeltiose
MAPA	Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento
MG	Média genitores
DE	Depressão endogâmica
PR	Paraná
QMP	Quadrado médio das progênies
QME	Quadrado médio do erro
USDA	Departamento de Agricultura dos Estados Unidos
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal do Paraná

LISTA DE ABREVIATURAS

AFPL	Afilhos férteis por planta
CEC	Capacidade específica de combinação
CGC	Capacidade geral de combinação
CP	Comprimento do pedúnculo
CSE	Comprimento do segundo entrenó
CV	Coefficiente de variação
EST	Estatura
F1	Primeira geração após o cruzamento
F2	Segunda geração após o cruzamento
GA	Ácido giberélico
MMG	Massa de mil grãos
NEE	Número de espiguetas por espiga
NGE	Número de grãos por espiga
RGP	Rendimento de grãos por planta
RHT	Reduced height

LISTA DE SÍMBOLOS

σ^2_G	Variância genética
σ^2_f	Variância fenotípica
σ^2_e	Variância ambiental
R	Número de repetições
h^2	Herdabilidade
r	Correlação

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	21
2 REVISÃO DE LITERATURA	23
2.1 CULTURA DO TRIGO	23
2.2 ESTATURA DE PLANTA E ACAMAMENTO	23
2.3 PERSPECTIVA HISTÓRICA DOS GENES DE NANISMO	24
2.4 GENES DE NANISMO IDENTIFICADOS	24
2.5 EFEITO DOS GENES DE NANISMO SOBRE A CULTURA DO TRIGO	25
2.6 HERDABILIDADE	27
2.7 HETEROSE	27
2.8 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO	28
3 MATERIAL E MÉTODOS	30
3.1 LOCALIZAÇÃO DO EXPERIMENTO	30
3.2 ESCOLHA DOS GENITORES E OBTENÇÃO DE PROGÊNIES	30
3.3 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO	31
3.4 CARACTERES AVALIADOS	31
3.5 ANÁLISES DOS DADOS	32
4 RESULTADOS E DISCUSSÕES	34
4.1 CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO	40
4.2 CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO	43
4.3 HETEROSE E HETEROBELTIOSE	45
4.4 DEPRESSÃO ENDOGÂMICA	53
4.5 CORRELAÇÕES	55
5 CONCLUSÕES	70
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS	71
REFERÊNCIAS	72

1 INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um alimento básico do povo brasileiro, consumido em diferentes formas como pães, massas alimentícias, bolos e biscoitos. É um dos cereais mais produzido no mundo. No Brasil, o trigo é cultivado nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste.

O lançamento de cultivares de trigo com alto potencial produtivo, está associado à utilização mais intensiva de insumos, o que pode resultar em acamamento de plantas. Quando ocorre na fase de enchimento de grãos, o acamamento compromete a produtividade e a qualidade dos grãos, por limitar a fotossíntese e a translocação de fotoassimilados. No Brasil, genótipos de trigo resistentes ao acamamento passaram a ser extremamente desejáveis, em função da aplicação de maiores doses de nitrogênio nas lavouras, técnica cultural atualmente empregada em grande escala.

Cultivares de trigo de porte mais elevado são mais suscetíveis ao acamamento, principalmente quando implantadas em sistemas de manejo mais intensivos. O acamamento causa impacto negativo na produtividade e qualidade dos grãos do trigo, além de dificultar a colheita mecanizada. Apesar dos problemas causados pelo acamamento, poucos esforços vêm sendo despendidos pelo melhoramento genético do trigo no sentido de identificar genitores (e genes) mais efetivos em função de seus efeitos na redução da estatura e no incremento da produtividade de grãos nas progênes.

A introdução de genes de porte baixo, oriundos principalmente de cruzamentos com linhagens mexicanas, permitiu grandes avanços no potencial de rendimento dos cereais, especialmente de trigo. A redução do porte possibilitou o cultivo destes em locais altamente favoráveis ao seu desenvolvimento, como também a melhoria artificial do ambiente, particularmente através da irrigação e da aplicação de doses elevadas de insumos (STODDART; LOYD, 1986; GOODING et al., 2012). A proteção genética pelo uso de cultivares resistentes ao acamamento é a alternativa mais segura para incremento da produtividade e da qualidade do grão (REBETZKE et al., 2012).

Cultivares com genes de nanismo apresentam comprimento do colmo reduzido, o que é causado pela interrupção na biossíntese do ácido giberélico ou na transdução do sinal do ácido giberélico (WOJCIECHOWSKI et al., 2009). Na cultura

do trigo, os genes Rht1 e Rht2 (Reduced Height Genes) são relatados como os mais efetivos em reduzir a estatura e maximizar o desempenho agrônômico das progênes (REYNOLDS et al, 2001); estes genes podem reduzir a estatura da planta em até 50% em comparação com linhagens isogênicas (KONZAK 1987; LOSKUTOVA 1998).

Os genes Rht1 e Rht2 estão presentes em mais de 70% das cultivares em todo o mundo (EVANS, 1998; CHEN et al, 2012) e em 90% das cultivares lançadas nos estados unidos (GUEDIRA et al., 2010). Boa parte dos cultivares de trigo semi-anão da Europa e Ásia contêm o gene Rht8, introduzido a partir do cultivar Japonês Landrace Akakomugi (BOROJEVIC & BOROJEVIC, 2005).

Há relatos que os rendimentos máximos são obtidos com plantas de estatura intermediária, e que os efeitos específicos dos genes Rht variam de acordo com as combinações genéticas, sendo que genótipos de maior estatura requerem alelos Rht mais potentes para a diminuição da estatura (ALLAN 1989; FISCHER & QUAIL, 1990; RICHARDS, 1992a). Estas observações corroboram com estudos que indicam que o rendimento de grãos pode ser maximizado pela combinação adequada de alelos Rht com genes favoráveis para rendimento de grãos (LAW et al., 1978; CHAPMAN et al., 2007; BERRY et al., 2007).

Estudos com cultivares portadores de genes Rht geralmente envolvem linhagens ou cultivares oriundas da Ásia, Europa, Estados Unidos e México, não adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras. Neste contexto, este trabalho se propõe avaliar a capacidade de combinação, heterose e heterobeltiose afim de verificar o efeito pleiotrópico (único gene controla diversas características do fenótipo), ou seja, além da estatura, quais os componentes de rendimento que estão sendo alterados quando cultivares de maior estatura são cruzados com as linhas anãs CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 disponibilizadas por programas de melhoramento genético nacionais de trigo.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 CULTURA DO TRIGO

A produção mundial de trigo (*Triticum aestivum* L.) é superior a 650 milhões de toneladas por ano, considerada a segunda maior produção de grãos em nível mundial (USDA, 2013). O Brasil concentra sua produção na região Sul do país, a qual é responsável por mais de 90% da produção nacional, (CONAB, 2013). A produção brasileira de trigo representa menos de 50% do consumo interno, que chega, em média, a dez milhões de toneladas por ano, fazendo com que o Brasil seja um dos principais importadores do cereal no mundo.

Viabilizar a produção de trigo é de fundamental importância, não só pela utilização deste na rotação de culturas, mas também por gerar divisas na estação fria do ano. Devido aos riscos e ao alto custo de produção que o cultivo do trigo impõe ao produtor, é necessário desenvolver genótipos e aprimorar manejos que possibilitem maior produtividade, com sustentabilidade.

2.2 ESTATURA DE PLANTA E ACAMAMENTO

Estatuta de planta reduzida é um objetivo fundamental em programas de melhoramento de trigo em todo o mundo (MATHEWS et al., 2006). A elevação do platô de rendimento da cultura do trigo e a sua adaptação a áreas consideradas marginais dependem fundamentalmente do desenvolvimento de genótipos tolerantes ao acamamento (CRUZ et al., 2004; SILVA et al., 2006). Em diversas espécies de importância agrônômica, a redução da estatura resultou em grandes aumentos na produtividade, devido à resistência ao acamamento, índice de colheita e maior eficiência na utilização de recursos do meio ambiente (MILACH; FEDERIZZI 2001; REYNOLDS et al., 2001).

Na maturação, as plantas tornam-se propensas a acamarem principalmente pela ação de chuvas e ventos fortes, o que acarreta na germinação ou apodrecimento do grão, além de dificultar a colheita mecanizada (ZAGONEL et al., 2007; JAMES, 2011). As maiores perdas ocorrem em cultivares de porte elevado durante a fase reprodutiva (antese) (FEDERIZZI et al., 1994; CRUZ et al., 2003). Em

anos chuvosos e regiões de elevada altitude, são maiores as chances de ocorrência de plantas acamadas (CRUZ et al., 2001; TEIXEIRA FILHO et al., 2010).

Apesar do acamamento ser um grande problema para a cultura do trigo, poucos esforços vêm sendo despendidos pelos programas de melhoramento genético no sentido de identificar genitores mais efetivos em função de seus efeitos na redução da estatura e incremento da produtividade de grãos nas progênes.

2.3 PERSPECTIVA HISTÓRICA DOS GENES DE NANISMO

O Japão foi pioneiro em realizar estudos visando o desenvolvimento de cultivares de trigo responsivas ao uso de fertilizantes, sem acamar (DALRYMPLE, 1986). A variedade de trigo Daruma, desenvolvida no Japão por volta do ano 1900, que possui em sua constituição gênica os genes de nanismo Rht1 e Rht2, é considerada uma das primeiras a apresentar porte de planta semi-anão (SIAL et al, 2002). Em 1917, o genótipo de trigo anão Daruma foi hibridado com Fultz (genótipo de trigo exportado dos Estados Unidos para o Japão) e, em 1925, melhoristas japoneses cruzaram Daruma – Fultz com Turquia (um genótipo de trigo Russo). Desta combinação foi selecionado Norin10, que foi disponibilizado para cultivo no Japão em 1935 (HANSON et al., 1982, MILACH; FEDERIZZI 2001).

Pesquisadores americanos usaram intensivamente Norin10 em hibridações. Os cruzamentos entre Norin10 e variedades americanas exigiu anos de intensa seleção até a primeira variedade ser lançada em 1962 (MORRISON; VOGUEL, 1962; REBETZKE et al., 2011). A seleção em progênes do cruzamento entre Norin10 × Brevor14 resultou em plantas com elevado número de perfilhos, alta resistência ao acamamento, altura de planta média e menor comprimento e largura de folha (REITZ, 1968; REBETZKE et al., 2012), definindo um novo padrão de planta.

2.4 GENES DE NANISMO IDENTIFICADOS

Em trigo, há 20 locus Rht (Reduced height) e 25 alelos associados ao hábito de crescimento semi-anão (KONZAK 1987), incluindo 11 alelos encontrados naturalmente, sendo eles: Rht-B1b (Rht1), Rht-D1b (Rht2), Rht-B1c (Rht 3), Rht-B1d, Rht-B1e, Rht-B1f, Rht-D1c (Rht 10), Rht-D1d, Rht8, Rht9 e Rht6. Outros 16 alelos foram obtidos por mutagênese, incluindo Rht-B1g, Rht4, Rht5, Rht7, Rht 11,

Rht12, Rht13, Rht14, Rht15, Rht16, Rht17, Rht18, Rht18, Rht19, Rht20 e Rht21 (ELLIS et al., 2007; BILJANA et al., 2008; WATANABE 2008; HAQUE et al., 2011, CHEN et al. 2012; MENG et al., 2013). Os genes Rht4, Rht6, Rht7, Rht8, Rht9, Rht11 e Rht17 são recessivos; Rht12 é um gene dominante e todos os outros são genes semidominantes (MILACH; FEDERIZZI, 2001). Os genes Rht8 e Rht9 estão presentes em variedades de trigo europeias; Rht15, Rht16, Rht18, Rht19 e Rht20 são efetivos na redução da estatura de planta, entretanto, são pouco utilizados (GALE; YOUSSEFIAN, 1985; KONZAK, 1987; LI et al., 2013).

2.5 EFEITO DOS GENES DE NANISMO SOBRE A CULTURA DO TRIGO

Diversos estudos indicam que o rendimento de grãos pode ser maximizado pela combinação adequada de alelos Rht com genes favoráveis para rendimento de grãos (LAW et al., 1978; CHAPMAN et al., 2007; BERRY et al., 2007). Genótipos de trigo excessivamente baixos ou excessivamente altos são menos produtivos que genótipos de estatura média (BERGER e PLANCHON, 1990). Neste contexto, Richards (1992a) concluiu que o rendimento de grãos não depende da presença de genes de nanismo em si, mas sim de uma estatura ideal para um determinado ambiente.

Os genes de nanismo, além de reduzir a estatura de planta, aumentam o rendimento de grãos e seus componentes: número de espigas por planta, número de espiguetas por espiga, número de grãos por espiga (REYNOLDS et al, 2001; SILVA et al., 2006; CHEN et al., 2012) e afeta positivamente o índice de colheita (NIZAM UDDIN; MARSHALL, 1989; REYNOLDS et al., 2001; ZAPATA et al., 2004). Em contrapartida, alguns estudos demonstram que a introdução de genes de nanismo diminuiu a porcentagem de proteína nos grãos (Fischer; Quail, 1990) e ocasionam decréscimo significativo no peso de grãos (NIZAM UDDIN; MARSHALL, 1989; MIRALLES; SLAFER et al., 1996; ZAPATA et al., 2004).

A produtividade de trigo é maximizada dentro de um intervalo de estatura de 70-100 cm na maioria das regiões tritícolas (RICHARDS, 1992a; FLINTHAM et al., 1997). Os genes Rht1 e Rht2 podem reduzir a altura da planta em até 50% em comparação com uma linhagem isogênica (KONZAK 1987; LOSKUTOVA 1998). Flintham et al., (1997) observaram que os genes Rht1, Rht2 e Rht3 maximizaram a produtividade de grãos em níveis que variaram de 0,20 a 0,76

Kg/m². Resultados semelhantes foram obtidos por Fischer e Quail (1990), que constataram que a utilização de genes de nanismo proporcionou incrementos na produtividade de grãos de até 0,2 kg m² ou 2000 kg ha⁻¹, se comparado com progênies altas.

O gene Rht8 em combinação com Rht-B1b (Rht1) ou Rht-D1b (Rht2) pode resultar em plantas de trigo com estatura entre 70 a 75 cm (ELLIS et al., 2004). Estes genes modulam a fisiologia e a morfologia do trigo, através da diminuição da área foliar e aumento da fotossíntese por unidade de área (GENT; KIYOMOTO, 1997; ELLIS et al., 2007). Outros genes potentes, com efeito pronunciado (> 50% de redução na estatura) são o Rht-D1c (Rht10), presente na cultivar Ai-bian1 (BORNER et al., 1997); esta cultivar possui estatura média de 25,5 cm, sendo a menor estatura já caracterizada em um cultivar de trigo (YANG, et al., 2009) e o gene Rht-B1c (Rht3) presente na cultivar Tom Thumb, entretanto, este último não tem sido explorado em variedades comerciais, embora há relatos que pode contribuir para a melhoraria da produtividade, germinação na espiga e qualidade de panificação (FLINTHAM; GALE 1982).

A maioria dos genes de nanismo podem estar ativos durante todo o ciclo da planta. Os primeiros efeitos destes genes podem ser visto nas primeiras fases de desenvolvimento da planta. Este é o caso do gene Rht3, que provoca uma diminuição acentuada na taxa de síntese da alfa-amilase durante a germinação (FLINTHAM; GALE, 1982; GALE et al., 1987, TANG et al., 2009). A consequência positiva é a redução na germinação pré-colheita. Por provocar extremo nanismo, este gene ficou limitado apenas no melhoramento para germinação em pré-colheita. Um efeito menos pronunciado sobre a expressão da alfa-amilase também é encontrada para Rht1 e Rht2 (REBETZKE et al., 2012).

Diversos estudos indicam que os genes Rht1 e Rht2 têm um efeito positivo sobre o rendimento (GALE; YOUSSEFIAN, 1985; FISCHER; QUAIL, 1990; BORNER et al., 1993; TANG et al., 2009; REBETZKE et al., 2011; REBETZKE et al., 2012). Estes genes apresentam um efeito pleiotrópico positivo na fertilidade de espiguetas e aumento no número de grãos por unidade de área (Gale e Youssefian, 1985; JAMES, 2011; REBETZKE et al., 2011; REBETZKE et al., 2012).

Na presença de genes de nanismo, menos fotoassimilados são necessários para o crescimento do pedúnculo, o que aumenta sua disponibilidade para órgãos reprodutivos (Youssefian et al., 1992), promovendo um aumento na

produtividade de grãos (REBETZKE, et al., 2012). Também, a redução do tamanho das células da folha aumenta a capacidade fotossintética por unidade de área foliar (LECAIN et al., 1989; MORGAN et al., 1990, MAYDUP et al., 2012).

2.6 HERDABILIDADE

A herdabilidade de uma característica infere sobre a extensão pela qual um caráter é passado de uma geração a outra. Altos valores de herdabilidade indicam que há maior probabilidade de ganhos de seleção, uma vez que ha menor influência do ambiente. Para o caráter estatura de planta em trigo, trabalhos demonstram altos valores de herdabilidade (YAO, et al., 2011). Rebetzke et al. (2012), estudando fontes de genes de nanismo, encontraram valores elevados de herdabilidade para estatura de plantas, o que é um indicativo que a seleção para estatura de planta pode ser eficiente em gerações precoces.

No que se refere ao controle genético da estatura da planta em trigo, em presença de genes de nanismo, estudos indicam que a aditividade é o principal componente da variação genética (HABIB; KHAN, 2003), ocorrendo também o efeito de dominância (NAZEER et al., 2004; SALEEM et al., 2005) e menos expressivo o efeito de epistasia (HALLORAN, 1975). Em um estudo mais recente, Yao et al., (2011), verificaram que o efeito gênico de aditividade e a dominância parcial foram mais importante para explicar a variação genética na característica de estatura de plantas em trigo.

2.7 HETEROSE

A heterose é estimada em termos de aumento ou diminuição percentual das médias dos híbridos F1 em relação ao desempenho médio dos genitores (INAMULLAH et al., 2006) e a heterobeltiose em relação à média de desempenho do melhor genitor (HOCHHOLDINGER; HOECKER, 2007; BIRCHLER et al., 2010). Do ponto de vista do melhorista, a heterobeltiose é mais eficaz especialmente em culturas de autopolinização, para os quais o objetivo é encontrar um híbrido superior em relação a um dos genitores (LAMKEY; EDWARDS, 1999). Dependendo do caractere a ser selecionado, tanto heterose positiva quanto negativa

é útil. Geralmente, a heterose positiva é utilizada na seleção para rendimento e seus componentes e a negativa na seleção de genótipos mais precoces e menor estatura de planta (LAMKEY; EDWARDS, 1999; ALAM et al., 2004).

A expressão da heterose é definida por um ou mais mecanismos genéticos: (i) a ação de genes dominantes ou semi-dominantes presente entre os dois genitores, (ii) a interação complementar de genes aditivos dominantes ou recessivos em locus diferentes, interação não-alélica ou epistasia e (iii) interações favoráveis entre dois alelos no mesmo locus, ou seja, intraalelo ou interações interalélicas ou sobredominância (MACKEY, 1976; LIPPMAN e ZAMIR, 2006).

2.8 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO

A escolha de genitores para hibridações tomando como base apenas caracteres fenotípicos e de desempenho individual é insuficiente para assegurar a obtenção de progênes com alto potencial genético, passíveis de seleção. Sendo assim, as metodologias de análise dialélica fornecem estimativas de parâmetros úteis na seleção de parentais para a hibridação e no entendimento dos efeitos gênicos envolvidos na herança dos caracteres (KRYSTKOWIAK et al., 2009).

O método de Griffing (1956) possibilita estimar os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), dependente da concentração de genes predominantemente aditivos, e da capacidade específica de combinação (CEC), que é resultante da concentração de genes de efeito não aditivos (PFANN et al., 2009). Neste sentido, a identificação precoce de híbridos que sejam capazes de produzir progênes superiores através da ação gênica e a existência de heterose é de fundamental importância para o melhorista, pois proporciona avanços para a seleção de combinações genéticas promissoras.

Em trigo, à predominância da ação genética aditiva (Dhonde et al., 2000; Bertan et al., 2009), não aditiva (Menon; Sharna, 1997; Krystkowiak et al., 2009) e a presença de ambas em proporções semelhantes (Hasnain et al., 2006; Topal et al., 2004; Yang et al., 2006) para caracteres de importância agrônômica tem sido relatada por diversos autores. Os genes de nanismo Rht4, Rht5, Rht6, Rht7, Rht8, Rht9, Rht12, Rht13, Rht14 e Rht18 que, individualmente, provocariam um menor efeito na estatura da planta, quando combinados, também podem reduzir

consideravelmente a estatura de planta (BEHAREV et al., 1998; LOSKUTOVA, 1998; ELLIS et al., 2004).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LOCALIZAÇÃO DO EXPERIMENTO

O experimento foi conduzido na Estação Experimental do Curso de Agronomia da UTFPR, Campus Pato Branco, estando situada a 26° de latitude Sul e 52° de longitude Oeste, apresentando a altitude média de 700 metros acima do nível do mar e encontrando-se na zona tritícola F (IAPAR, 2011). O clima é classificado como Cfa – clima subtropical úmido mesotérmico (MAAK, 1968). O solo pertence à unidade de mapeamento LVdf2 - Latossolo Vermelho distroférico textura argilosa e relevo ondulado (BHERING, et al., 2008).

3.2 ESCOLHA DOS GENITORES E OBTENÇÃO DE PROGÊNIES

Para a realização das hibridações foram utilizados oito genitores, três deles anões (CD 0827, CD 0985 e UTF 0605), sendo os dois primeiros disponibilizados pelo Programa de Melhoramento Genético da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (COODETEC) e o terceiro desenvolvido na Universidade Tecnológica Federal do Paraná, em Pato Branco. Os demais genitores (BRS Pardela, Safira, BRS Tangará, CD 111 e CD 108) foram escolhidos por apresentarem estatura de planta média e elevada, potencial produtivo e demais caracteres agrônômicos de interesse (Tabela 1).

Tabela 1. Informações técnicas dos genitores, incluindo genealogia, obtentor, estatura média de planta e reação ao acamamento. UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2013.

Genótipos	Genealogia	Obtentor	Estatura (cm)	Reação ao acamamento
CD 0827	IPR 85/OC989	Linhagem Coodetec	61	R*
CD 0985	CD105/BRS220	Linhagem Coodetec	48	R*
UTF 0605	OR1 X EMBRAPA 16	Linhagem UTFPR	43	R*
CD 108	TAM200 / TURACO	COODETEC	70	R*
CD 111	EMBRAPA 27/OCEPAR 18 // ANAHUAC 75	COODETEC	85	MR*
BRS Tangará	BR 23*2/PF 940382	Embrapa	83	MS*
BRS Pardela	BR 18 / PF 9099	Embrapa	72	MS*
Safira	PF9099/OR-1//GRANITO	OR/Biotrigo Genética	79	MS*

* R = Resistente; MR = Moderadamente resistente; MS = Moderadamente suscetível.

Em maio de 2011, os oito genitores foram semeados em cinco épocas

distintas, em intervalos de 10 dias. Os oito genitores foram cruzados em forma de dialelo completo, sem os recíprocos, totalizando 28 combinações híbridas. Ainda no ano de 2011 uma amostra das sementes F₁ de cada cruzamento foi semeada em casa de vegetação visando o avanço para a geração F₂. As sementes remanescentes foram armazenadas em condições controladas.

3.3 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO

Na safra agrícola de 2012 as 28 combinações híbridas F₁, F₂ e os genitores foram semeados a campo em delineamento de blocos ao acaso com três repetições totalizando 84 parcelas experimentais. As parcelas experimentais foram compostas de 80 plantas para os híbridos F₂ e 20 plantas para os genitores e híbridos F₁, sendo espaçadas em 10 cm entre plantas e 30 cm entre linhas. A adubação de base foi 300 kg ha⁻¹ da formulação de NPK (8-20-20) e 80 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de uréia (45% de N), aplicado em cobertura no início do perfilhamento (Z 2.2 da escala Zadocks) (ZADOKS, 1974). O controle de plantas daninhas, pragas e doenças foi efetuado de acordo com as recomendações técnicas da cultura do trigo (COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO E TRITICALE, 2010).

3.4 CARACTERES AVALIADOS

Nos genitores e híbridos (F₁ e F₂) foram avaliados os seguintes caracteres: estatura de planta (EST), sendo realizado 30 dias após a antese, período o qual não há mais crescimento da planta (SPIERTZ et al., 1971), medido pelo comprimento do colmo, em centímetros, desde a superfície do solo até o ápice da inflorescência, excluindo as aristas; comprimento do pedúnculo (CP), avaliado com uma régua com aproximação de 0,1 cm, medindo-se do último nó até a base da espiga; comprimento do segundo entre nó (CSE), medindo a partir do segundo ao terceiro nó; número de afilhos férteis por planta (AFPL), contando individualmente os afilhos férteis de cada planta; número de espiguetas por espiga (NEE), contando o número de espiguetas da espiga principal de cada planta; número de grãos por espiga (NGE), contando o número total de grãos; massa de mil grãos (MMG), em

gramas e, rendimento de grãos por planta (RGP), em gramas, obtido pela pesagem da produção de grãos das plantas, trilhadas individualmente.

3.5 ANÁLISES DOS DADOS

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

A heterose foi obtida em relação à média dos genitores:

$$H_{MP} = \frac{\bar{F}_1 - \overline{MG}}{\overline{MG}} * 100$$

e ao genitor superior, denominada de heterobeltiose:

$$H_{PS} = \frac{\bar{F}_1 - \overline{GS}}{\overline{GS}} * 100$$

onde: H_{MP} é a estimativa da heterose em relação à média dos genitores; \bar{F}_1 é a média do híbrido; \overline{MG} é a média dos genitores; H_{PS} é a estimativa da heterobeltiose; e, \overline{GS} é a média do genitor superior (GARDNER and EBERHART, 1966). A significância dos valores da heterose e heterobeltiose foram verificadas por meio do teste "t", a 5% de probabilidade de erro. O cálculo da depressão endogâmica considerou o desempenho médio dos híbridos em ambas as gerações, através da fórmula:

$$DE = \frac{\bar{F}_1 - \bar{F}_2}{\bar{F}_1} * 100$$

onde, DE = depressão endogâmica ou perda de vigor em porcentagem, \bar{F}_1 = média do caráter na geração F₁ e \bar{F}_2 = média do caráter na geração F₂.

A variância genética foi obtida pela divisão dos quadrados médios das progênes pelo quadrado médio do erro e posterior divisão pelo número de repetições:

$$\sigma^2_G = \left(\frac{QMP}{QMR} \right) / r$$

A herdabilidade no sentido amplo foi calculada pela divisão da variância genotípica pela variância fenotípica

$$h^2 = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_f}$$

Também foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres agrônômicos e as estimativas genéticas de heterose, heterobeltiose e depressão endogâmica com auxílio do programa computacional estatístico Genes (CRUZ et al., 2006).

A comparação de médias dos tratamentos foi realizada pelo teste de agrupamento de Scott e Knott (SCOTT; KNOTT, 1974) em nível de 5% de probabilidade de erro, comparando primeiramente genitores e F1 e posteriormente genitores e F2. As associações entre os diferentes caracteres e gerações com a capacidade geral e específica de combinação, heterose e heterobeltiose foram estimadas através de análises de correlação de Pearson (STEEL; TORRIE, 1980).

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

A análise da variância do modelo de Griffing (1956) conjunta e para as gerações F1 e F2 (Tabela 2) revelou que houve efeito significativo de genótipos para todos os caracteres avaliados, indicando que os genitores e suas respectivas combinações híbridas são contrastantes. Esses resultados corroboram com Mahboob et al., (2002), que avaliou o efeito de genes Rht sobre o rendimento de grãos. Os baixos coeficientes de variação (C.V.) observados atestam a qualidade experimental e confiabilidade das inferências testadas.

As análises individuais das gerações F1 e F2 (Tabela 2) e conjunta apresentaram efeito significativo com capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) para todos os caracteres avaliados, com exceção dos caracteres afilhos férteis por planta (AFPL) e número de espiguetas por espiga (NEE) na análise conjunta e do NEE nas gerações F1 e F2 para CEC, indicando que tanto efeitos gênicos aditivos quanto não aditivos estão controlando a manifestação dos caracteres estudados (JOSHI et al., 2004; BERTAN et al., 2009) e que as considerações a cerca das capacidades de combinação devem ser efetuadas para cada geração.

Os valores dos quadrados médios da CGC foram superiores a CEC para todos os caracteres estudados demonstrando maior contribuição dos efeitos gênicos aditivos, o que é consenso na maior parte dos estudos com a cultura do trigo (BASTOS et al., 2003; HALL; VAN SANFORD, 2003; LORENCETTI et al., 2005; DAĞÜSTÜ, 2008; BERTAN et al., 2009), entretanto, Jain e Rathore (1985) encontraram variância CEC maior que a CGC, indicando predominância de genes não-aditivos (dominância e epistasia).

As variações genotípicas estimadas (σ^2_G) para genitores e híbridos foram significativamente maiores do que zero para todos os caracteres ($p < 0,01$) e sempre superior as variações ambientais (σ^2_i), o que mostra pouco efeito do ambiente (Tabela 2). Os genitores, híbridos F1 e F2 apresentaram σ^2_G semelhante para todas as características, exceto para a estatura de planta (EST), concordando com os resultados relatados por Gowda et al., (2010). As estimativas de herdabilidade (h^2) foram elevadas, variando 0,77-0,99, demonstrando que a maior proporção de expressão fenotípica de características dos genitores e híbridos é genética.

Tabela 2. Quadrados médios da análise de variância dialélica para as gerações F₁, F₂ e conjunta obtidos a partir de um cruzamento dialélico 8x8, para um conjunto de oito caracteres agrônômicos de trigo. UTFPR, Campus Pato Branco - PR, 2013.

Caracteres	Quadrados médios da análise de variância dialélica								
	Genótipo (GL=35)	CGC (GL=7)	CEC (GL=28)	Erro (GL=140)	Média	CV(%)	σ^2_G	σ^2_e	h^2
Análise de variância dialélica conjunta									
AFLP ¹	40,32*	155,30*	11,58 ^{ns}	0,71	15,87	7,39	5,49	1,31	0,86
NEE	15,58*	71,20*	1,67 ^{ns}	0,24	19,57	3,36	2,42	0,10	0,95
EST (cm)	921,50*	4335,8*	67,90	0,19	71,95	2,34	151,44	3,68	0,98
CP (cm)	59,01*	250,91*	11,04*	0,02	15,24	6,07	9,76	0,47	0,96
CSE (cm)	19,54*	85,47*	3,05*	0,00	14,21	5,94	6,06	0,19	0,96
NGE	315,62*	757,16*	205,23*	0,03	55,55	2,38	44,94	10,87	0,88
MMG (g)	104,84*	311,13*	53,26*	0,05	35,56	2,91	16,34	3,95	0,88
RGP (g)	27,69*	69,20*	17,31*	0,00	12,42	5,34	3,62	1,99	0,77
Análise de variância dialélica da geração F ₁									
AFLP	21,21*	70,96*	8,77*	1,36	15,36	7,46	6,08	0,43	0,93
NEE	8,47*	36,11*	1,56 ^{ns}	0,05	19,64	3,16	2,62	0,12	0,95
EST (cm)	473,59*	2259,9*	27,00*	0,33	70,61	2,36	156,71	0,93	0,99
CP (cm)	30,53*	124,97*	6,92*	0,03	15,06	5,90	10,22	0,26	0,97
CSE (cm)	17,59*	77,26*	2,67*	0,00	13,64	5,54	5,31	0,19	0,96
NGE	190,82*	445,50*	127,15*	0,01	54,85	2,51	60,93	0,63	0,98
MMG (g)	68,04*	203,26*	34,23*	0,11	35,95	2,92	23,62	0,37	0,98
RGP (g)	19,55*	42,99*	13,69*	0,00	13,16	5,12	6,38	0,15	0,97
Análise de variância dialélica da geração F ₂									
AFLP	25,38*	87,92*	9,75*	0,05	16,37	7,32	7,52	0,47	0,94
NEE	8,05*	35,29*	1,24 ^{ns}	0,43	19,50	3,53	2,42	0,15	0,93
EST (cm)	461,59*	2083,4*	56,13*	0,05	73,30	2,33	153,55	0,97	0,99
CP (cm)	30,91*	127,05*	6,88*	0,01	15,41	6,22	10,25	0,30	0,97
CSE (cm)	23,40*	95,23*	5,45*	0,00	14,79	6,26	7,18	0,28	0,96
NGE	157,60*	335,12*	113,22*	0,00	56,24	2,24	50,69	0,53	0,98
MMG (g)	49,53*	124,94*	30,68*	0,00	35,17	2,90	16,98	0,35	0,97
RGP (g)	14,73*	30,67*	10,74*	0,00	11,68	5,59	4,85	0,14	0,97

Análise de variância dialélica. ¹AFLP: filhos férteis por planta; NEE: número de espiguetas por espiga; EST: estatura de planta; CP: comprimento do pedúnculo; CSE: comprimento do segundo entre nó; NGE: número de grãos por espiga; MMG: massa de mil grãos; RGP: rendimento de grãos por planta; GL: graus de liberdade; CGC: capacidade geral de combinação; CEC: capacidade específica de combinação; CV: coeficiente de variação (%); σ^2_G : variância genotípica; σ^2_e : variância ambiental; h^2 : herdabilidade no sentido amplo.

Os alelos Rht alteram a estatura de planta e o dossel influenciando a adaptação em diferentes ambientes de cultivo. Estes genes contribuem para a redução do acamamento e maior particionamento de fotoassimilados para espigas,

podendo aumentar o número de grãos, a massa de mil grãos, índice de colheita e rendimento de grãos.

Com base na comparação de médias dos híbridos e seus respectivos genitores (Tabela 03), observa-se que os genitores Safira e BRS Tangará se destacam com as maiores médias para AFPL, no qual as combinações tanto em F1 quanto em F2 refletem a superioridade deste genótipo em transmitir aos seus híbridos alelos favorável para este caractere. Mahboob et al. (2002) encontram genótipos com estatura próxima a 95 centímetros com presença do gene Rht1 produziram um número significativamente maior de afilhos férteis por planta e, conseqüentemente, elevando a produção de grãos / planta. O genitor UTF 0605 (anão) mesmo não obtendo elevados valores, também gerou híbridos com elevadas médias para AFPL.

Para os caracteres NEE e NGE se destacam os genitores CD 0985 (anã), BRS Tangará e CD 111 os quais se situaram no mesmo agrupamento de Scott e Knott com os melhores resultados. O genitor BRS Tangará apresentou resultados positivos em outros trabalhos (BENIN et AL., 2009). Pinthus e Levy (1983) relataram que a presença de genes Rht1 e Rht2 não causaram aumento de grãos por espiga e os genótipos de maior estatura tiveram maior número médio de grãos por espiga. Mahboob et al., (2002) verificou que genótipos de menor estatura possuíam significativamente maior número de espiguetas e de grãos/espiga, o que resultou em maior rendimento de grãos. Estes resultados sugerem que tanto plantas de menor quanto de maior estatura, podem produzir elevados rendimentos.

Tabela 3. Desempenho médio de oito genitores de trigo e respectivas combinações dialélicas para oito caracteres agrônômicos de trigo nas gerações F1 e F2. UTFPR, Campus Pato Branco, 2013.

GENITORES	Caracteres Agrônômicos															
	AFPL		NEE		EST (cm)		CP (cm)									
CD 0827	11,2	e	11,2	e	18,6	e	18,6	e	60,1	h	60,1	i	10,8	e	10,8	g
CD 0985	9,5	f	9,5	f	24,6	a	24,6	a	49,2	j	49,2	k	9,1	f	9,1	h
UTF 0605	15,5	d	15,5	d	17,8	e	17,8	e	43,1	l	43,1	m	8,2	f	8,2	h
PARDELA	15,8	c	15,8	d	18,8	d	18,8	d	73,1	e	73,1	f	17,1	b	17,1	c
SAFIRA	21,0	a	21,0	a	19,3	d	19,3	d	80,6	c	80,6	d	14,5	c	14,5	e
TANGARA	18,7	b	18,7	b	22,2	b	22,2	b	83,9	c	83,9	c	19,4	a	19,4	b
CD 111	12,6	e	12,6	e	20,8	c	20,8	c	85,3	b	85,3	b	15,7	b	15,7	d
CD 108	16,6	c	16,6	c	17,7	e	17,7	e	70,8	f	70,8	f	16,1	b	16,1	d
Média geral	15,1		20,0		68,3		13,9									
Populações	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2				
1 x 2	12,1	e	14,1	d	21,1	c	21,8	b	61,2	h	65,3	h	13,4	d	14,6	e
1 x 3	13,4	d	16,6	c	18,1	e	17,8	e	50,7	j	52,1	j	11,3	e	11,5	f
1 x 4	11,8	e	11,6	e	17,8	e	18,3	e	69,8	f	73,7	e	13,8	c	15,9	d
1 x 5	15,1	d	17,5	c	18,4	e	18,8	d	79,5	c	81,5	d	14,6	c	16,2	d
1 x 6	14,8	d	13,8	d	20,3	c	19,3	d	81,2	c	79,8	d	18,5	a	16,0	d
1 x 7	12,8	e	14,3	d	19,8	d	19,3	d	73,4	e	80,3	d	14,4	c	16,3	d
1 x 8	14,3	d	14,5	d	18,9	d	17,9	e	71,4	f	75,0	e	17,8	b	15,6	d
2 x 3	17,9	b	16,5	c	20,7	c	19,9	d	45,9	k	47,0	l	9,2	f	7,7	h
2 x 4	13,9	d	13,9	d	20,4	c	20,8	c	70,6	f	70,0	g	16,8	b	15,3	d
2 x 5	14,0	d	14,8	d	20,9	c	20,8	c	72,4	e	75,5	e	12,6	d	14,4	e
2 x 6	16,8	c	13,8	d	22,9	b	22,0	b	69,8	f	71,8	f	14,2	c	15,5	d
2 x 7	13,8	d	14,9	d	21,3	c	21,5	b	69,8	f	72,1	f	12,6	d	14,1	e
2 x 8	13,7	d	14,4	d	20,3	c	19,9	d	65,1	g	64,5	h	12,7	d	13,6	e
3 x 4	16,2	c	16,3	c	17,9	e	17,8	e	56,7	i	63,0	h	14,8	c	13,8	e
3 x 5	18,1	b	22,3	a	18,6	e	19,4	d	58,9	h	66,9	g	12,8	d	13,6	e
3 x 6	21,0	a	17,0	c	18,4	e	17,8	e	60,8	h	62,7	h	13,2	d	13,2	e
3 x 7	18,1	b	20,4	a	17,7	e	18,9	d	60,2	h	67,8	g	13,3	d	13,3	e
3 x 8	16,8	c	18,5	b	18,2	e	16,8	e	54,8	i	67,5	g	11,7	e	13,5	e
4 x 5	18,2	b	18,5	b	18,4	e	18,2	e	81,2	c	87,6	b	17,3	b	18,5	b
4 x 6	17,0	c	19,1	b	19,5	d	20,0	d	81,9	c	86,2	b	19,7	a	19,6	b
4 x 7	14,2	d	17,0	c	21,8	c	19,3	d	80,1	c	83,9	c	17,0	b	19,4	b
4 x 8	15,1	d	17,7	c	18,0	e	19,0	d	76,5	d	81,5	d	17,8	b	19,7	b
5 x 6	14,9	d	19,1	b	20,7	c	20,3	c	89,1	a	90,5	a	19,2	a	19,5	b
5 x 7	17,1	c	15,9	d	19,3	d	19,5	d	86,4	b	87,0	b	18,9	a	17,4	c
5 x 8	17,1	c	19,9	b	17,8	e	18,2	e	80,8	c	81,5	d	16,8	b	17,7	c
6 x 7	14,8	d	16,4	c	20,2	c	20,8	c	88,8	a	92,3	a	20,5	a	21,3	a
6 x 8	15,3	d	19,3	b	18,8	d	18,8	d	80,9	c	84,1	c	18,9	a	18,6	b
7 x 8	13,5	d	16,9	c	18,4	e	18,5	e	79,4	c	81,2	d	17,7	b	16,8	c
Média geral	15,4		16,6		19,4		19,3		71,3		74,7		15,4		15,8	

...Continuação tabela 3

GENITORES	Caracteres Agronômicos															
	CSE (cm)				NGE				MMG (g)				RGP			
CD 0827	12,0	f	12,0	e	56,3	d	56,3	d	40,7	b	40,7	b	11,2	f	11,2	d
CD 0985	9,0	g	9,0	f	68,7	a	68,7	a	35,3	e	35,3	e	7,0	i	7,0	g
UTF 0605	9,6	g	9,6	f	62,9	b	62,9	c	27,2	h	27,2	h	8,5	h	8,5	f
PARDELA	14,8	c	14,8	c	70,0	a	70,0	a	35,1	e	35,1	e	15,0	c	15,0	b
SAFIRA	16,3	b	16,3	c	48,3	g	48,3	h	25,2	i	25,2	i	10,3	g	10,3	e
TANGARA	14,9	c	14,9	c	63,5	b	63,5	c	34,7	e	34,7	e	16,1	b	16,1	a
CD 111	15,5	c	15,5	c	68,5	a	68,5	a	29,3	g	29,3	g	12,2	f	12,2	c
CD 108	15,4	c	15,4	c	50,2	g	50,2	g	31,7	f	31,7	f	16,4	b	16,4	a
Média geral	13,4				61,0				32,4				12,1			
Populações	F1		F2		F1		F2		F1		F2		F1		F2	
1 x 2	11,3	f	12,5	e	58,5	d	65,8	b	41,7	b	34,3	e	10,4	g	8,7	f
1 x 3	9,5	g	10,0	f	43,8	i	55,6	d	34,0	e	37,3	d	8,6	h	13,3	c
1 x 4	13,3	e	14,0	d	46,5	h	52,2	f	45,3	a	42,3	b	13,2	e	12,6	c
1 x 5	15,7	b	16,0	c	57,5	d	60,5	c	37,0	d	38,7	c	16,1	b	14,7	b
1 x 6	13,9	d	15,1	c	49,4	g	52,2	f	47,3	a	45,3	a	15,3	c	13,1	c
1 x 7	14,6	c	15,5	c	55,3	d	53,1	f	34,3	e	36,0	e	15,3	c	11,1	d
1 x 8	14,7	c	15,7	c	51,3	f	49,7	g	40,3	b	39,3	c	13,0	e	11,3	d
2 x 3	9,1	g	9,2	f	48,4	g	50,5	g	31,3	f	34,7	e	9,4	h	9,5	f
2 x 4	13,5	d	13,5	d	57,7	d	61,6	c	37,7	c	34,7	e	10,2	g	10,8	e
2 x 5	13,9	d	15,2	c	61,5	c	56,5	d	31,0	f	30,0	g	14,5	d	8,9	f
2 x 6	12,5	e	13,9	d	57,5	d	62,1	c	39,0	c	40,0	c	11,7	f	7,3	g
2 x 7	13,0	e	14,3	d	69,9	a	70,7	a	33,0	e	35,7	e	13,7	d	11,6	d
2 x 8	12,0	f	13,5	d	54,9	d	58,8	d	35,0	e	34,0	e	13,8	d	11,2	d
3 x 4	11,4	f	11,5	e	50,9	f	54,1	e	36,0	d	33,0	f	14,2	d	9,5	f
3 x 5	11,6	f	13,9	d	51,5	f	51,9	f	33,3	e	30,3	g	16,0	b	13,1	c
3 x 6	12,4	e	12,8	e	44,5	i	49,3	g	37,7	c	38,0	d	15,1	c	14,6	b
3 x 7	12,8	e	15,1	c	53,9	e	52,2	f	32,0	f	32,3	f	13,9	d	12,8	c
3 x 8	11,2	f	13,1	d	44,3	i	37,7	i	36,7	d	41,3	b	14,5	d	11,4	d
4 x 5	16,7	b	17,9	b	57,1	d	50,1	g	36,3	d	35,0	e	16,5	b	12,5	c
4 x 6	14,8	c	14,8	c	47,4	g	46,8	h	37,7	c	35,0	e	12,9	e	11,2	d
4 x 7	15,2	c	17,2	b	61,6	c	58,1	d	35,0	e	33,0	f	11,6	f	10,3	e
4 x 8	13,3	e	16,0	c	38,5	j	54,7	e	46,0	a	36,3	d	12,0	f	13,5	c
5 x 6	16,1	b	18,5	b	53,8	e	52,6	f	36,3	d	37,0	d	13,7	d	12,2	c
5 x 7	17,0	a	18,6	b	59,8	c	57,7	d	30,3	g	34,3	e	14,3	d	11,7	d
5 x 8	14,7	c	17,1	b	46,1	h	56,7	d	36,7	d	31,7	f	17,8	a	13,5	c
6 x 7	17,9	a	20,2	a	56,3	d	57,1	d	39,3	c	36,0	e	14,3	d	10,5	e
6 x 8	16,1	b	18,5	b	48,7	g	53,1	f	42,0	b	38,7	c	12,4	f	10,1	e
7 x 8	16,5	b	18,2	b	56,4	d	54,1	e	38,3	c	38,0	d	15,1	c	11,8	d
Média geral	13,7		15,1		53,0		54,8		37,2		36,2		13,5		11,5	

Comparação de médias dos tratamentos realizada pelo teste de agrupamento de Scott e Knott.
¹AFLP: afilhos férteis por planta; NEE: número de espiguetas por espiga; EST: estatura de planta; CP: comprimento do pedúnculo; CSE: comprimento do segundo entre nó; NGE: número de grãos por

espiga; MMG: massa de mil grãos; RGP: rendimento de grãos por planta. Valores seguidos pela mesma letra minúscula, na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade de erro ($p < 0,05$).

O comprimento do colmo pode ser controlado tanto por poligenes quanto por genes Rht. Relações genótípicas positivas entre comprimento do colmo e o rendimento de grãos de diferentes genes Rht têm sido frequentemente relatados (PINTHUS et al., 1987; BEHAREV et al., 1988; DAOURA et al., 2013). Os genitores CD 111, BRS Tangará e Safira proporcionaram as maiores médias para EST nos cruzamentos que participaram. Dentre as linhas anãs, CD 0827 proporcionou a maior média para EST, CP e CSE. O genitor anão UTF 0605 foi mais efetivo em diminuir a EST nos cruzamentos em que participou, resultando em plantas menores de 70 cm. Robbins et al., (2009) relataram uma redução média de estatura de 10 cm (15%) para linhas contendo o alelo Rht8 em relação a linhas isogênicas.

A combinação de um ou mais genes Rht pode resultar em diferentes estaturas de planta. Rebetzke et al., (2012) verificou que a presença dos genes Rht-B1b ou Rht-D1b resultou em uma redução média de 17% na estatura das plantas, com conseqüente aumento na resistência ao acamamento (STAPPER; FISCHER, 1990, BERRY et al., 2007).

O genitor CD 0827 (anão) apresentou elevada média para MMG (acima de 40g), e transmitiu essa característica para os cruzamentos onde esteve presente, destacando-se CD 0827 x BRS Tangará com médias acima de 45g nas gerações F1 e F2. Os genitores CD 108, BRS Tangará e BRS Pardela apresentaram as maiores médias de RGP (16g; 16g; 15g; respectivamente). Dentre as linhagens nanicas CD 0827, apresentou a maior média de RGP (11g). Gale e Youssefian (1985), Richards (1992), Beharev et al., (1998) e Mahboob et al., (2002) observaram que estatura de planta muito reduzida, devido ao efeito de genes Rht, podem resultar em menor rendimento de grãos.

O RGP na geração F1 foi superior em relação à geração F2 para 22 cruzamentos, demonstrando que a recombinação gênica com o avanço da geração proporcionou depressão endogâmica. O cruzamento UTF 0605 x BRS Tangará manteve elevada a média de RGP nas duas gerações. Os cruzamentos CD 0827 x Safira (F1: 16g; F2: 15g); CD 0827 x BRS Tangará (F1: 15g; F2: 13g); UTF 0605 x Safira (F1: 16g; F2: 13g); UTF 0605 x BRS Tangará (F1: 15g; F2: 15g); BRS Pardela x Safira (F1: 17g; F2: 12g); Safira x CD 108 (F1: 18g; F2: 14g) apresentaram as

maiores médias de RGP em ambas as gerações avaliadas. Destacaram-se os cruzamentos BRS Pardela x Safira (17g); Safira x CD 108 (18g) na geração F1 e CD 0827 x Safira (15g); UTF 0605 x BRS Tangará (15g) na geração F2. As linhagens CD 0827 e UTF 0605, além de reduzirem a estatura de planta, estão presentes em cruzamentos com elevado RGP.

Os benefícios da redução da estatura são maiores em ambientes favoráveis (Butler et al., 2005; Chapman et al., 2007) e tipicamente nos quais a altura das plantas se encontram em torno de 70 a 100 cm (RICHARDS, 1992a; FLINTHAM et al., 1997). Vários autores (Richards, 1992a; Chapman et al., 2007) demonstram que o benefício dos genes de nanismo varia de acordo com o ambiente e o genótipo onde estão inseridos. Genótipos semi-anões se destacam em ambientes sem estresses com um melhor desempenho e maior rendimento. Genótipos de maior estatura possuem vantagens sobre genótipos semi-anões em ambientes menos favoráveis, incluindo ambientes limitados por baixa pluviosidade e temperaturas elevadas (RICHARDS, 1992a; BUTLER et al., 2005).

4.1 CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO

As maiores chances de se obter sucesso na recuperação de linhagens endogâmicas superiores é com a utilização de genitores com elevada CGC (JOSHI et al., 2004). Neste estudo foi possível identificar genitores mais efetivos para diversas características. Quando se busca baixa EST, CP e CSE, CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 apresentaram baixos valores de CGC (FIGURA 01).

Os alelos Rht-B1b (Rht1) e Rht-D1b (Rht2) reduzem o comprimento dos entrenós e, conseqüentemente, a altura da planta através da diminuição na sensibilidade dos tecidos vegetativos à giberelina endógena. Embora estes alelos reduzam todos os entrenós na mesma quantidade relativa, a maior redução é no pedúnculo (HOOGENDOORN et al., 1990; REBETZKE et al., 2012). Um pedúnculo menor exige relativamente menos fotoassimilados para o alongamento, assim, libera-se maior quantidade de energia para o sistema reprodutivo (Youssefian et al., 1992) aumentando o potencial de rendimento por unidade de área.

Os genitores UTF 0605 (F1: 1,19 e F2: 0,89), Safira (F1: 1,92 e F2: 2,50) e BRS Tangará (F1: 1,56 e F2: 1,07) são indicados quando se busca elevado AFPL. CD 0985 e CD 111 se mostraram efetivos em aumentar o NEE (F1: 2,10; F2: 2,05 e

F1: 0,46 e F2: 0,51 respectivamente) e NGE (F1: 5,29; F2: 5,79 e F1: 5,90 e F2: 3,49 respectivamente). Para se obter genótipos com maior MMG é indicado os genitores CD 0827 (F1: 3,59 e F2: 3,59) e BRS Tangará (F1: 2,24 e F2: 2,09) (FIGURA 1). Börner et al., (1993) estudando os efeitos pleiotrópicos dos genes Rht1, Rht2, Rht3, Rht1+2, Rht2+3 demonstrou que, em três anos de estudo, ocorreu um maior número de grãos por espiga acompanhado por um menor peso de grãos, e dependendo das condições climáticas, o aumento do número de grãos foi suficiente para compensar a redução do tamanho do grão e resultou em rendimentos mais elevados. A variabilidade de resultados quanto ao NGE e MMG apresentada pelos genitores indica a possibilidade de aliar elevado peso e número de grãos, com uma estatura adequada de planta.

A amplitude dos valores de CGC para RGP (-2,17 a 1,33) são similares aos observados por Dreisigacker et al (2005), que variaram de -0,92 a 0,92. Na média das duas gerações os genitores Safira (F1: 1,17 e F2: 0,35), BRS Tangará (F1: 0,70 e F2: 0,56) e CD 108 (F1: 1,33 e F2: 1,04) e CD 0827 dentre as linhagens nanicas se destacaram com valores mais quanto a CGC para RGP (FIGURA 1).

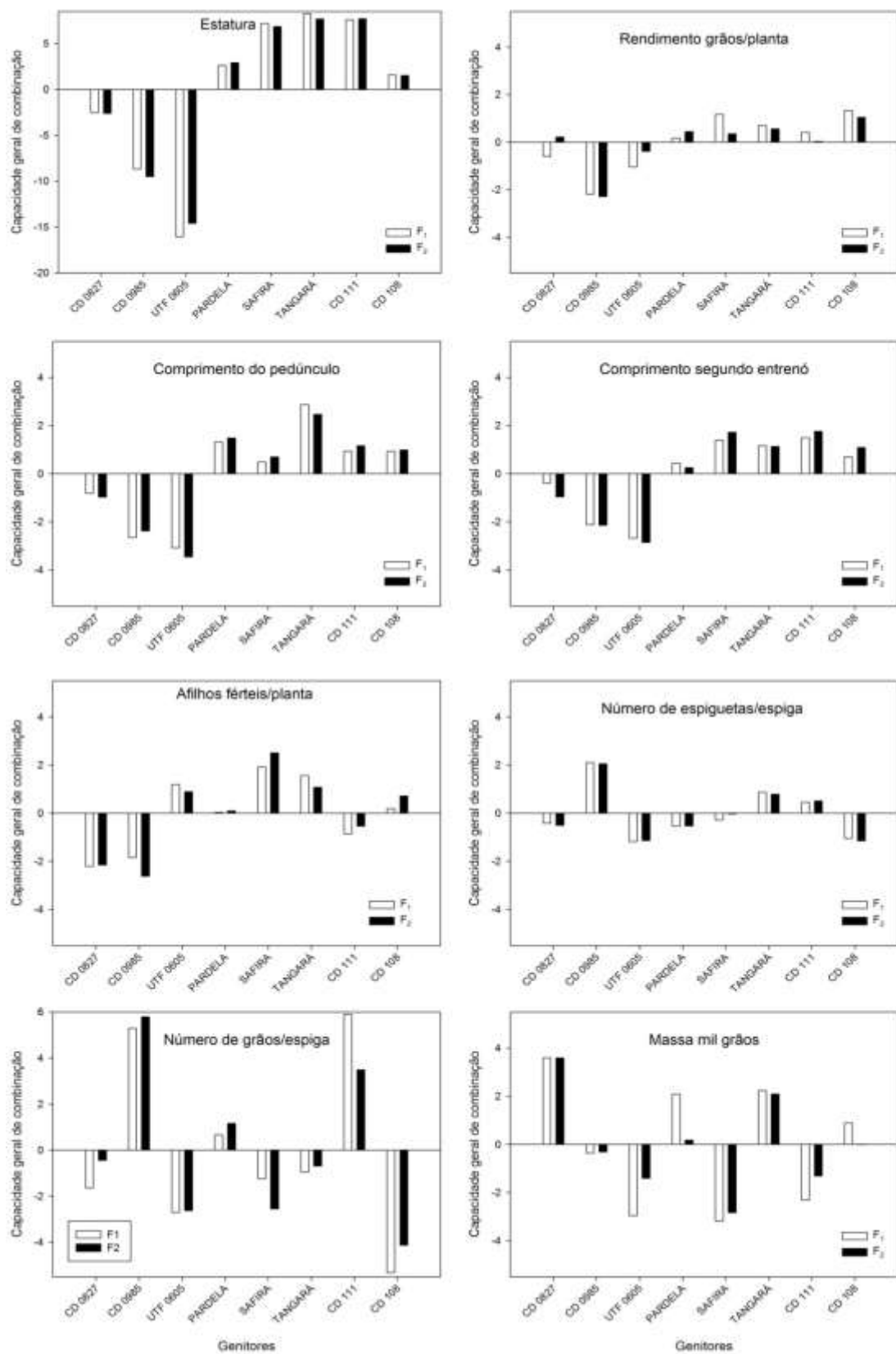


Figura 1. Estimativas da capacidade geral de combinação de oito genitores de trigo para oito caracteres agrônômicos nas gerações F1 e F2, obtidos a partir de um dialélio completo 8x8. UTFPR, Campus Pato Branco - PR, 2013.

4.2 CAPACIDADE ESPECIFICA DE COMBINAÇÃO

Na Tabela 4 é possível observar para alguns cruzamentos, a instabilidade de desempenho da CEC (valores positivos e negativos) entre as duas gerações testadas, justamente por que a CEC é condicionada por genes de efeito dominante e estes dependem de interações com outros genes. É importante avaliar mais de uma geração e as combinações que apresentarem consistência de desempenho devem ser selecionadas. Quando se avalia apenas uma, o processo de seleção pode ser mascarado pela maior participação dos genes de efeitos não-aditivos. Para o caractere RGP (TABELA 4) isso é mais evidente nos cruzamentos CD 0827 x UTF 0605 (F1: -3,06 e F2: 2,40), CD 0827 x CD 111 (F1: 2,27 e F2: -0,92), UTF 0605 x BRS Pardela (F1: 2,08 e F2: -2,30).

O maior efeito médio da CEC, que apresentou tendência de se manter elevado para o caráter RGP, em ambas as gerações, foi observado nos cruzamentos CD 0827 x Safira (F1: 1,87; F2: 2,46), CD 0985 x CD 111 (F1: 2,16; F2: 2,11), CD 0985 x CD 108 (F1: 1,68; F2: 0,67), UTF 0605 x Safira (F1: 2,92; F2: 2,52), UTF 0605 x CD 111 (F1: 1,51; F2: 1,56), UTF 0605 x BRS Tangará (F1: 1,74; F2: 2,69) e Safira x CD 108 (F1: 2,05; F2: 0,33). Além da significância da CEC, é importante que, pelo menos, um dos genitores apresente elevada CGC (CRUZ & REGAZZI, 2001) e elevada média, para que o caráter desejado seja mais rapidamente incorporado nas progênies. Dentre os cruzamentos indicados, todos apresentaram ao menos um genitor com elevada CGC para RGP e elevadas médias de desempenho. Quando os genitores que compõem o cruzamento não apresentarem elevada CGC e estes apresentarem elevada CEC, é um indicativo que, apesar dos genitores apresentarem poucos genes de efeito aditivo, os heterozigotos, devido às ações gênicas de dominância e epistasia, foram altamente responsivos as condições de ambiente (KAMALUDDIN et al. 2007).

Tabela 4. Estimativas da capacidade específica de combinação para oito caracteres agrônômicos de trigo obtidos a partir de um dialélio completo 8x8, incluindo genitores e respectivas combinações. UTFPR, Campus Pato Branco - PR, 2013.

	Caracteres agrônômicos															
	AFPL ¹		NEE		EST		CP		CSE		NGE		MMG		RGP	
Genitores																
CD 0827 (1)	-2,2		-0,4		-2,5		-0,8		-0,4		-1,6		3,6		-0,6	
CD 0985 (2)	-1,8		2,1		-8,7		-2,6		-2,1		5,3		-0,4		-2,2	
UTF 0605 (3)	1,2		-1,2		-16,1		-3,1		-2,7		-2,7		-3,0		-1,0	
BRS Pardela (4)	0,0		-0,5		2,6		1,3		0,4		0,7		2,1		0,2	
Safira (5)	1,9		-0,3		7,2		0,5		1,4		-1,2		-3,2		1,2	
BRS Tangará (6)	1,6		0,9		8,3		2,9		1,2		-1,0		2,2		0,7	
CD 111 (7)	-0,9		0,5		7,6		0,9		1,5		5,9		-2,3		0,4	
CD 108 (8)	0,2		-1,0		1,6		0,9		0,7		-5,3		0,9		1,3	
Híbridos																
	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2	F1	F2
1 x 2	0,8	2,4	-0,7	0,8	1,2	4,7	1,8	2,9	-0,1	1,5	0,7	4,0	1,8	-4,5	-0,5	-0,9
1 x 3	-1,1	1,5	0,0	0,0	-2,0	-4,5	0,6	0,6	-1,3	-1,1	-6,8	2,2	-3,1	0,1	-3,1	2,4
1 x 4	-1,7	-2,4	-0,6	-0,3	-0,7	0,6	-1,4	0,0	0,1	-0,2	-8,4	-5,3	3,9	2,6	0,3	0,2
1 x 5	0,0	1,0	-0,1	-0,2	4,7	5,3	-0,5	1,3	1,3	0,5	5,5	6,5	1,1	3,1	1,9	2,5
1 x 6	-0,3	-1,7	0,5	0,1	4,4	2,3	2,1	-1,2	-0,6	-0,5	-2,1	-2,8	5,2	4,1	1,8	0,5
1 x 7	0,3	1,1	0,1	-0,6	-1,8	2,6	-0,5	0,6	0,1	-0,3	-3,8	-6,7	-3,2	-2,0	2,3	-0,9
1 x 8	1,5	-0,1	1,2	-0,1	3,2	3,0	3,0	1,0	1,3	1,1	3,0	-2,3	-0,4	0,2	-1,3	-2,1
2 x 3	2,5	1,8	0,5	-0,4	0,2	-2,0	0,1	-1,6	0,0	-0,3	-8,4	-8,6	-1,1	1,0	-0,8	0,2
2 x 4	0,2	0,6	-0,2	0,1	4,2	3,5	2,9	1,2	0,8	0,6	-2,7	-0,8	0,8	-0,1	-1,1	1,0
2 x 5	-1,2	-1,4	-0,1	-0,9	2,7	4,2	0,0	1,0	0,4	0,8	2,6	-2,4	-1,4	-2,0	2,3	-0,5
2 x 6	1,9	-1,2	0,0	-0,5	-0,5	1,4	-0,8	0,2	-0,2	0,7	-2,0	0,9	1,7	3,5	-0,4	-2,5
2 x 7	0,6	0,9	-0,8	-0,6	-0,2	-0,3	-0,9	-0,1	0,1	0,1	3,7	4,6	0,2	1,9	2,2	2,1
2 x 8	-0,5	0,0	-0,2	-0,7	1,2	-0,6	-1,0	0,2	-0,2	-0,3	0,1	1,0	-1,5	-0,9	1,7	0,7
3 x 4	-0,7	-0,9	-0,3	-0,2	0,4	2,0	1,4	0,8	-0,3	-0,7	-1,5	-1,1	0,9	-0,5	2,1	-2,3
3 x 5	-0,9	2,5	0,3	1,2	-3,4	1,8	0,5	0,7	-0,9	0,2	0,5	1,0	3,2	-0,4	2,9	1,5
3 x 6	3,4	-2,1	-0,6	-1,4	-2,2	-4,4	-1,3	-1,3	0,5	-0,8	-6,9	-3,9	2,3	2,6	1,7	2,7
3 x 7	2,4	3,9	-0,9	0,5	-1,1	1,5	0,3	0,3	0,3	2,0	-4,2	-4,8	0,8	0,0	1,5	1,6
3 x 8	0,3	0,0	0,8	0,0	-1,1	7,8	-0,9	0,5	-0,5	0,1	-2,3	-11,5	2,6	7,2	1,1	-0,8
4 x 5	1,5	0,2	-0,4	-0,1	0,8	2,9	0,4	0,2	0,8	1,0	2,5	-4,7	1,2	2,5	2,2	-0,1
4 x 6	0,3	2,2	-0,3	-0,1	0,5	1,6	-0,2	-0,4	-0,2	-1,2	-7,5	-9,8	-2,8	-3,0	-1,4	-1,6
4 x 7	0,0	1,4	2,1	-0,5	-0,6	-0,3	-1,1	1,2	-0,8	0,7	0,9	-2,9	-0,7	-1,1	-2,2	-1,7
4 x 8	0,0	0,7	-0,1	1,0	1,8	2,6	0,7	1,1	-1,7	0,1	-11,0	1,6	5,6	-0,9	-2,1	0,4
5 x 6	-3,9	0,0	0,5	0,1	2,5	2,5	0,7	0,8	0,0	1,0	0,9	-0,6	1,0	2,1	-1,4	-0,3
5 x 7	1,3	-1,7	-0,7	-0,4	1,6	-1,2	2,1	0,0	0,4	0,7	0,1	0,6	0,0	3,0	-0,4	0,0
5 x 8	-0,2	0,4	-0,6	-0,1	1,8	-0,8	0,1	0,9	-1,7	-0,3	-2,4	6,7	2,3	-0,8	2,1	0,3
6 x 7	-1,8	-0,7	-0,8	0,2	2,5	5,6	2,0	3,0	1,9	3,0	-3,2	-2,0	3,1	0,5	-0,2	-1,7
6 x 8	-1,6	1,5	-0,6	-0,4	-0,5	1,0	-0,4	0,0	0,6	1,9	0,0	1,5	2,4	0,7	-2,8	-3,3
7 x 8	-1,1	0,2	-0,4	-0,4	-0,2	-1,7	0,9	-0,4	0,7	-0,1	0,3	-1,9	3,5	3,6	0,1	-0,6

¹AFPL: afilhos férteis por planta; NEE: número de espiguetas por espiga; EST: estatura de planta; CP: comprimento do pedúnculo; CSE: comprimento do segundo entre nó; NGE: número de grãos por espiga; MMG: massa de mil grãos; RGP: rendimento de grãos por planta.

Bons resultados de CEC tanto em F1 quanto em F2 para NEE foram observados nos cruzamentos CD 0827 x CD 108 (F1: 1,19; F2: -0,10), UTF 0605 x SAFIRA (F1: 0,31; F2: 1,17), UTF 0605 x CD 108 (F1: 0,83; F2: -0,01) (Tabela 04). Os melhores resultados quanto ao NGE foram observados para as progênies CD

0827 x CD 0985 (F1: 0,69; F2: 4,01), CD 0827 x Safira (F1: 5,52; F2: 6,55), CD 0985 x CD 111 (F1: 3,65; F2: 4,58) (Tabela 4).

Para MMG, destacaram-se as constituições CD 0827 x BRS Pardela (F1: 3,87; F2: 2,55), CD 0827 x Safira (F1: 1,14; F2: 3,07), CD 0827 x BRS Tangará (F1: 5,21; F2: 4,14) refletindo um elevado grau de complementaridade alélica entre esses genitores. Estes apresentaram ao menos um dos parentais com bom desempenho para o caráter e um dos genitores com elevada CGC para RGP.

As combinações CD 0827 x CD 0985 (F1: 0,80; F2: 2,39), CD 0827 x CD 111 (F1: 0,32; F2: 1,05), CD 0985 x UTF 0605 (F1: 2,45; F2: 1,84) (Tabela 4) se destacaram para o caráter AFPL, evidenciando serem ótimas fontes quando se busca constituições gênicas com alta capacidade de produção de espigas por m².

As progênies CD 0827 X UTF 0605 (F1: -2,00; F2: -4,47), UTF 0605 x BRS Tangará (F1: -2,15; F2: -4,39), CD 111 x CD 108 (F1: -0,17; F2: -1,66), obtiveram baixos valores de CEC para EST e apresentaram baixos valores de CP e CSE. Ivanovska et al. (2003) encontraram onze valores negativos de CEC para estatura de planta em F1 e dez na geração F2, de um total de 21 combinações, sendo que três cruzamentos com altos valores de CEC foram obtidos tanto com genitores de baixa quanto de elevada CGC, no entanto, uma combinação com elevada CEC foi obtida com a hibridação de genitores de baixa CGC. Observa-se que a linha anã UTF 0605 foi efetiva em reduzir a estatura de plantas, o que está relacionado ao seu efeito negativo de CGC.

4.3 HETEROSE E HETEROBELTIOSE

Na geração F1 foram encontrados dezenove valores positivos de heterose para RGP, e apenas nove em F2 (FIGURA 2). A combinação UTF 0605 x Safira apresentou o maior valor (70,26) em F1 e CD 0827 x UTF 0605 (41,90) em F2. Os menores valores tanto em F1 como em F2 foram obtidos com a combinação BRS Tangará x CD 108 (-23,1 e -38,09 respectivamente), possivelmente pela recombinação genética ter contribuído para aumento da depressão endogâmica. Os genitores UTF 0605 e Safira indicaram os maiores valores de heterose para RGP, sendo que o primeiro também apresentou um baixo valor de depressão endogâmica e o segundo altos valores de CEC.

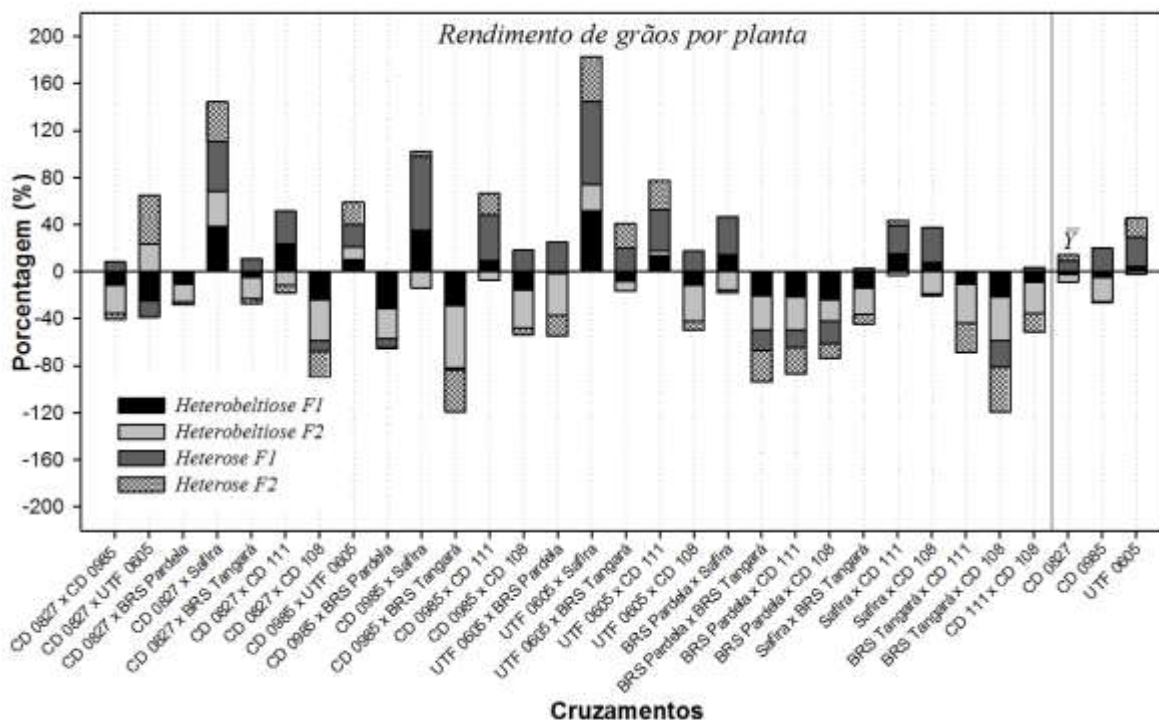


Figura 2. Estimativas da magnitude da heterobelitose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caráter rendimento de grãos por planta, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. Y – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

Avaliando o RGP, Akinci (2009) encontrou significância positiva para heterose (0,16 a 37,67) em dez das 15 combinações testadas. Hussain et al., (2007) observaram significância positiva para heterose (1,43 a 52,01%) e heterobelitose (1,0 a 48,19%) em três das 15 combinações avaliadas. Khatun et al., (2010) encontraram valores de heterose em F2 para RGP variando de -14,06 a 52,52%. Joshi et al., (2003) observaram amplitude de variação entre -22,50 e 62,16. Akbar et al., (2007) relataram valores variando de -55,2% a 32,8% e Abdel-Moneam (2009) encontraram amplitude de -4,63 a 18,66, avaliando apenas a geração F1. A recombinação de locos distintos na geração F2 é controlada por três possíveis formas de ações gênicas: dominância, sobredominância e epistasia (BORÉM; MIRANDA, 2005). Em autógamias ainda não está bem elucidado qual ação gênica é mais importante para a manifestação da heterose (NAZEER et al., 2004).

Neste estudo, resultados promissores para RGP, tanto nas gerações F1, quanto na F2, foram observados para as combinações híbridas UTF 0605 x Safira (F1: 70,26; F2 38,48), CD 0827 x Safira (F1: 41,99; F2 33,64) e CD 0985 x CD 111 (F1: 39,16; F2 24,47) (FIGURA 2). As combinações UTF 0605 x Safira (F1: 51,23;

F2: 23,00) e CD 0827 x Safira (F1: 38,31; F2: 30,17) (FIGURA 2) foram as melhores constituições quando se considera os resultados de heterobeltiose para RGP. Gowda et al (2010) encontraram valores semelhantes de heterose e heterobeltiose.

A heterobeltiose é obtida em relação a média do melhor genitor de cada cruzamento. Se o melhor genitor do cruzamento for uma cultivar de elevado potencial de rendimento, cruzamentos com elevada heterobeltiose podem ser fontes promissoras para a seleção de linhagens. Nesse sentido, a proporção de valores positivos de heterobeltiose é menor em relação aos valores de heterose, sendo que apenas nove das vinte e oito combinações apresentaram valores positivos em F1, e cinco em F2. A amplitude dos valores de heterobeltiose variou de -31,33 a 51,24 em F1 e -53,04 a 30,18 em F2.

Os maiores valores de heterobeltiose para RGP na geração F1 foram obtidos pelas combinações CD 0827 x Safira (38,32), CD 0827 x CD 111 (23,10), CD 0985 x Safira (35,42), (FIGURA 2). Em F2 se destacaram CD 0827 x Safira (30,18), CD 0827 x UTF 0605 (23,19), CD 0985 x UTF 0605 (10,22). As combinações CD 0827 x Safira (F1: 38,32 e F2: 30,18), UTF 0605 x Safira (F1: 51,24 e F2: 23,01) e UTF 0605 x CD 111 (F1: 13,27 e F2: 3,99) apresentaram valores positivos tanto em F1 quanto em F2. Esses valores são próximos aos encontrados por Joshi et al., (2003): -20,8 a 56,52 e Hussain et al., (2007): -15,58 a 48,19.

Observa-se que 25 dos 28 cruzamentos apresentaram desempenhos superiores na população F1 em relação a F2 para RGP (FIGURA 2). Alguns autores observaram que genitores com baixo desempenho podem resultar em combinações híbridas heteróticas e com reduzida depressão endogâmica na geração F2 (JOSHI et al., 2003; BERTAN et AL., 2009).

Todos os genitores promoveram heterose positiva para massa de mil grãos nas duas gerações avaliadas (FIGURA 3); para a heterobeltiose apenas os genitores CD 0827, CD 0985 e BRS Pardela não apresentaram valores positivos. O genitor UTF 0605 proporcionou os menores valores de depressão endogâmica, e CD 108 os maiores valores de CEC, heterose e heterobeltiose.

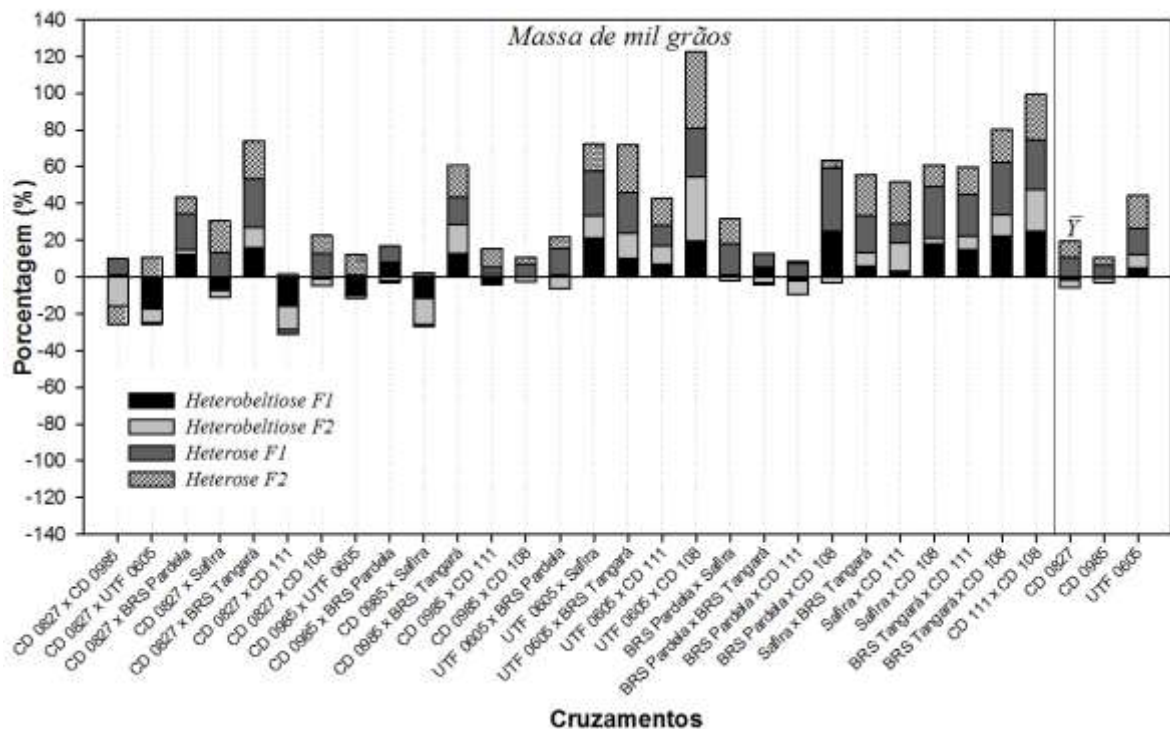


Figura 3. Estimativas da magnitude da heterobeltiose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere massa de mil grãos, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

As estimativas de heterose para MMG variaram de -2,86 a 34,44 na geração F1 e -9,93 a 41,99% em F2 (FIGURA 3). Para NGE os percentuais de heterose variaram entre -34,86 a 9,52% para geração F1 e entre -29,63 a 15,07 na geração F2 (FIGURA 13). A amplitude de variação de AFPL foi -25,70 a 40,87 em F1 e -11,24 a 49,43 em F2 (FIGURA 6). Resultados semelhantes foram encontrados por Khatun et al., (2010) para NGE (-22,47 a 25,04) e MMG (-8,93 a 38,11).

Os seguintes cruzamentos se destacaram quanto os valores de heterose para MMG: CD 0827 x BRS Tangará (F1: 26,17; F2: 20,81), UTF 0605 x Safira (F1: 24,29; F2: 14,88), UTF 0605 x BRS Tangará (F1: 22,45; F2: 25,71) (FIGURA 3); Os cruzamentos mais efetivos quanto aos valores de heterose para NGE: CD 0827 x Safira (F1: 9,52; F2: 13,90), CD 0985 x CD 111 (F1: 0,80; F2: 1,37) (FIGURA 4). Quanto aos valores de heterose para AFPL: CD 0827 x CD 0985 (F1: 16,92; F2: 35,00), CD 0985 x UTF 0605 (F1: 40,87; F2: 35,41), UTF 0605 x CD 111 (F1: 31,32; F2: 49,43) (FIGURA 6). Para o caractere AFPL, destaca-se a elevada heterose proporcionada pelos genitores CD 0985, UTF 0605 e CD 111 em ambas as gerações, sendo que apenas estes genitores resultaram em heterobeltiose positiva.

Estes resultados indicam que tanto genitores de elevada estatura quanto de estatura anã podem promover maior capacidade de perfilhamento.

Os valores de heterobeltiose para MMG variaram de -17,28 a 24,65 em F1 e -16,05 a 34,43% em F2. Esses resultados corroboram com os encontrados por Joshi et al., (2003) que variaram de -16,28 a 44,86%. As combinações UTF 0605 x CD 108 (F1: 19,67; F2: 34,43), CD 111 x CD 108 (F1: 24,59; F2: 22,95), BRS Tangará x CD 108 (F1: 22,06; F2: 11,76), UTF 0605 x Safira (F1: 21,10; F2: 11,93), CD 0985 x BRS Tangará (F1: 12,86; F2: 15,71), CD 0827 x BRS Tangará (F1: 16,05; F2: 11,11) (FIGURA 3) apresentaram os maiores valores duas gerações avaliadas. Os genitores BRS Tangará e CD 108 estão presentes nos cruzamentos com maior heterobeltiose.

Os caracteres NEE e NGE apresentaram grande parte dos valores negativos para heterobeltiose em F1 e F2 (FIGURAS 4 e 5). Para NGE em F2 três cruzamentos apresentaram valores positivos: CD 0827 x Safira (4,00), CD 0985 x CD 111 (0,43), Safira x CD 108 (11,82).

Os cruzamentos que se destacaram quanto a heterobeltiose para AFPL nas gerações F1 e F2 são UTF 0605 x CD 111 (F1: 22,22; F2: 39,08), CD 0827 x CD 0985 (F1: 8,26; F2: 25,00), CD 0985 x UTF 0605 (F1: 15,75; F2: 11,26), CD 0985 x CD 111 (F1: 3,12; F2: 10,57) (FIGURA 6).

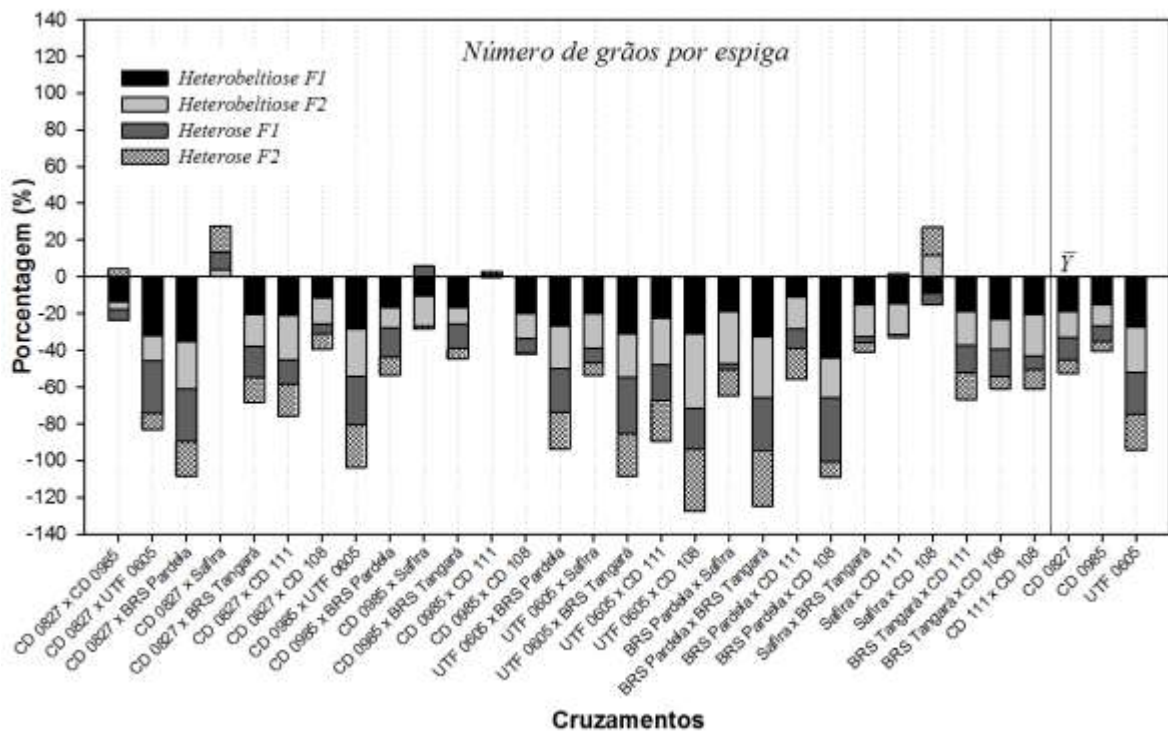


Figura 4. Estimativas da magnitude da heterobeltiose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere número de grãos por espiga, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

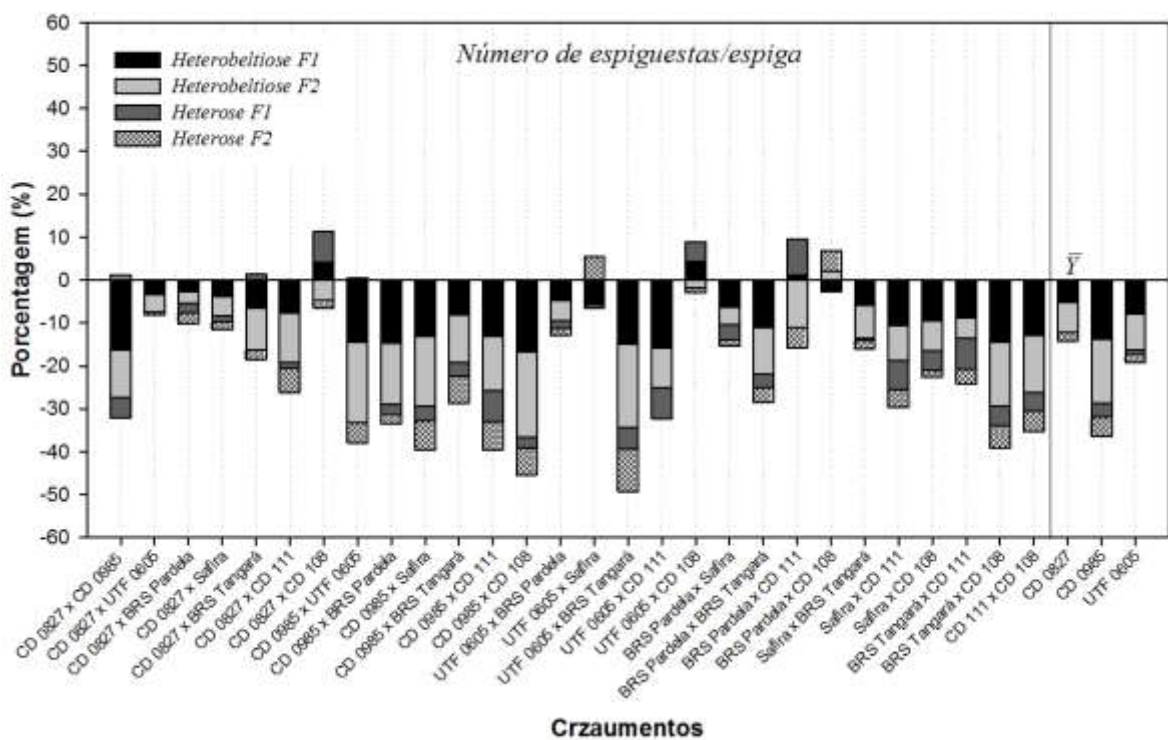


Figura 5. Estimativas da magnitude da heterobeltiose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere número de espiguetas por espiga, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

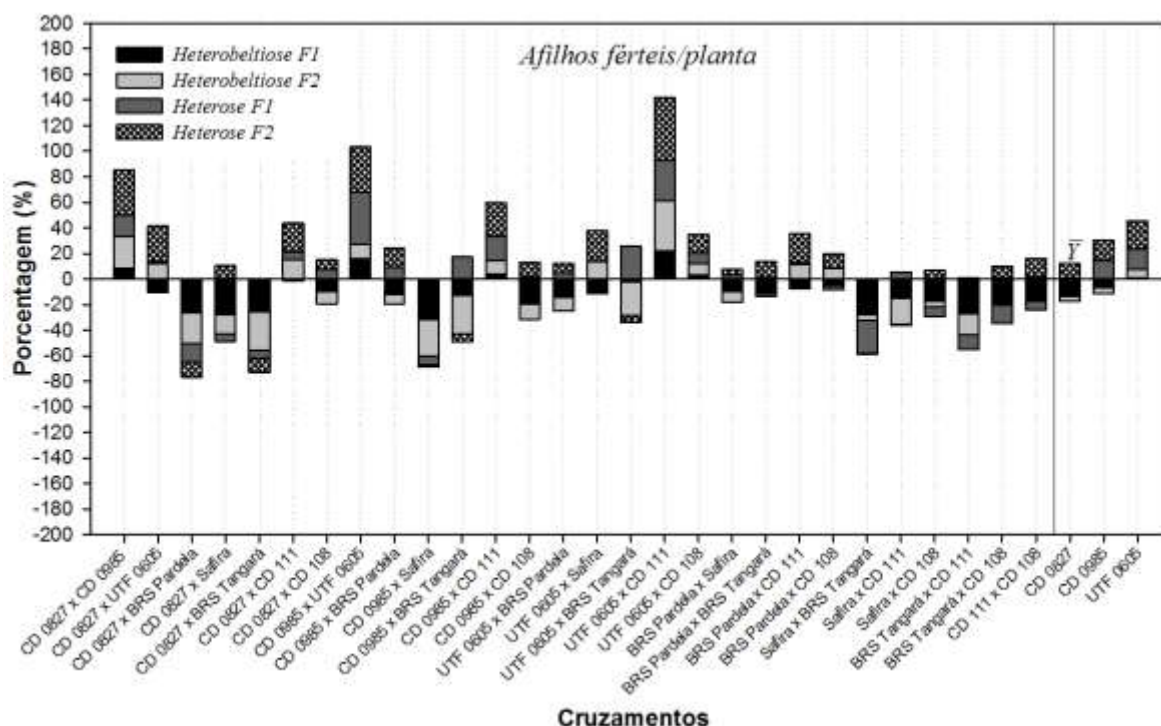


Figura 6. Estimativas da magnitude da heterobeliose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere número de afilhos férteis por planta, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

Para EST, CP e CSE as estimativas de heterose variaram de (F1: -5,15 a 13,75; F2: -2,10 a 19,91), (F1: -1,03 a 36,65; F2: -7,08 a 53,26), (F1: -14,98 a 20,66; F2: -9,88 a 36,76), respectivamente (FIGURAS 7; 8; 9). Observa-se maior quantidade de cruzamentos e valores positivos de heterose na geração F2 em relação à geração F1 para os três caracteres citados. Alguns cruzamentos apresentam estatura entre 70 e 80 cm e valores de heterose para EST próximos à zero, entre as quais se destacam: CD 0985 x CD 111 (F1: 3,19; F2: 5,98), UTF 0605 x SAFIRA (F1: -4,79; F2: 9,89), UTF 0605 x BRS TANGARÁ (F1: -4,28; F2: -2,10), UTF 0605 x CD 111 (F1: -5,15; F2: -5,24), BRS PARDELA x CD 111 (F1: 1,42; F2: 5,69), CD 111 x CD 108 (F1: 1,89; F2: 3,49) (FIGURA 7).

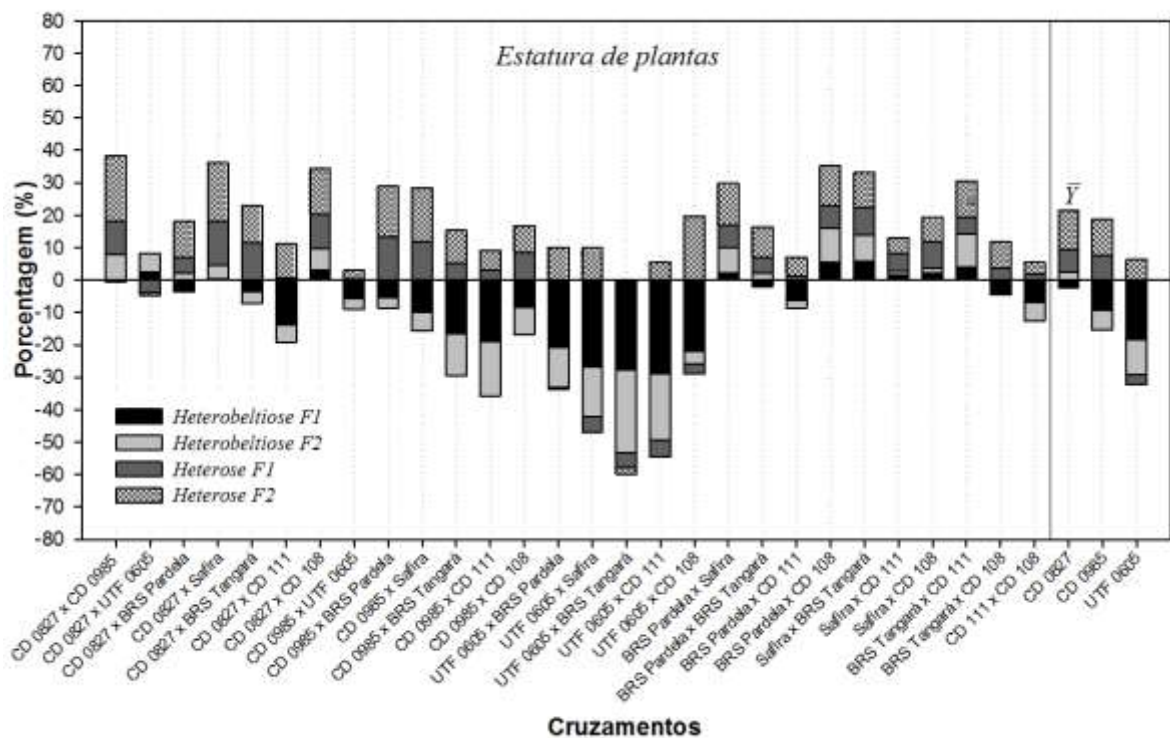


Figura 7. Estimativas da magnitude da heterobeltiose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere estatura de plantas, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

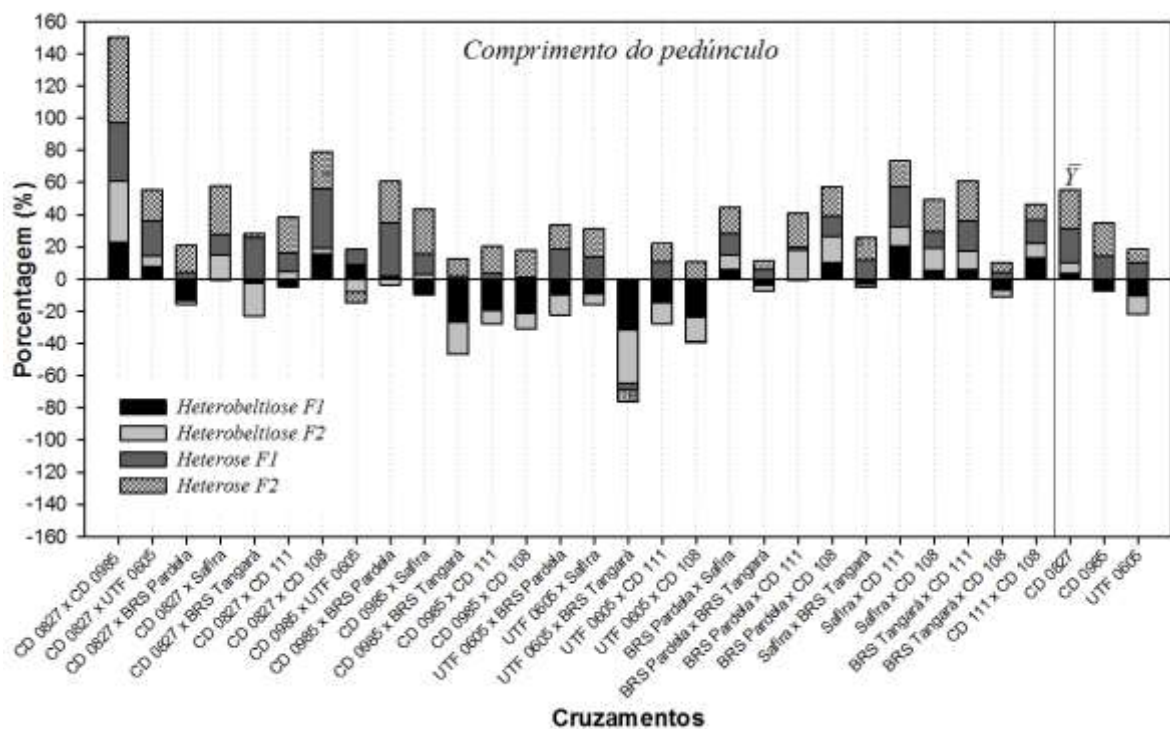


Figura 8. Estimativas da magnitude da heterobeltiose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere comprimento do pedúnculo, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

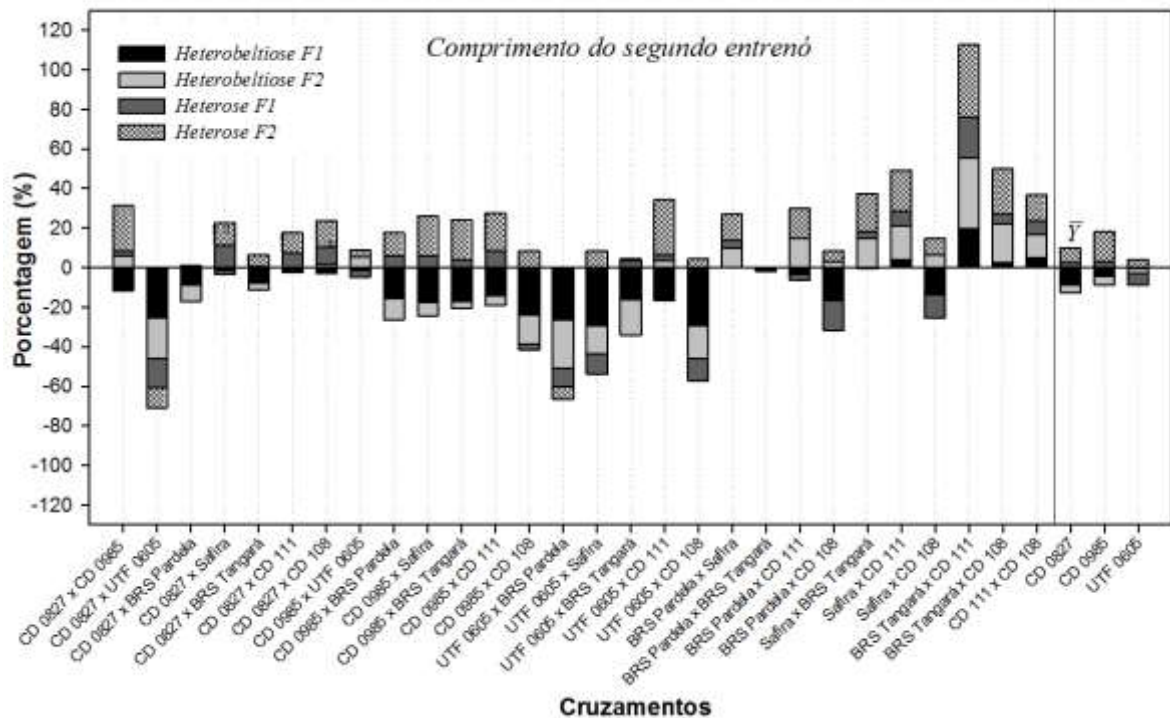


Figura 9. Estimativas da magnitude da heterobeliose e heterose nas gerações F1 e F2 para o caractere comprimento do segundo entrenó, obtido a partir de um dialélio completo 8x8 de trigo. \bar{Y} – médias dos cruzamentos com participação da cultivar anã. UTFPR, Pato Branco – PR, 2013.

4.4 DEPRESSÃO ENDOGÂMICA

Na primeira geração após a hibridação os efeitos epistáticos não contribuem para os efeitos da endogamia. Com o avanço para a geração F2 esses efeitos são pronunciados, resultando no aumento da depressão endogâmica (Roussele et al., 2010). Os cruzamentos com menor depressão endogâmica (valor mais negativo) para RGP foram CD 0827 x UTF 0605 (-64,25), BRS Pardela x CD 108 (-8,21) e CD 0985 x BRS Pardela (-7,76) (Tabela 5). Valores negativos de depressão endogâmica podem estar ligados a hipótese de que para a maximização da expressão do vigor deve-se conciliar alto número de locos em heterozigose no F1 a uma elevada capacidade de combinação entre os genitores. Para RGP os cruzamentos CD 0827 x Safira, UTF 0605 x Safira e UTF 0605 x CD 111 apresentaram os melhores valores de heterose (F1 = 41,99; 70,26; 35,56; e F2 = 33,64; 38,48; 24,46 respectivamente), heterobeliose (F1= 38,31; 51,23; 13,26 e F2 = 30,17; 23,00; 3,99 respectivamente) (FIGURA 2) e também apresentaram baixas

depressões endogâmicas (5,89; 18,67; 8,19 respectivamente) (Tabela 5), ou seja, maior participação de efeitos gênicos aditivos em relação aos não aditivos. Mehla et al., (2000) observaram heterose e depressão por endogamia variável com o cruzamento e a característica em questão. Rousselle et al., (2010) encontraram valores de depressão endogâmica de (-15,33 a 14,13) para RGP.

Tabela 5. Estimativas da magnitude de valores da depressão endogâmica observada para os genitores (médias dos cruzamentos em que participou) e respectivas combinações híbridas, obtidas a partir de um dialélio 8x8. UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

	Caracteres agronômicos							
	RGP ¹	EST	MMG	AFLP	NGE	NEE	CP	CSE
Genitores								
CD 0827 (1)	2,05	-4,91	1,75	-10,41	-7,37	1,68	-2,92	-5,52
CD 0985 (2)	15,85	-3,55	2,03	-2,52	-4,48	1,19	-6,04	-11,99
UTF 0605 (3)	2,58	-9,85	-3,59	-6,65	-4,22	0,55	1,04	-10,83
BRS Pardela (4)	10,02	-5,46	9,11	-9,05	-6,69	0,60	-4,34	-8,63
Safira (5)	18,50	-4,04	1,07	-15,21	-2,60	-0,81	-5,87	-14,15
BRS Tangará (6)	16,35	-3,32	2,93	-5,50	-4,33	1,49	0,54	-9,14
CD 111 (7)	17,21	-5,00	-1,66	-12,53	2,88	0,29	-5,33	-12,44
CD 108 (8)	15,85	-5,30	5,39	-13,56	-8,24	1,63	-4,20	-14,94
Média Geral	12,2	-5,1	1,9	-9,2	-4,3	0,8	-3,1	-10,9
Híbridos								
1 x 2	12,8	-8,7	17,1	-15,5	-10,8	-6,1	-12,1	-19,7
1 x 3	-64,2	-3,3	-11,9	-25,3	-26,8	0,7	1,1	-5,8
1 x 4	3,6	-6,1	8,8	-3,3	-13,6	0,0	-12,1	-0,5
1 x 5	5,9	-3,6	-4,0	-17,7	-4,0	0,7	-15,3	-0,4
1 x 6	13,9	0,2	4,3	5,7	-4,2	3,6	18,1	-5,1
1 x 7	27,9	-9,7	-4,4	-16,8	4,9	4,4	-10,0	-2,5
1 x 8	14,5	-3,3	2,5	0,0	2,9	8,4	10,0	-4,6
2 x 3	0,2	-2,6	-9,5	3,9	-3,7	5,1	15,2	-6,9
2 x 4	-7,8	-2,2	9,1	-5,5	-7,4	-0,6	5,4	-5,7
2 x 5	36,1	-4,2	3,2	-4,4	7,2	3,5	-14,0	-13,5
2 x 6	33,9	-4,5	-2,5	19,9	-8,7	3,3	-8,6	-15,9
2 x 7	14,9	-2,7	-6,0	-6,6	-0,6	-0,6	-13,0	-10,5
2 x 8	20,7	0,0	2,9	-9,4	-7,3	3,7	-15,2	-12,0
3 x 4	34,3	-10,7	6,9	-3,9	-4,7	0,0	3,4	-2,8
3 x 5	18,7	-15,4	7,6	-26,2	-1,4	-5,4	-2,9	-20,7
3 x 6	0,1	-2,3	-2,7	24,4	-10,6	5,3	3,2	2,1
3 x 7	8,2	-11,3	-3,2	-13,8	3,0	-7,6	-0,9	-23,9
3 x 8	20,9	-23,5	-12,3	-5,6	14,6	5,7	-11,8	-18,0
4 x 5	26,2	-5,8	2,8	-2,0	11,6	-2,5	-3,0	-9,2
4 x 6	12,0	-4,3	8,0	-14,5	0,4	0,0	0,4	0,3
4 x 7	9,9	-4,2	5,7	-19,8	6,9	12,1	-18,9	-18,6
4 x 8	-8,2	-4,9	22,5	-14,4	-40,1	-4,9	-5,6	-23,8
5 x 6	10,2	-2,0	-1,4	-33,3	2,2	1,8	-1,3	-15,1
5 x 7	15,8	0,4	-11,5	6,3	3,0	-2,6	7,1	-12,2
5 x 8	24,4	0,5	12,5	-15,9	-22,7	-2,8	-8,7	-23,1
6 x 7	24,8	-6,0	6,4	-14,0	-0,6	-4,3	-5,7	-13,3
6 x 8	19,6	-4,4	8,4	-26,6	-8,8	0,7	-2,4	-17,1
7 x 8	19,0	-1,6	1,3	-22,9	3,6	0,7	4,2	-6,0
Média Geral	12,4	-5,2	2,2	-9,2	-4,1	0,8	-3,3	-10,9

¹RGP: rendimento de grãos por planta; EST: estatura de planta; MMG: massa de mil grãos; AFLP: afilhos férteis por planta; NGE: número de grãos por espiga; NEE: número de espiguetas por espiga; CP: comprimento do pedúnculo; CSE: comprimento do segundo entre nó.

Com relação a EST, 25 dos 28 cruzamentos avaliados apresentaram valores negativos de depressão endogâmica, ou seja, praticamente todas os genótipos apresentam elevação de estatura com o avanço para geração F2. Os menores valores são observados nos cruzamentos UTF 0605 x CD 108 (-23,5), UTF 0605 x Safira (-15,4), UTF 0605 x CD 111 (-11,3), os quais também apresentaram baixos valores de DE para CP e CSE. Possivelmente na geração F2, os efeitos gênicos de dominância e epistasia contribuíram para o aparecimento de plantas com maior estatura e conseqüentemente menor depressão endogâmica.

Os caracteres MMG (2,16), NGE (-4,12) e AFPL (-9,19) apresentaram baixos valores de depressão endogâmica na média de todos os cruzamentos. Os menores valores de MMG foram observados para UTF 0605 x CD 108 (-12,3); CD 0827 x UTF 0605 (-11,9); Safira x CD 111 (-11,5); quanto ao AFPL Safira x BRS Tangará (-33,3); BRS Tangará x CD 108 (-26,6); UTF 0605 x Safira (-26,2); CD 0827 x UTF 0605 (-25,3); e NGE BRS Pardela x CD 108 (-40,1); CD 0827 x UTF 0605 (-26,8); Safira x CD108 (-22,7), indicando estarem sob forte influência dos efeitos gênicos aditivos.

4.5 CORRELAÇÕES

A correlação é uma medida de associação linear entre duas variáveis quaisquer ou o grau em que estas variam juntas. No caso de melhoramento genético de plantas, essas variáveis são os caracteres agrônômicos, sendo que numa determinada população, os caracteres podem estar correlacionados positiva ou negativamente ou, até mesmo, não estarem correlacionados. A correlação entre caracteres pode ser atribuída a dois efeitos principais, genéticos e ambientais, sendo que a correlação fenotípica é aquela observada diretamente, ou seja, pelas mensurações de dois caracteres dos indivíduos da população (CAVASSIM; BORÉM, 1998).

A recombinação genética após o avanço da primeira geração também contribui para o aparecimento de genes deletérios e estes influenciam nos efeitos da endogamia (LYNCH, 1991). Isso pode alterar os valores das correlações em F1 e F2, pois, em F1 se expressa o maior vigor híbrido e não há endogamia, enquanto que em F2 pode ocorrer elevada depressão endogâmica devido a redução do vigor

híbrido.

Observa-se na FIGURA 10A a correlação entre as médias dos caracteres avaliados em F1 com as médias em F2. Houve significância para todos os caracteres sendo o menor valor de correlação ($r=0,42^*$) obtido para RGP e o maior ($r=0,97^*$) para EST. Com relação aos componentes de rendimento (FIGURA 10 B,C e D) a MMG em F1 não foi associada com o RGP em F2 ($r=-0,06^{ns}$), ou seja, os resultados em F1 para MMG são independentes do RGP em F2. Já para NEE x RGP ($r=-0,61^*$) e NGE x RGP ($r=-0,39^*$) há correlação negativa, sendo que genótipos em F1 com maior NEE e NGE não necessariamente apresentarão os maiores rendimentos em F2.

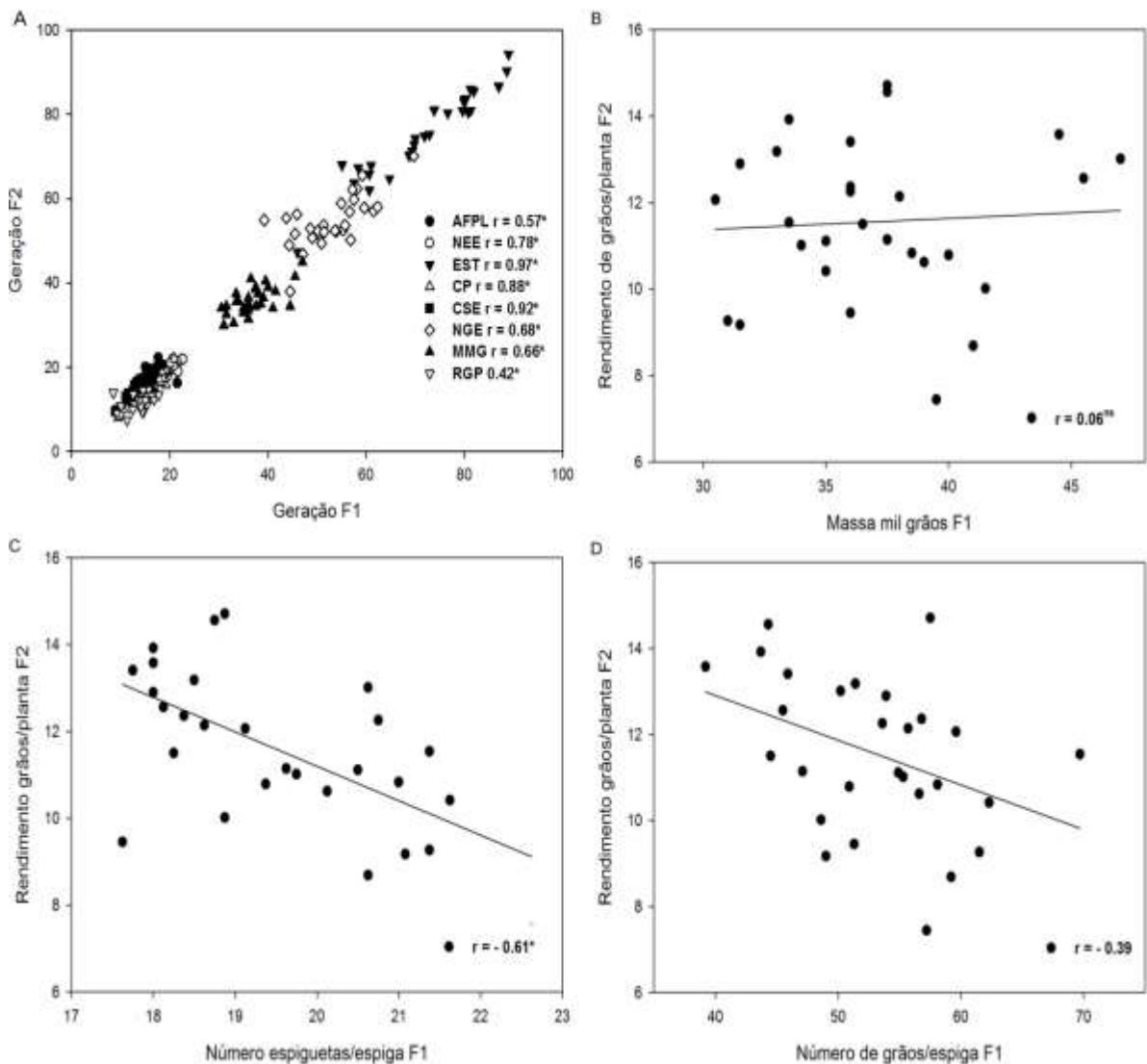


Figura 10. Correlação entre a média da geração F1 e F2 de oito caracteres agrônômicos (A), massa mil grãos F1 e rendimento de grãos por planta em F2 (B), número de espiguetas por espiga F1 e rendimento de grãos por planta F2 (C), número de grãos por espiga F1 e rendimento de grãos F2 (D). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

Na FIGURA 11B observa-se correlação positiva de elevada magnitude entre NEE com NGE nas duas gerações avaliadas (F1: $r=0,62^*$; F2: $r=0,69^*$). O mesmo ocorreu com EST x CP (F1: $r=0,86^*$; F2: $r=0,93^*$), EST x CSE (F1: $r=0,93^*$; F2: $r=0,92^*$) (FIGURA 11 C,D). Genótipos com CP elevado apresentam maiores chances de acamarem, visto que este caractere é o que mais influencia no índice de acamamento das lavouras. Também se observa associação positiva de elevada magnitude entre CP e CSE (F1: $r=0,81^*$; F2: $r=0,87^*$) (FIGURA 11 E). Rebetzek et al., (2012) também observaram que o CP e o CSE são menores em genótipos semi-anões.

O CP e a MMG foram positivamente associados apenas na geração F1 ($r=0,45^*$) (FIGURA 11F). O mesmo ocorreu para NGE ($r= -0,37^*$) (FIGURA 11A). O NEE apresentou os menores valores de correlação com RGP (F1: $r= -0,39^*$; F2: $r= -0,50^*$). Os caracteres CP, CSE, e NGE não foram significativamente associados com RGP. Rebetzke et al., (2012) encontrou correlações variando de (-0,86) a (-0,37) entre altura de planta e número de grãos. Silva et al., (2006) e Guercio e Camargo (2011) observaram correlação negativa de AFPL com NGE e correlação positiva entre AFPL e MMG.

O AFPL não foi significativamente associado (F1: $r=0,31^{ns}$; F2: $r=0,35^{ns}$) com RGP. Ferreira Filho et al. (2002) e Guercio e Camargo (2011) observaram correlação positiva entre produtividade de grãos e número de espigas por planta. AFPL e MMG são importantes componentes do rendimento para a seleção de genótipos com maior potencial de rendimento de grãos (GEBEYEHOU et al. 1982; ELHANI et al., 2007).

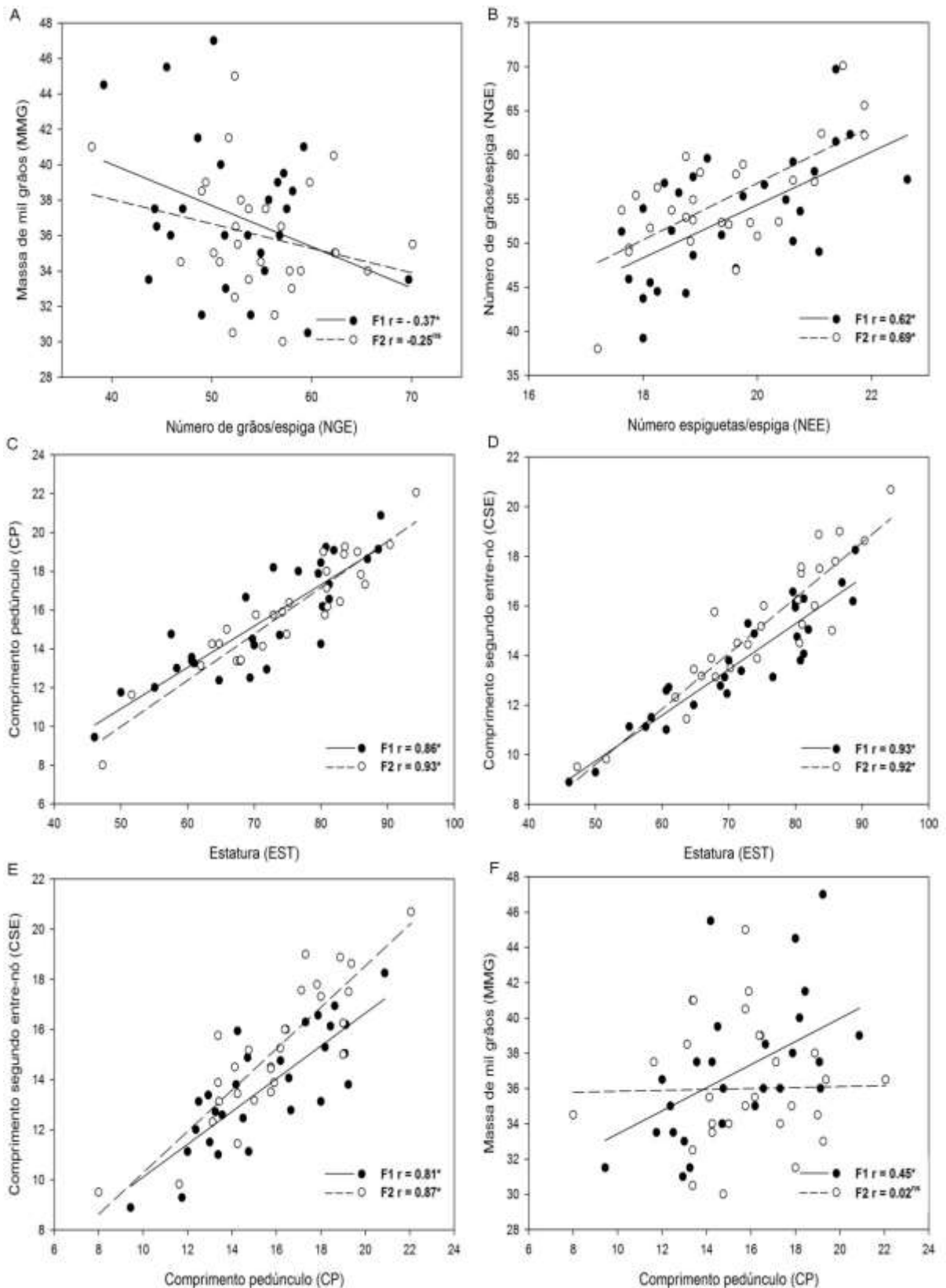


Figura 11. Correlação entre a massa de mil grãos e o número de grãos por espiga (A), número de espiguetas por espiga e número de grãos por espiga (B), estatura e comprimento do pedúnculo (C), estatura e comprimento do segundo entrenó (D), comprimento do segundo entrenó e comprimento do pedúnculo (E) e massa de mil grãos com comprimento do pedúnculo (F). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

O desempenho dos caracteres avaliados em F1 e em F2 (com exceção do NEE) foi positivamente associado com a CEC: AFPL (F1: $r = 0,55^*$; F2: $r = 0,54^*$), NEE (F1: $r = 0,29^{ns}$; F2: $r = 0,14^{ns}$), EST (F1: $r = 0,50^*$; F2: $r = 0,38^*$), CP (F1: $r = 0,48^*$; F2: $r = 0,44^*$), CSE (F1: $r = 0,54^*$; F2: $r = 0,63^*$), NGE (F1: $r = 0,72^*$; F2: $r = 0,74^*$), MMG (F1: $r = 0,66^*$; F2: $r = 0,68^*$), RGP (F1: $r = 0,75^*$; F2: $r = 0,73^*$). A correlação entre as médias e a CEC na geração F1 e F2 são semelhantes aos obtidos por SOLOMON et al., (2007).

Na FIGURA 12 A, B, C, observa-se que a média do AFPL correlacionou-se negativamente com a heterose para EST em F1 ($-0,38^*$) e positivamente com o NEE em F2 ($0,41$) e não foi associada com RGP nas duas gerações avaliadas. As diferenças de correlação entre esses caracteres estão atrelado ao fato de que vários genes podem ser acumulados ou combinados com genes Rht para produzir plantas semi-anãs (Richards, 1992a; Rebetzke et al, 1999), o que pode resultar em diferentes tipos de ação gênica (BONNETT et al., 2005.; WANG et al., 2007).

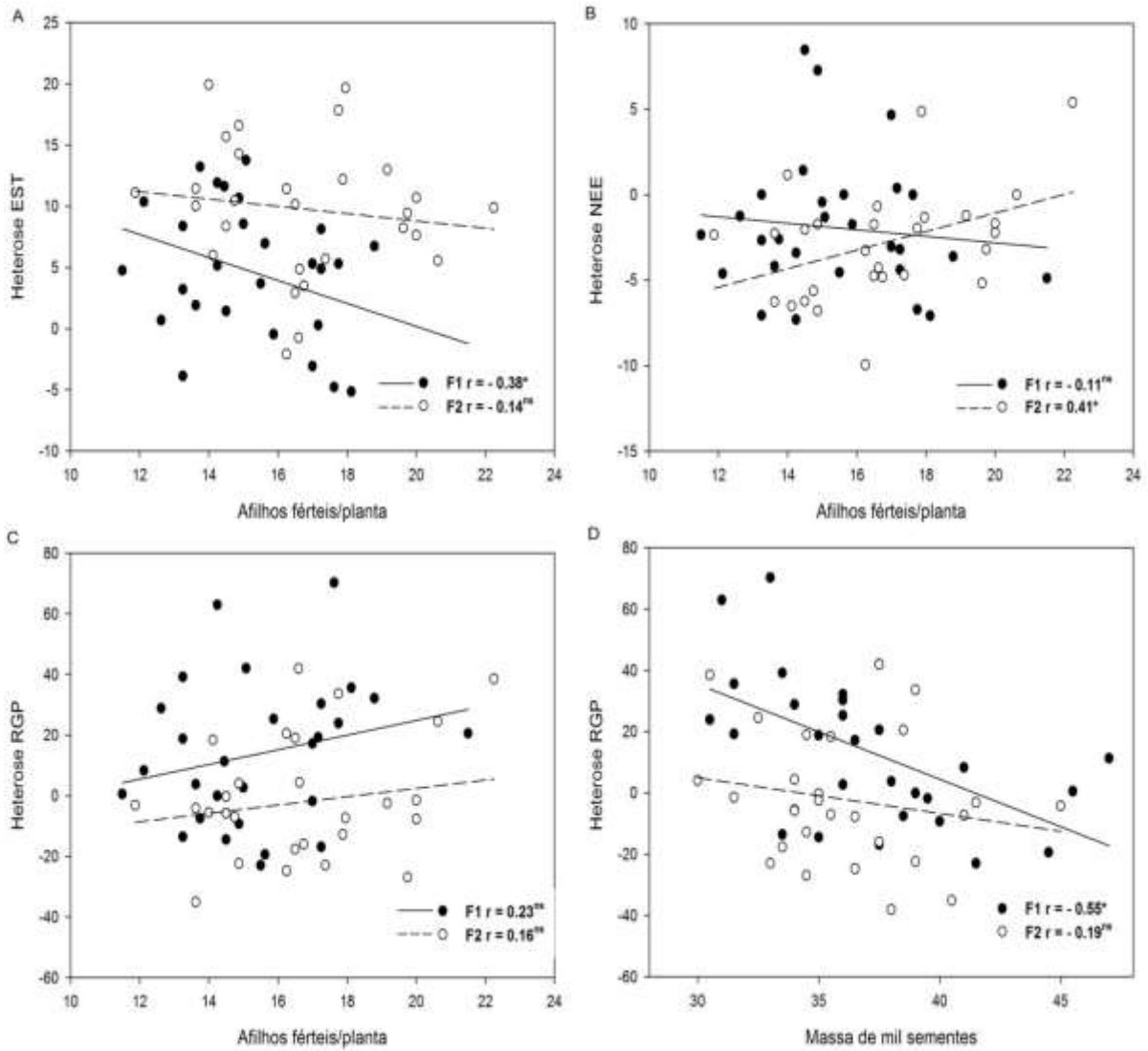


Figura 12. Correlação entre afilhos férteis por planta e a heterose para estatura (A), número de espiguetas por espiga (B), rendimento de grãos por planta (C) e massa de mil sementes e heterose para rendimento e grãos/planta (D). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

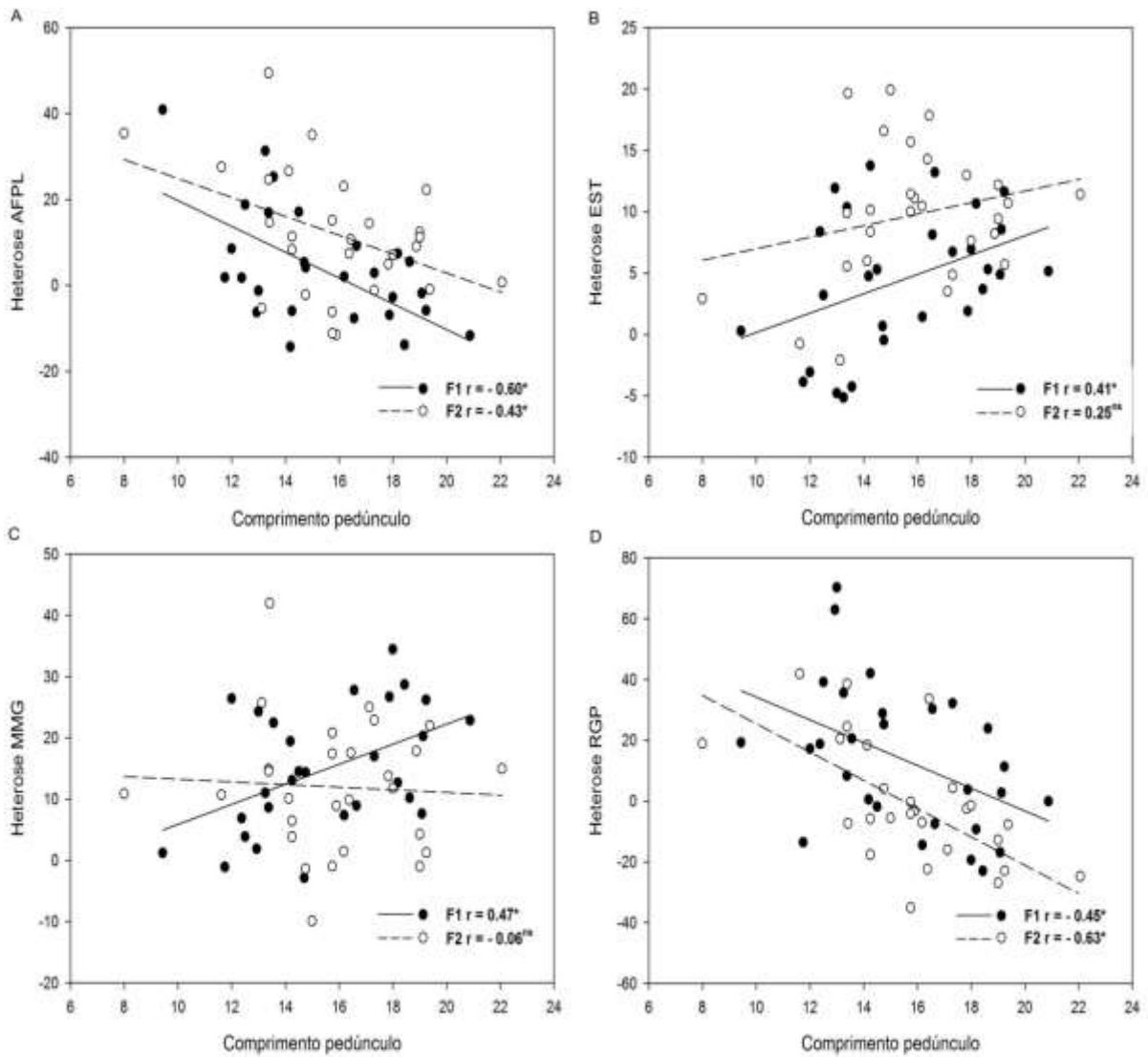


Figura 13. Correlação entre o comprimento do pedúnculo e a heterose para afilhos férteis por planta (A), estatura (B), massa de mil grãos (C), rendimento de grãos por planta (D). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

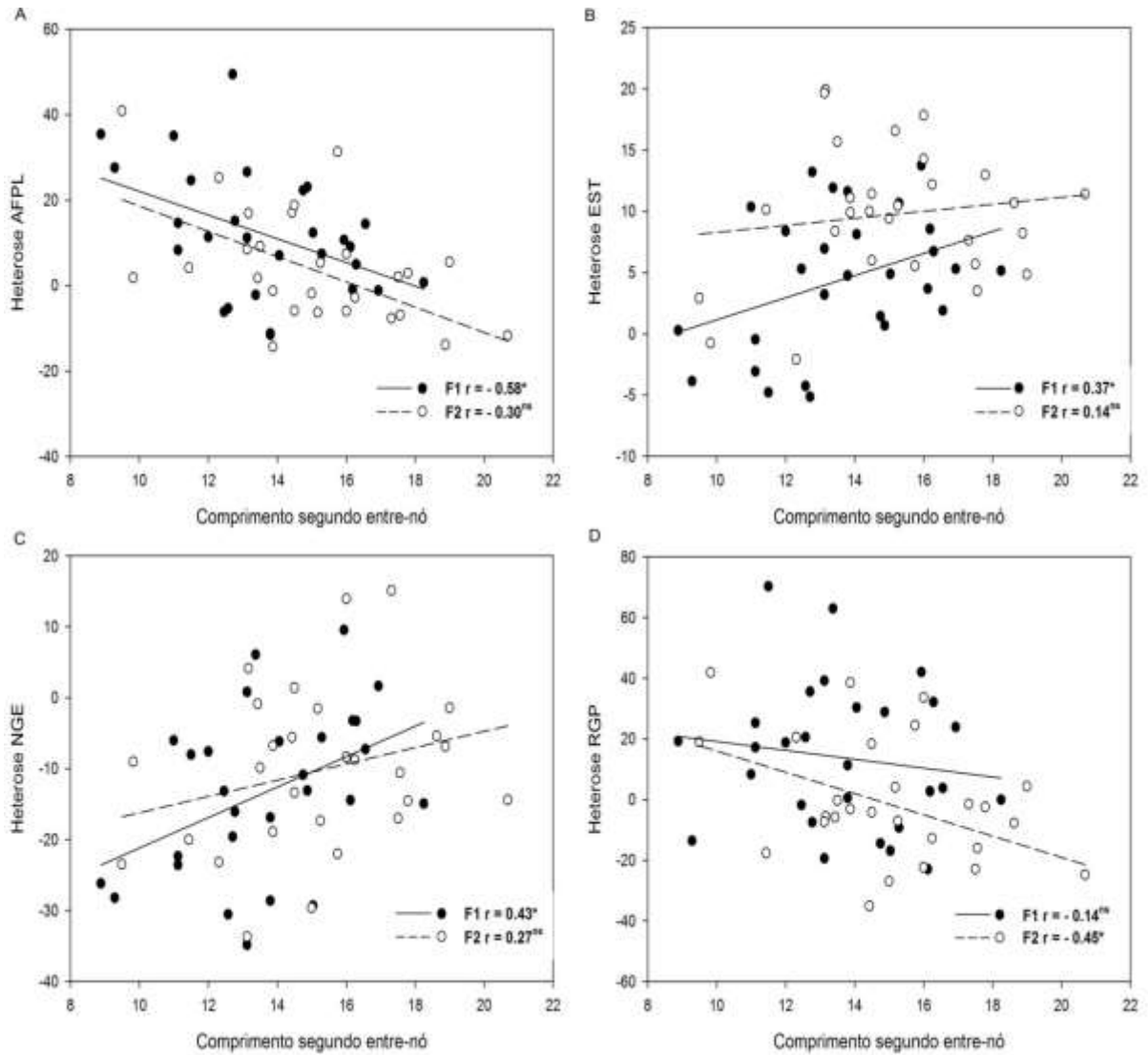


Figura 14. Correlação entre o comprimento do segundo entrenó e a heterose para afilhos férteis/planta (A), estatura (B), número de grãos por espiga (C), rendimento de grãos por planta (D). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

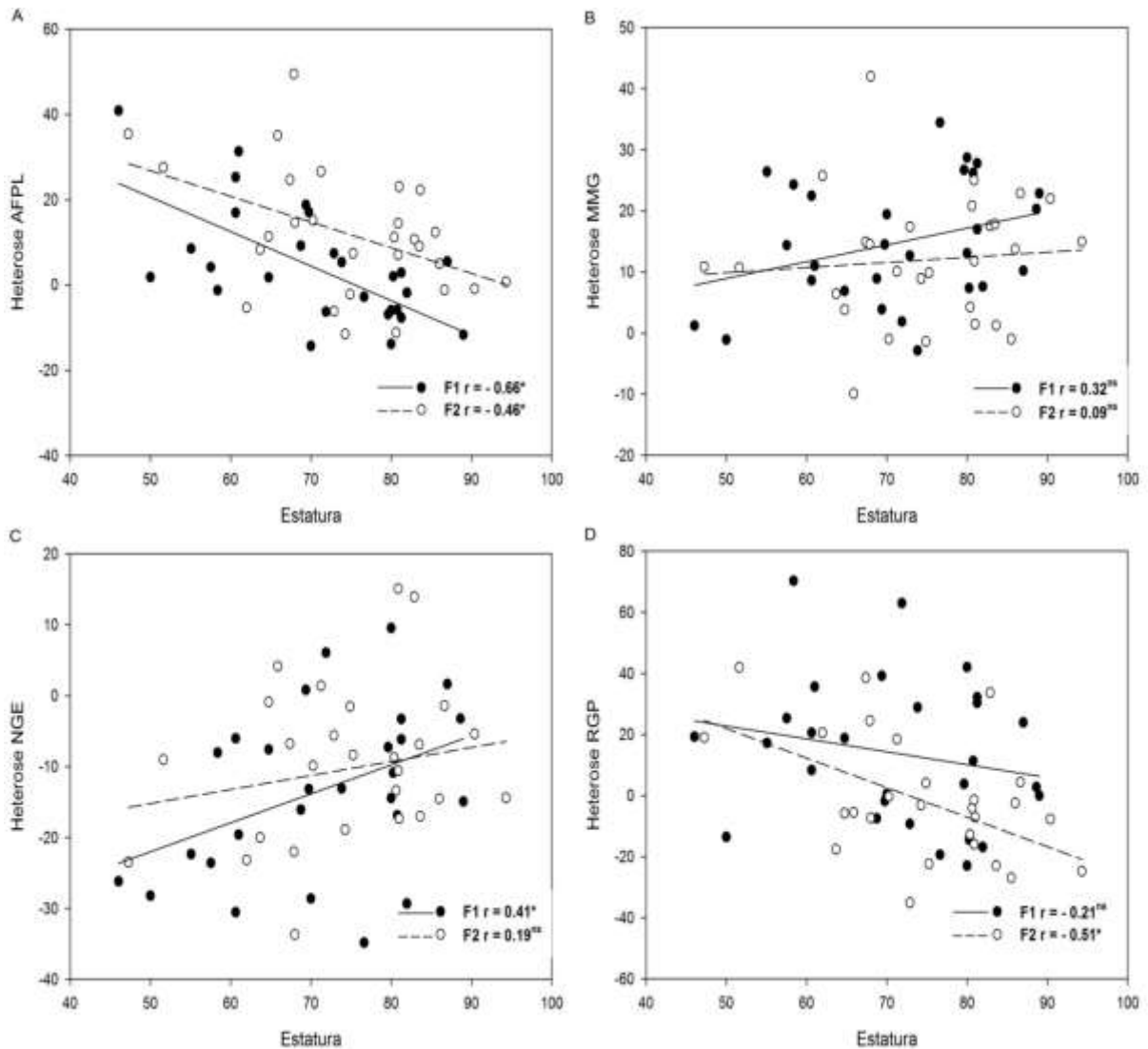


Figura 15. Correlação entre a estatura e a heterose para afilhos férteis por planta (A), massa de mil grãos (B), número de grãos por espiga (C), rendimento de grãos/por planta (D). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

As médias de desempenho de NEE nas duas gerações estudadas correlacionaram-se negativamente com a heterose da MMG (F1: $-0,43^*$; F2: $-0,38^*$) (FIGURA 16A), e o NEE não foi associado com o RGP (FIGURA 16B). Isso também ocorreu com a média do NGE e a heterose para MMG (F1: $-0,47^*$; F2: $-0,49^*$) (FIGURA 16C). Na geração F1 não houve associação significativa entre NGE e RGP ($0,34^{ns}$). Esses fatores devem ser trabalhados pelos melhoristas de maneira a harmonizar a relação entre os caracteres buscando uma arquitetura de planta adequada às modernas técnicas de cultivo aliado a um elevado rendimento.

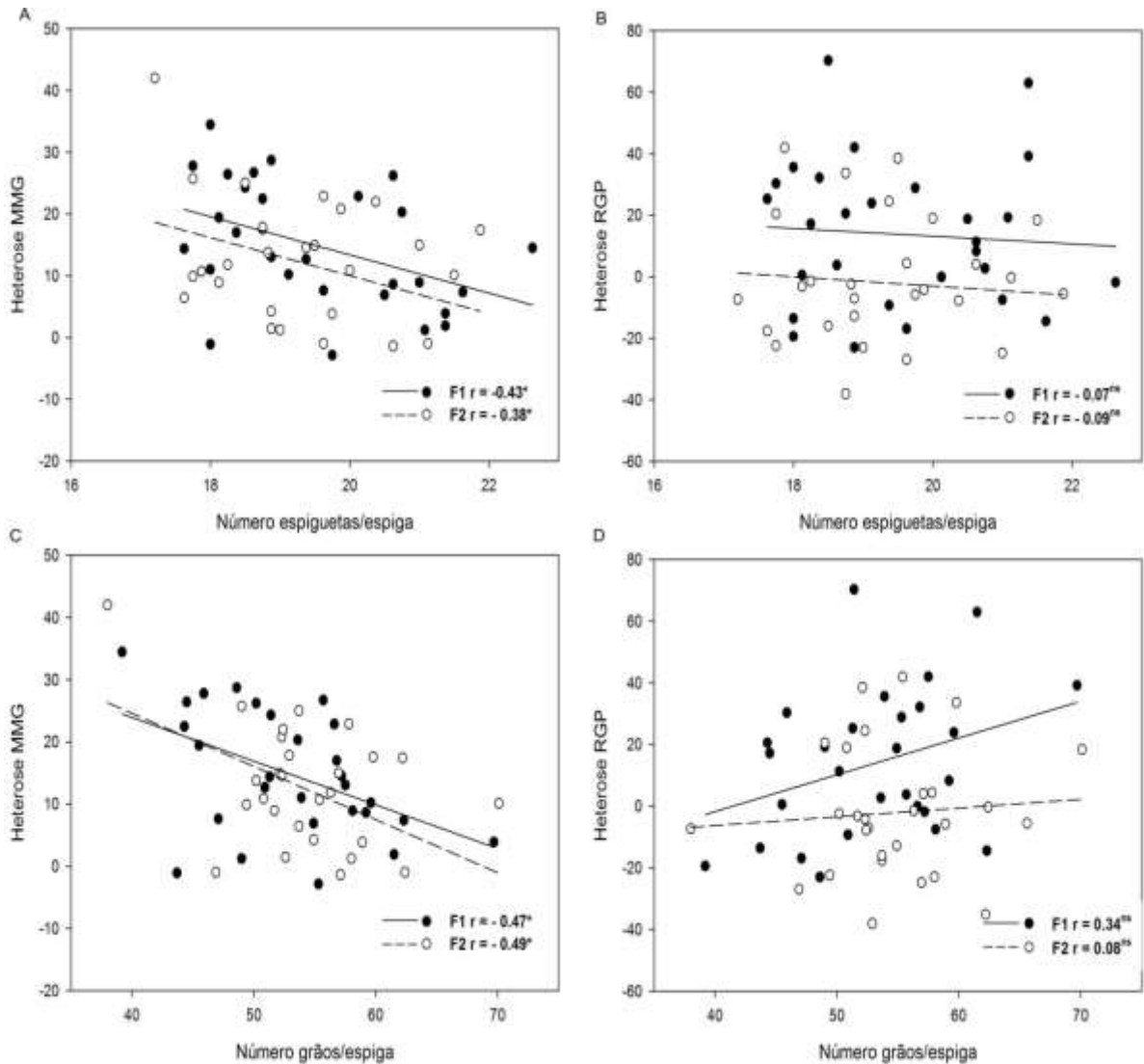


Figura 16. Correlação entre o número de espiguetas por espiga e a heterose para massa de mil grãos (A), rendimento de grãos por planta (B), número de grãos por espiga e a heterose para massa de mil grãos (C), rendimento de grãos por planta (D). UTFPR, campus Pato Branco, 2013.

A fim de buscar os efeitos das linhas anãs sobre o RGP, foi realizada a correlação entre as médias de desempenho e o RGP em separado para cada linhagem, ou seja, a correlação obtida apenas nos cruzamentos onde as linhagens estavam presentes: Grupo da linhagem CD 0827 (CD 0827 x CD 0985; CD 0827 x UTF 0605; CD 0827 x BRS Pardela; CD 0827 x Safira; CD 0827 x BRS Tangará; CD 0827 x CD 111; CD 0827 x CD 108), outro grupo com CD 0985 (CD 0827 x CD 0985; CD 0985 x UTF 0605; CD 0985 x BRS Pardela; CD 0985 x Safira; CD 0985 x BRS Tangará; CD 0985 x CD 111; CD 0985 x CD 108) e UTF 0605 (CD 0827 x UTF 0605; CD 0985 x UTF 0605; UTF 0605 x BRS Pardela; UTF 0605 x Safira; UTF 0605 x BRS Tangará; UTF 0605 x CD 111; UTF 0605 x CD 108).

A correlação entre o AFPL e o RGP não foi significativa para as três linhagens avaliadas, no entanto nos cruzamentos onde a linhagem UTF 0605 estava presente as progênies apresentaram média magnitude de associação na geração F1 (0,56^{ns}) (FIGURA 17 A), o que também ocorreu para a linhagem CD 0827 (0,47^{ns}) (FIGURA 17 B). Estas magnitudes de associação são superiores em comparação a média de todos os cruzamentos, 0,31^{ns} (F1) e 0,35^{ns} (F2) (FIGURA 17 C). Mahboob et al. (2002) encontraram elevada correlação entre perfilhos por planta com o rendimento de grãos para genótipos de diferentes estaturas. Rebetzke et al (2012) observaram que a combinação de alelos Rht podem afetar de forma diferenciada o número de espigas/m².

A associação entre EST e RGP entre todos os cruzamentos, na geração F1, apresentou menor magnitude (0,41*) em comparação aos valores obtidos individualmente para cada linha mãe (CD 0827: 0,96; CD 0985: 0,63^{ns}; UTF 0605: 0,86*). Mahboob et al., (2002), verificaram valores de correlação (0,24^{ns}) para plantas de maior estatura e (0,78*) de altura intermediária, indicando que reduções drásticas de estatura podem reduzir o rendimento de grãos. Waddington et al., (1986), Slafer et al., (1994) e Rebetzke e Richards (1999) observaram que os genes de nanismo nanismo Rht1 (RHT- B1b) e Rht2 (RHT- D1b) presentes em Norin 10 reduziram a estatura das plantas e aumentaram a produtividade de grãos , alterando a proporção de matéria seca alocada para o grão (índice de colheita) , e reduziram o acamamento das plantas.

Com o avanço para a geração F2 os valores de correlação entre EST e RGP não significativos (FIGURA 17 D,E,F). Em F1 observam-se as seguintes associações entre CP x RGP (CD 0827: 0,56^{ns}; UTF 0605: 0,71^{ns}); CSE x RGP (CD 0827: 0,89*; CD 0985: 0,68^{ns}; UTF 0605: 0,84*) e não significativas em F2 (FIGURA 18 A,B,C,D,E,F). Cruzamentos que originaram plantas F1 com EST muito reduzidas não apresentaram bons RGP, e com o aumento da EST ocorreu o aumento de RGP. Essas diferenças morfológicas acabam dificultando o trabalho do melhorista, o qual terá que optar pela combinação adequada entre os caracteres de modo encontrar plantas com arquitetura adequada e rendimentos superiores.

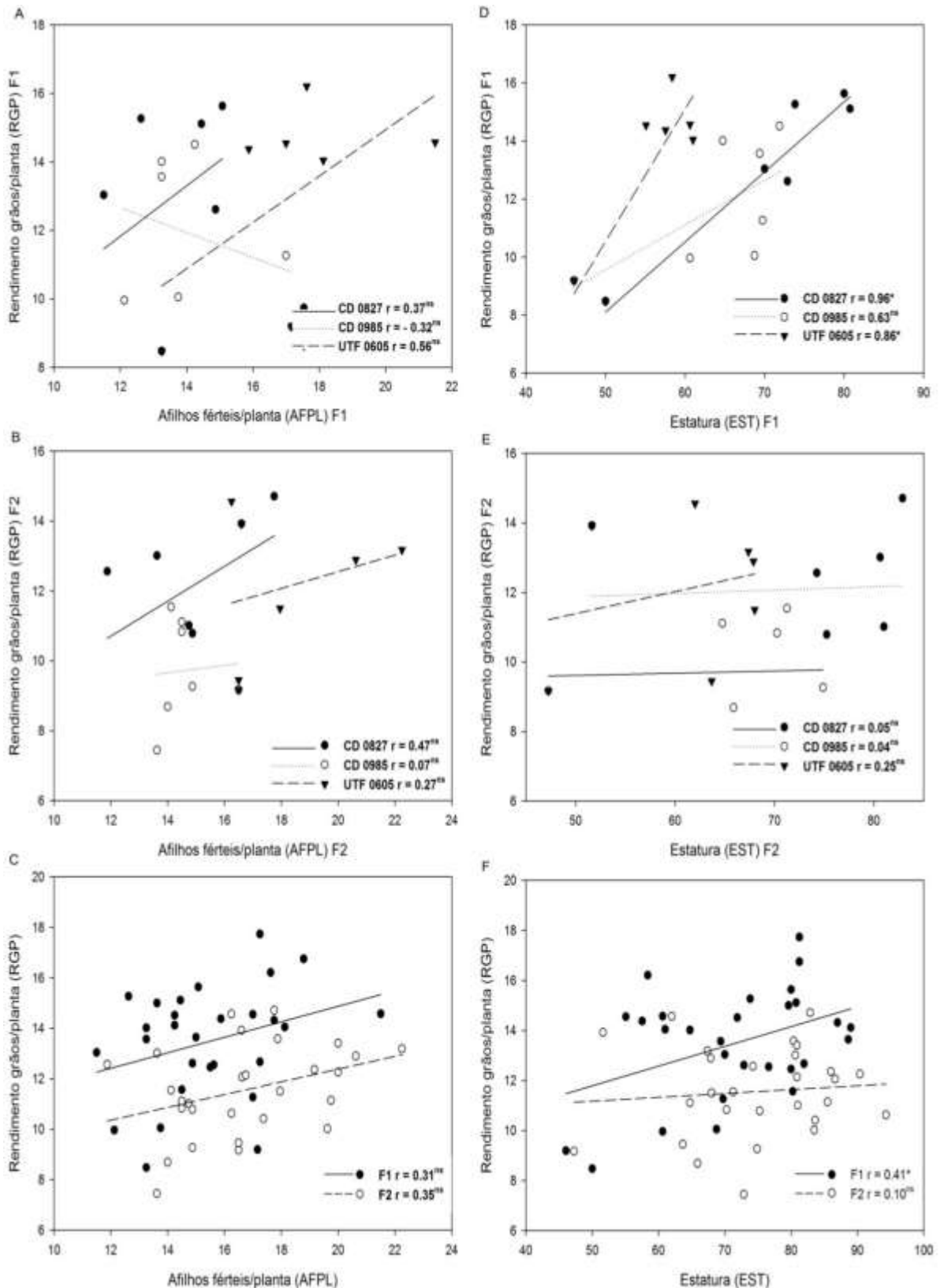


Figura 17. Correlação entre o número de afixos férteis e o rendimento de grãos por planta nos cruzamentos com CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 em F1 (A), em F2 (B) e correlação de todos os cruzamentos em F1 e F2 (C). Correlação entre a estatura e o rendimento de grãos por planta nos cruzamentos com CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 em F1 (D), em F2 (E) e correlação de todos os cruzamentos em F1 e F2 (F). UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2013.

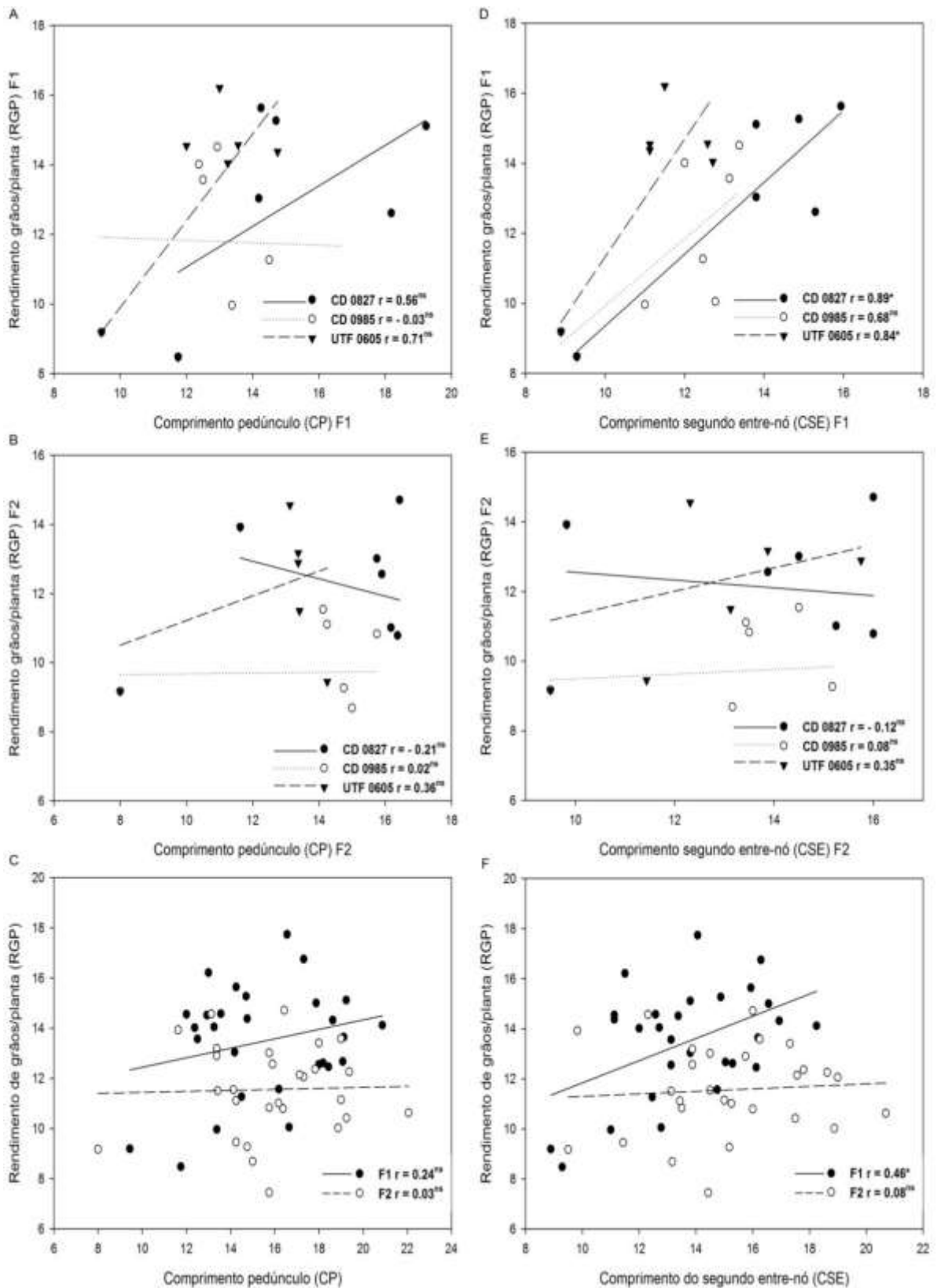


Figura 18. Correlação entre o comprimento do pedúnculo e o rendimento de grãos por planta nos cruzamentos com CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 em F1 (A), em F2 (B) e correlação de todos os cruzamentos em F1 e F2 (C). Correlação entre o comprimento do segundo entre-nó e o rendimento de grãos por planta nos cruzamentos com CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 em F1 (D), em F2 (E) e correlação de todos os cruzamentos em F1 e F2 (F). UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2013.

Na associação entre o NEE e NGE com RGP entre todos os cruzamentos (FIGURA 19 C,F) verificam-se valores próximos a zero e negativos nas duas gerações testadas (F1: -0,39*; F2: -0,50*); (F1: 0,04^{ns}; F2: -0,24*) respectivamente. Ocorreram as seguintes associações entre NEE x RGP nos cruzamentos com CD 0827 (0,35^{ns}); UTF 0605 (0,45^{ns}) em F1 e para NGE x RGP, CD 0827 (0,34^{ns}); CD 0985 (0,54^{ns}); UTF 0605 (0,35^{ns}). Estes valores foram diferentes na geração F2: NEE x RGP : CD 0827 (-0,57^{ns}), CD 0985 (-0,37^{ns}) e UTF 0605 (-0,18^{ns}), e NGE x RGP: CD 0827 (-0,24^{ns}) (FIGURA 19 A,B,D,E). Mahboob et al., (2002) verificaram que apenas genótipos de estatura média mostraram correlações significativamente positivas para número de grãos por espiga e produtividade de grãos. Rebtzke et al., (2012) observaram que a interação entre genes Rht para NGE não foi estatisticamente significativa e a presença de alelos Rht-B1b ou Rht-D1b foi associado com uma redução média de 17% na altura das plantas em vários ambientes, além disso, os alelos Rht foram associados com um aumento médio no número de grãos (13%) e uma pequena redução (-1%) em peso de grãos, com aumento de 13% no rendimento de grãos.

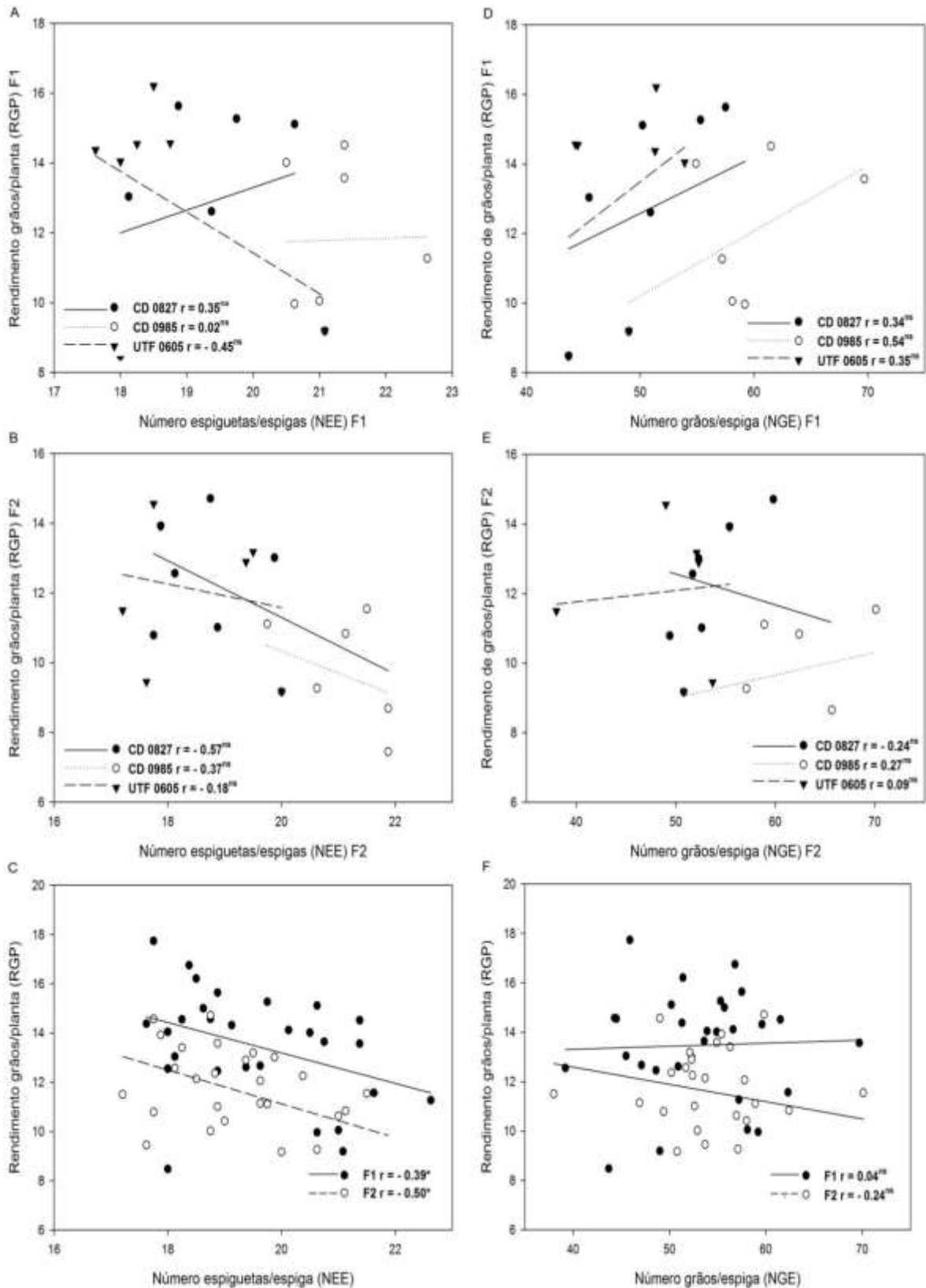


Figura 19. Correlação entre o número de espiguetas por espiga e o rendimento de grãos por planta nos cruzamentos com CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 em F1 (A), em F2 (B) e correlação de todos os cruzamentos em F1 e F2 (C). Correlação entre o número de grãos por espiga e o rendimento de grãos por planta nos cruzamentos com CD 0827, CD 0985 e UTF 0605 em F1 (D), em F2 (E) e correlação de todos os cruzamentos em F1 e F2 (F). UTFPR, Câmpus Pato Branco, 2013.

5 CONCLUSÕES

Foi identificado variabilidade genética, e efeitos gênicos aditivos e não-aditivos ocasionados pelas linhagens anãs, promovendo efeitos pleiotrópicos sobre os componentes de rendimento dos híbridos de trigo.

Os genitores anãos (UTF 0605; CD 0985 e CD 0827) são fontes promissoras de genes aditivos para diminuir a altura de planta bem como aumentar os componentes afilhos férteis por planta, número de grãos por espiga e massa de mil grãos, respectivamente.

Os cruzamentos CD 0827 x Safira, UTF 0605 x Safira, CD 0985 x CD 111, CD 0985 x CD 108, UTF 0605 x CD 111, UTF 0605 x BRS Tangará destacaram-se com maiores valores de capacidade específica de combinação para rendimento de grãos, e os dois primeiros foram superiores quando se considera os valores de heterose e heterobeliose e depressão endogâmica.

Ressalta-se os valores de correlação entre MMG e RGP nos cruzamentos com CD 0827, além de redução na estatura possibilitou o aumento da MMG e, conseqüentemente, o RGP nos cruzamentos testados.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Para escolha eficiente de materiais genéticos promissores, mais informações sobre o efeito pleiotrópico de linhagens portadoras de genes Rht são necessárias.

O rendimento de grãos é um fenômeno de herança poligênica e depende de seus componentes associados. Alelos Rht presentes em linhagens anãs alteram a morfologia da planta contribuindo para a redução na altura de plantas e um maior particionamento de fotoassimilados para espigas, podendo aumentar o número e a massa de mil grãos e, conseqüentemente, o rendimento de grãos.

A presença de linhagens com genes Rht reduz a altura de planta, possibilitando a seleção de genótipos de rendimento superior e estatura adequada. Maior herdabilidade para estatura nas primeiras gerações pode contribuir para uma efetiva seleção de plantas com arquitetura adequada.

A análise dialélica por meio do Método 2, Modelo B de Griffing (1956), e os coeficientes de correlação de Pearson indicaram genitores com capacidade geral de combinação e combinações híbridas promissoras.

A maximização da expressão do vigor híbrido conduz á hipótese de que deve-se conciliar alto número de locos em heterozigose no F1 a uma elevada capacidade de combinação entre os genitores, sendo que as combinações que apresentaram baixas depressões endogâmicas para rendimento de grãos por exemplo, tiveram maior participação de efeitos gênicos aditivos em relação aos não aditivos. Possivelmente na geração F2, os efeitos gênicos de dominância e epistasia contribuem para o aparecimento de plantas com características fenotípicas diferenciadas para determinada característica em questão, com maior ou menor depressão por endogâmia.

Por fim, os resultados deste estudo indicam que linhagens anãs oriundas de programas de melhoramento genético nacionais promovem efeitos pleiotrópicos positivos sobre alguns componentes de rendimento, tornando possíveis seus usos na obtenção de genótipos promissores.

Como forma de incrementar as informações obtidas nessa dissertação, sugere-se realizar novos trabalhos, como sugestão, identificar quais genes Rht estão presentes nas linhas anãs.

REFERÊNCIAS

- ABDEL-MONEAM, M. A.; Attia, A. N.; EL-Emery, M. I.; and FAYED, E. A.; Combining ability and heterosis for some Agronomic traits in crosses of maize. **Pakistan Journal Biology Science** v.12: p.433-438, 2009.
- AKBAR, M; KHAN, M.A.; REHMAN, A.; AHMAD, N.; Heterosis and heterobeltiosis for improvement of wheat grain yield. **Journal Agriculture Research** v.45: p.87-94, 2007.
- AKINCI, C.; Heterosis and combining ability estimates in 6 x 6 half diallel crosses of durum wheat (*Triticum durum* Desf.). **Bulgarian Journal Agriculture Science** v.15 (3): p.214-221, 2009.
- ALAM, M.F.; KHAN, M.R.; NURUZZAMAN, M.; Genetic basis of heterosis and inbreeding depression in rice (*Oryza sativa* L.); **Journal of Zhejiang University Science**, v.4: p.406-411, 2004.
- ALLAN, R. E.; genomic Comparisons Between Rht1 and Rht2 Semidwarf Genes in Winter Wheat; **Crop Science** v.29: p.1103-1108, 1989.
- BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W.L.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L.; Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.2, p.199-206, 2003.
- BEHAREV, A.; CAHANER, A. and PINTHUS, M.J.; Genetic correlations between culm length, grain yield and seedling elongation within tall (rht1) and semi-dwarf (Rht1) spring wheat (*Triticum aestivum* L.). **European Journal Agronomy**, v.9: p.35-40, 1998.
- BENIN, G.; OLEGÁRIO, G. S.; PAGLIOSA, E. S.; LEMES, C.; SIGNORINI, A.; BECHE, E.; CAPELIN, M. A. Capacidade de combinação em genótipos de trigo estimada por meio de análise multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 9, p. 1145-1151, 2009.
- BERGER, M.; PLANCHON, C.; Physiological factors determining yield in bread wheat. Effects of introducing dwarfism genes. **Euphytica**, Wageningen, v. 51, p. 33-39, 1990.
- BERRY, P.M.; SYLVESTER-BRADLEY, R.; BERRY, S.; Ideotype design for lodging resistant wheat. **Euphytica**, v.154, p.165–179, 2007.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C. de; SILVA, J.A.G. da; BENIN, G. HARTWIG ,I.; SCHMIDT, D.A.M.; VALÉRIO, I.P; FONSECA, D.R. da; SILVEIRA, G. da; Efeitos da heterose e endogamia em caracteres de importância agrônômica em trigo; **Revista Ceres**, Viçosa, v. 56, n.6, p. 753-763, 2009.

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

BILJANA, T. M.; KOBILJSKI, B.; OBREHT, D.; VAPA, L.; Evaluation of wheat Rht genes using molecular markers. **Genetika**, v.40, p.31-38, 2008.

BIRCHLER, J.A.; YAO, H.; CHUDALAYANDI, S.; VAIMAN, D.; and VEITIA, R.A.; Heterosis; **The Plant Cell**, V. 22: p.2105–2112, 2010.

BONNETT, D.G.; REBETZKE, G.J.; SPIELMEYER, W.; Strategies for efficient implementation of molecular markers in wheat breeding programs. **Molecular Breeding** v.15, p.75–85, 2005.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; **Melhoramento de Plantas**. 4. Ed. Viçosa: Editora UFV, 525p. 2005.

BÖRNER, A. J.; WORLAND, J.; PLASCHKE, E. S.; LAW, C. N.; Pleiotropic Effects of Genes for Reduced Height (Rht) and Day-Length Insensitivity (Ppd) on Yield and its Components for Wheat Grown in Middle Europe; **Plant Breeding**, V.111, n.3, p.204–216, 1993.

BÖRNER, A.; RODER, M.; KORZUN, V.; Comparative molecular mapping of GA insensitive Rht loci on chromosomes 4B and 4D of common wheat (*Triticum aestivum* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.95, p.1133-1137, 1997.

BOROJEVIC, K.; and BOROJEVIC, K.; The Transfer and History of “Reduced Height Genes” (Rht) in Wheat from Japan to Europe; **Journal of Heredity**, v.96 n.4, p.455–459, 2005.

BUTLER, J.D.; BYRNE, P.F.; MOHAMMADI, V.; CHAPMAN, P.L.; HALEY, S.D.; Agronomic performance of Rht alleles in a spring wheat population across a range of moisture levels. **Crop Science** v.45, p.939–947, 2005.

CAMARGO, C.E. de O.; Melhoramento do trigo. XX. Herdabilidades e correlações entre os componentes de produção em populações híbridas envolvendo fontes de nanismo. **Bragantia**, v.48, p.39-52, 1989.

CAVASSIM, J.E.; BORÉM, A.; Correlações em seis populações de trigo (*Triticum aestivum* L.). **Revista Ceres**, v.45, p.555-556, 1998.

CHAPMAN, S.C.; MATHEWS, K.L.; TRETOWAN, R.M.; SINGH, R.P.; Relationships between height and yield in near-isogenic spring wheats that contrast for major reduced height genes. **Euphytica** v.157, p.391–397, 2007.

CHEN, G.; ZHENG, Q.; BAO, Y.; LIU, S.; WANG, H. and LI, X.; Molecular cytogenetic identification of a novel dwarf wheat line with introgressed *Thinopyrum ponticum* chromatin; **Journal Bioscience**, v.37 n.1, p.149–155, 2012.

COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO E TRITICALE, 2010.
Disponível em:
http://www.cnpt.embrapa.br/culturas/trigo/informacoes_tecnicas_trigo_triticale_safr_2011.pdf.

CONAB – **Companhia nacional de abastecimento**; Disponível em:
<http://www.conab.gov.br/>;

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

CRUZ CD; REGAZZI AJ.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. rev. Viçosa: UFV. p.390, 2001.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, v.2. p.585, 2006.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. Ed. Viçosa: Editora UFV, v.1. p.480, 2004.

CRUZ, Pedro J.; CARVALHO, Fernando I. F. de; SILVA, Simone A.; KUREK, Andreomar J.; BARBIERI, Rosa L.; CARGNIN, Adelião; Influência do Acamamento Sobre o Rendimento de Grãos e Outros Caracteres em Trigo; **Revista brasileira Agrocência**, v. 9, n. 1, p. 05-08, 2003.

CRUZ, P. J.; Carvalho, F.I.F. de; Caetano, V. Da R.; Silva, S.A.; KUREK, A.J.; BARBIERI, R.L.; Caracteres Relacionados com a Resistência ao Acamamento em Trigo Comum; **Ciência Rural**, Santa Maria, v.31, n.4, p.563-568, 2001.

DAĞÜSTÜ, N.; Genetic analysis of grain yield per spike and some agronomic traits in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, v.32, p.249-25, 2008.

DALRYMPLE, D. G.; “Development and Spread of High Yielding Wheat Varieties in Developing Countries.” **Agency of International Development**, Washington, DC, 1986.

DAOURA, B. G., CHEN, L.; HU, Y.G.; Agronomic traits affected by dwarfing gene Rht-5 in common wheat (*Triticum aestivum* L.). **Australian Journal Crop Science** v.7 n.9, p.1270-1276, 2013.

DHONDE, S.R.; KUTE, N.S.; KANAWADE, D.G.; and SARODE, N.D.; Variability and character association in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Agricultura Science Dig.**, v.20: p.99-101, 2000.

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

ELHANI, S.; MARTOS, V.; RHARRABTI, Y.; ROYO, C.; GARCIA del MORAL, L.F.; Contribution of main stem and tillers to durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) grain yield and its components grown in Mediterranean environments. **Field Crops Research**, v.103, p.25-35, 2007.

ELLIS, M.H.; REBETZKE, G.J.; CHANDLER, P.; BONNETT, D.G.; SPIELMEYER, W.; RICHARDS, R.A.; The effect of different height reducing genes on the early growth of wheat. **Functional Plant Biology** v.31, p.583–589, 2004.

ELLIS, H. M.; BONNETT, D. G.; REBETZKE, G. J.; A 192 bp allele at the Xgwm261 locus is not always associated with the Rht8 dwarfing gene in wheat (*Triticum aestivum*). **Euphytica**, v.157, p.209-214, 2007.

EVANS; **Feeding the Ten Billion**. Plant and Population growth Cambridge University Press, 1998.

FEDERIZZI, L. C.; FANTINI, A.C.; CARVALHO, F. I. F.; Efeito do acamamento artificial em alguns genótipos de trigo de porte alto e baixo. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.24, n.3, p.465-469, 1994.

FERREIRA FILHO, A.W.P.; CAMARGO, C.E. de O.; AYALA-OSUNA, J.; Heritability estimates and correlations between grain yield and other wheat agronomic characters. **Científica**, v.30, p.39-51, 2002.

FISCHER, R. A.; and QUAIL, K. J.; The effect of major dwarfing genes on yield potential in spring wheats. **Euphytica** v.46, p.51–56, 1990.

FLINTHAM, J. E., e GALE, M. D.; The Tom Thumb dwarfing gene, Rht3, in wheat. I. Reduced pre harvest sprouting damage to bread-making quality. **Theory Apply Genetic** v.62, p.121–126, 1982.

FLINTHAM, J. E.; BORNER, A. A.; WORLAND, J.; GALE, M. D.; Optimizing wheat grain yield: effects of Rht dwarfing genes. **Journal of Agriculture Sciences**, v.128, p.11-25, 1997.

GALE, M. D.; e YOUSSEFIAN, S.; Dwarfing genes in wheat. In G. E. Russell (Ed.), **“Progress in Plant Breeding,”** pp. 1–35. Butterworths, London, 1985.

GALE, M.D.; and YOUSSEFIAN, S.; Pleiotropic effects of the Norin-10 dwarfing genes. Rht 1 and Rht 2 and interactions in response to chlormequat. **Proceedings of the 6th International Wheat Genetics Symposia**, (IWGS'84), Kyoto, Japan, p. 271-277, 1984.

GALE, M.D.; MARSHALL, G.A.; RAO, M.V.; A classification of the Norin 10 and Tom Thumb GENES IN British, Mexican, Indian and other hexaploid bread wheat varieties. **Euphytica**, v.30, n.2, p.355-361, 1981a.

GALE, M.D.; SLATER, A.M.; LENTON, J.R.; The induction of germination α -amylase during wheat grain development in unfavourable weather conditions **In: Mares DJ, ed. 4th International symposium on pre-harvest sprouting in cereals**. Colorado: Westview Press, p.273-82, 1987.

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

GEBEYEHOU, G.; KNOTT, D.R.; BAKER, R.J.; Relationships among durations of vegetative and grain filling phases, yield components, and grain yield in durum wheat cultivars. **Crop Science**, v.22, p.287-290, 1982.

GENT, M.P.N.; e KIYOMOTO, R.K.; Physiological and Agronomic Consequences of Rht Genes in Wheat; **Journal of Crop Production**; v.1 n.1, p.27-46, 1997.

GOODING, M. J.; ADDISU, M.; UPPAL, R. K.; SNAPE, J. W.; and JONES, H. E.; Effect of wheat dwarfing genes on nitrogen-use efficiency. **Journal of Agricultural Science**, v.150, n.1, p. 3-22, 2012.

GOWDA, M.; KLING, C.; WÜRSCHUM, T. ; LIU, W.; MAURER, H. P.; HAHN, V.; and REIF, J. C.; Hybrid Breeding in Durum Wheat: Heterosis and Combining Ability; **Crop Science**, v. 50, 2010.

GRIFFING, B.; Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences** v.9, p.462-93, 1956.

GUEDIRA, M.; GUEDIRA, G.B.; SANFORD, D.V.; SNELLER, C.; SOUZA, E.; and MARSHALL, D.; Distribution of Rht Genes in Modern and Historic Winter Wheat Cultivars from the Eastern and Central USA; **Crop Science**, v. 50, 2010.

GUERCIO, A.M.F. Del; CAMARGO, C.E. de O.; Herança da tolerância à toxicidade de alumínio em trigo duro; **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p.775-780, 2011.

HABIB, I.; and KHAN, A.S.; Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Asian Journal Plant Science**, v.2, p.1153-1154, 2003.

HALL, M.D.; VAN SANFORD, D.A. Diallel analysis of fusarium head blight resistance in soft red winter wheat. **Crop Science**, v.43, p.1663-1670, 2003.

HALLORAN, G.M. Genetic analysis of height in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.45, p.368-375, 1975.

HANSON, H., BORLAUG, N. E., e ANDERSON, R. G.; **“Wheat in the Third World.”** Westview Press, Boulder, CO., 1982.

HAQUE, M. A.; MARTINEK, P.; WATNABE, N.; KUBOYAMA, T.; Genetic mapping of gibberellic acid-sensitive genes for semi-dwarfism in durum wheat. **Cereal Research Communication**, v.39, p.171-178, 2011.

HASNAIN, Z.; ABBAS, G.; SAEED, A.; SHAKEEL, A.; MUHAMMAD, A.; and RAHIM, M.A.; Combining ability for plant height and yield related traits in wheat, *Triticum aestivum* L., **Journal Agriculture Researche**, v.44, n.3, p.167-175, 2006.

HOCHHOLDINGER, F.; and HOECKER, N.; Towards the molecular basis of heterosis. **Trends in Plant Science** v.12, p.427-432, 2007.

HOOGENDOORN, J.; RICKSON, J.M.; GALE, M.D.; Differences in leaf and stem anatomy related to plant height of tall and dwarf wheat. **Journal Plant Physiology** v.136, p.72–77, 1990.

HUSSAIN, F.; HUSSAIN, M.; IQBAL, M.M.; AKHTAR, M.A.; ZULKIFFAL, M. RIAZ-UD-DIN, H.; Heterosis studies in wheat crosses. **Journal Agriculture Researche** v.45, p.337-343, 2007.

IAPAR- **Instituto agronomico do Paraná**. Disponível em: <http://www.iapar.br/>.

INAMULLAH, H.A.; MOHAMMAD, F.; DIN, S.U; HASSAN, G.; GUL, R.; Evaluation of the heterotic and heterobeltiotic potential of wheat genotypes for improved yield. **Pakistan Journal Botanic** v.38, p.1159-1167, 2006.

IVANOVSKA, S.; KRALJEVIĆ-BALALIĆ, M.; and STOJKOVSKI, C.; Diallel Analysis for Plant Height in Winter Wheat; **Genetika**, V. 35, N.1, p.11-19, 2003.

JAIN A.K.; and RATHORE, R.K.S.; Evaluation of Combining Ability in Exotic Restorers and Indian Cultivars of Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Genetika** v.17 n.3, p.245-251, 1985.

JAMES, T.T; The association of the semi-dwarf genes Rht-B1 and Rht-D1 with Fusarium head blight resistance; Diploma thesis; University of Natural Resources and Life Sciences Vienna Department of Agrobiotechnology Tulln IFA Tulln; **Institute for Biotechnology in Plant Production**; Vienna, 2011.

JOSHI, A., CASTILLO, R.B. & MUELLER, L.D.; The contribution of ancestry, chance, and past and ongoing selection to adaptive evolution. **Journal Genetic** v.82, p.147–162, 2003.

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

KAMALUDDIN; SINGH, R.M.; PRASAD, L.C.; ABDIN, M.Z.; and JOSHI, A.K.; Combining ability analysis for grain filling duration and yield traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.) **Genetics and Molecular Biology** v.30, n.2, p.1415-4757, 2007.

KERTESZ, Z.; FLINTHAM, J.E.; and GALE, M.D.; Effects of Rht dwarfing genes on wheat grain yield and its components under eastern european conditions. **Cereal Res. Commun.**, v.19, p.297-304, 1991.

KHATUN, R.; SARKAR, R.H.; and SOBHAN, M.A.; Combining ability for yield and yield contributing characters of white jute (*Corchorus capsularis* L.). **Journal Botany**, Bangladesh v.39, p.79-85, 2010.

KONZAK, C. F.; Mutations and mutation breeding. In E. G. Heyne (Ed.), "Wheat and Wheat Improvement". **American Society of Agronomy**, Inc., Madison, WI, p. 428–433, 1987.

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

LAMKEY, K.R.; EDWARDS, J.W.; The quantitative genetics of heterosis, p. 31–48 in: The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops, edited by Coors, J.G. and Pandey, S. **Crop Science Society of America**, 1999.

LAW. C. N.; SNAPE, J. M.; WORLAND, A. J.; The genetical relationship between height and yield in wheat. **Heredity**, v.40, p.133-151, 1978.

LECAIN, D. R.; MORGAN, J. A.; and ZERBI, G.; Leaf anatomy and gas exchange in nearly isogenic semidwarf and tall winter wheat. **Crop Science** v.29, p.1246–1251, 1989.

LI, A.; YANGA, W.; LI, S.; LIU, D.; GUOC, X.; SUNA, J.; ZHANG, A.; Molecular characterization of three GIBBERELLIN-INSENSITIVE DWARF1 homologous genes in hexaploid wheat. **Journal of Plant Physiology** v.170, p.432– 443, 2013.

LIPPMAN, Z.B.; and ZAMIR, D.; Heterosis: revisiting the magic; **Trends in Genetics, Science Direct**, v.23 n.2, 2006.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.de; BENIN, G.; MACHIORO, V.S.; OLIVEIRA, A.C. de; SILVA, A.G. da; HARTWING, I.; SCHMIDT, D.A.M.; VALERIO, I.P.;

Capacidade Combinatória e Heterose em Cruzamento Dialélico de Aveia (*Avena sativa* L.); **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v.11, n. 2, p. 143-148, 2005.

LOSKUTOVA, N.P.; The Influence of Rht 1-5, Rht 8-9 and Rht 13 Genes on Morphological Characters and Yield Productivity of Wheat. **University Extension Press**, University Saskatchewan, Saskatoon, p.283-284, 1998.

LYNCH, M.; The genetic interpretation of inbreeding depression and outbreeding depression. **Evolution** v.45, 622–629, 1991.

MAAK, R. **Geografia física do Estado do Paraná**. Curitiba: Banco de Desenvolvimento do Paraná, p.350, 1968.

MACKEY, I.; Genetics and evolution principles principles of heterosis, in :Janossy and F.G.H. Lupton, eds, Proc. Eight Congr. **Eucarpia, Heterosis of plant breeding, Scientific Publishing Elsevier Company**. Amsterdam, Netherlands, p.17-33. 1976.

SIAL, M.A.; ARAIN, M. A.; JAVED, M. A.; and JAMALI, K. D.; Genetic Impact of Dwarfing Genes (Rht1 and Rht2) for Improving Grain Yield in Wheat. **Asian Journal of Plant Sciences**, v.1, p.254-256, 2002.

MATHEWS, K.L.; CHAPMAN, S.C.; TRETOWAN, R.; SINGH, R.P.; CROSSA, J.; PFEIFFER, W.; VAN GINKEL, M.; DELACY, I.; Global adaptation of spring bread and durum wheat lines near-isogenic for major reduced height genes. **Crop Science** v.46, p.603–613, 2006.

MAYDUP, M.L.; ANTONIETTA, M.; GUIAMET, J.J.; TAMBUSI, E.A.; The contribution of green parts of the ear to grain filling in old and modern cultivars of bread wheat (*Triticum aestivum* L.): Evidence for genetic gains over the past century; **Field Crops Research** v.134, p.208–215, 2012.

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

MENG, Y.; KANG, S.; LAN, S.; LI, X.; ZHANG, Y. and BAI, F.; Identification of SSR Marker Linked to a Major Dwarfing Gene in Common Wheat; **Journal of Integrative Agriculture**, v.12, n.5 p.749-755, 2013.

MENON, U.; SHARMA, S. N. Genetics of yield determining factors in spring wheat over environments. **Indian Journal Genetic**, New Delhi, v. 57, n. 3, p. 301-306, 1997.

MILACH, S. C. K.; and FEDERIZZI, L. C.; Dwarfing Genes In Plant Improvement; **Advances in Agronomy**, v.73, 2001.

MIRALLES, D.J.; SLAFER, G.A.; Grain weight reductions in wheat associated with semi dwarfism: an analysis of grain weight at different positions within the spike of near-isogenic lines. **Journal Agronomy Crop Science** v.177, p.9–16, 1996.

MORGAN, J. A.; LECAIN, D. R.; and WELLS, R.; Semidwarfing genes concentrate photosynthetic machinery and affect leaf gas exchange of wheat. **Crop Science** v.30, p.602–608, 1990.

MORRISON, K. J., e VOGUEL, O. A.; “**Gaines, a Semidwarf Winter Wheat for the Pacific North - west.**” Washington State University, Washington, 1962.

NAZEER, A.W.; SAFEER-UL-HASSAN, M. and AKRAM, Z.; Genetic architecture of some agronomic traits in diallel cross of bread wheat. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v.7, p.1340-1342, 2004.

NIZAM UDDIN, M.; and MARSHALL, D. R.; Effects of dwarfing genes on yield and yield components under irrigated and rainfed conditions in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Euphytica** v.42, p.127–134, 1989.

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

PINTHUS, M.J.; and LEVY, A.A.; The relationship between the Rht1 and Rht2 dwarfing genes and grain weight in *Triticum aestivum* L. spring wheat. **Theoretical applied Genetics** v.66, p.153-156., 1983.

PINTHUS, M.J.; Yield, grain weight and height relationships in two random samples of early semi-dwarf genotypes of spring wheat (*Triticum aestivum* L.). **Plant Breeding**, v.99, p.34-40, 1987.

QIXIN, S.; ZHONGFU, N.; HUIRU, P.; YINGYIN, Y.; JINKUN, D.; GANG, L.; TOWARDS The Understanding Of Genetic And Molecular Basis Of Heterosis In Wheat (*TRITICUM aestivum* L.). **Department of Plant Genetics and Breeding**, China Agricultural University, Beijing, China, 2008. [online] (2010). Disponível em: <http://ses.library.usyd.edu.au/bitstream/2123/3423/1/P301.pdf> [Accessed Mar. 28, 2011].

REBETZKE, G.J.; and Richards, R.A.; Genetic improvement of early vigour in wheat. **Australian Journal Agriculture Research**, v.50, p.291-301, 1999.

REBETZKE, G.J.; RICHARDS, R.A.; FISCHER, V.M.; MICKELSON, B.J.; Breeding long coleoptile, reduced height wheats. **Euphytica** v.106, p.159–168, 1999.

REBETZKE, G.J.; BONNETT, D.G.; ELLIS, M.H.; Combining gibberellic acid-sensitive and insensitive dwarfing genes in breeding of higher-yielding, sesquidwarf wheats. **Field Crops Research** v.127, p.17–25, 2012.

REBETZKE, G.J.; ELLIS, M.H.; BONNETT, D.G.; MICKELSON, B.; CONDON, A.G.; RICHARDS, R.A. Height reduction and agronomic performance for selected gibberellin-responsive dwarfing genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Field Crops Research** v.126 p.87–96, 2012.

REBETZKE, G.J.; ELLIS, M.H.; BONNETT, D.G.; CONDON, A.G.; FALKB, D.; RICHARDS, R.A.; The Rht13 dwarfing gene reduces peduncle length and plant height to increase grain number and yield of wheat; **Field Crops Research** v.124 p.323–331, 2011.

REITZ, L. P.; “Short Wheats Stand Tall.” **Yearbook of Agriculture**, Washington, DC., 1968.

REYNOLDS, M.P.; ORTIZ-MONASTERIO, J.I.; and MCNAB A.; **Application of physiology in wheat breeding**. Mexico, D.F.: CIMMYT, 2001.

RICHARDS, R.A.; The effect of dwarfing genes in spring wheat in dry environments. Agronomic characteristics. **Australian Journal Agriculture Research** v.43, p.517–527, 1992a.

ROBBINS, R.A.; **Dwarfing genes in spring wheat: An agronomic comparison of Rht-B1, Rht-D1, and Rht8**. Masters Thesis, Montana State University, Bozeman, Montana. p.23-28, 2009.

RODRIGUES, O.; LHAMBY, J. C. B.; DIDONET, A. D.; MARCHESE, J. A.. Fifty years of wheat breeding in Southern Brazil: yield improvement and associated changes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 6, p. 817-825, 2007.

ROUSSELLE, Y; THOMAS, M; GALIC, N; BONNIN, I; and GOLDRINGER, I; Inbreeding depression and low between-population heterosis in recently diverged experimental populations of a selfing species. **Heredity**, p.1–11, 2010.

SALEEM, M.; CHOWDHRY, M.A.; KASHIF, M. AND KHALIQ, M.; Inheritance pattern of plant height, grain yield and some leaf characteristics of spring wheat. **International Journal of Agriculture & Biology**, v.7, n.6, p.1015-1018, 2005.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, 1974.

SIAL, M.A.; ARAIN, M. A.; JAVED M. A.; and JAMALI, K.D.; Genetic Impact Of Dwarfing Genes (Rht1 And Rht 2) For Improving Grain Yield In Wheat; **Asian Journal Of Plant Sciences**, v.1, n.3, p.254-256, 2002.

SILVA, J.A.G. da; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C. de; VIEIRA, E.A.; BENIN, G.; VALÉRIO, I.P.; CARVALHO, M.F.; FINATTO, T.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G.; Correlação de acamamento com rendimento de grãos e outros caracteres de interesse agrônômico em plantas de trigo; **Ciência Rural**, Santa Maria, v.36, n.3, p. 756-764, 2006.

SINGH, H.; SHARMA, S. N.; SAIN, R.S.; Heterosis studies for yield and its components in bread wheat over environments. **Hereditas**, v.141, p.106-114, 2004.

SLAFER, G.A., SATORRE, E.H.; and ANDRADE, F.H.; Increases in Grain Yield in Bread Wheat from Breeding and Associated Physiological Changes. In: **Genetic Improvement of Field Crops**, Slafer, G.A. (Ed.). Marcel Dekker Inc., New York, p.1-68, 1994.

SOLOMON, K.F.; LABUSCHAGNE, M.T.; VILJOEN, C.D.; Estimates of heterosis and association of genetic distance with heterosis in durum wheat under different moisture regimes. **Journal Agriculture Science** v.145, p.239-248, 2007.

SPIERTZ, J.H.J.; HAG, B.A.T.; KUEPERS, L.J.P.; Relation between Green área duration and grain yield in some varieties of spring wheat. **Nethisland Journal of Agricultural Science**, Wageningen – Holanda, v.19, n.1, p.211 – 222, 1971.

STAPPER, M.; FISCHER, R. A.; Genotype, sowing date and plant spacing influence on high-yielding irrigated wheat in southern New South Wales. I. Phasic development canopy growth and spike production. **Australian Journal of Agricultural Research** v.41, p.997±1019, 1990.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; **Principles and procedures of statistics: a biometric approach**. 2.ed. New York : McGraw-Hill, p.633, 1980.

STODDART, J.L.; LLOYD, E.J.; Modification by gibbeellin of the growth-temperature relationship in mutant and normal genotypes of several cereals. **Planta** v.167, p.364-368, 1986.

TANG, N.; YING, J.; BEI-RU, H.E. and YIN-GANG, H.U.; The Effects of Dwarfing Genes (Rht-B1b, Rht-D1b, and Rht8) with Different Sensitivity to GA3 on the Coleoptile Length and Plant Height of Wheat; **Agricultural Sciences in China**, v.8, n.9, p.1028-1038, 2009.

TEIXEIRA FILHO, M. C. M.; BUZETTI, S.; ANDREOTTI, M.; ARF, O.; BENETT, C. G. S.; Doses, fontes e épocas de aplicação de nitrogênio em trigo irrigado em plantio direto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 8, p. 797-804, 2010.

TOPAL, A.; AYDIN, C.; AKGÜN, N.; BABAOĞLU, M.; Diallel cross analysis in durum wheat (*Triticum durum* Desf.): identification of best parents for some kernel physical features. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 87, n. 1, p. 1-12, 2004.

USDA - **United States Department of Agriculture**; Disponível em: <http://www.usda.gov/oce/forum/>;

WADDINGTON, S.R.; RANSOM, J.K.; OSMANZAI, M.; and SAUNDERS, D.A.; Improvement in the yield potential of bread wheat adapted to Northwest Mexico. **Crop Science**, v.26, p.698-703, 1986.

WANG, J.; CHAPMAN, S.C.; BONNETT, D.G.; REBETZKE, G.J.; CROUCH, J.; Application of population genetic theory and simulation models to efficiently pyramid multiple genes via marker-assisted selection. **Crop Science** v.47, p.580–588, 2007.

WATANABE, N.; Genetic collection and development of near-isogenic lines in durum wheat. **Bulletin Vogis**, v.12, p.636-643, 2008.

WOJCIECHOWSKI, T.; GOODING, M.J.; RAMSAY, L.; GREGORY, P.J.; The effects of dwarfing genes on seedling root growth of wheat. **Journal of Experimental Botany** v.60, n.9, p.2565-2573, 2009.

YANG, L.; LIU, B. H.; ZHAI, H. Q.; WANG, S. H.; LIU, H. W.; ZHOU, Y.; MENG, F. H.; YANG, J. P.; ZHU, G.; CHUI, S. L.; ZHANG, Q. H.; & WEI, Y. L.; Dwarf Male-Sterile Wheat: A Revolutionary Breeding Approach to Wheat; Q.Y. Shu (ed.), *Induced Plant Mutations in the Genomics Era*. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**, Rome p.370-372, 2009.

YANG, S.; LIU, S.; Distribution and genetic analysis of dwarfing genes Rht-D1b in Chinese bread wheat cultivars and lines. **Electronic Wheat Information Service**, 102.[2006-09-05]. <http://www.shigen.nig.ac.jp/ewis/article/archive.do>, 2006.

YAO, J.B.; MA, H.X.; REN, L.J.; ZHANG, P.P.; YANG, X.M.; YAO, G.C.; ZHANG, P.; ZHOU, M.P. Genetic analysis of plant height and its components in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Australian Journal of Crop** v.5, n.11, p.1408-1418; 2011.

YOUSSEFIAN, S.; KIRBY, E.J.M.; GALE, M.D.; Pleiotropic effects of the gibberellin-insensitive Rht dwarfing genes in wheat II. Effects on leaf, stem, ear and floret growth. **Field Crops Research**. v.28, p.191–210, 1992.

ZADOKS, J.C.; CHANG, T.T.; KONZAK, C.F. A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, Oxford, v.14, p.415-421, 1974.

ZAGONEL, J.; e FERNANDES, E.C.; Doses e Épocas de Aplicação de Redutor de Crescimento Afetando Cultivares de Trigo em Duas Doses de Nitrogênio; **Planta Daninha**, Viçosa-MG, v.25, n. 2, p. 331-339, 2007.