

Retrocruzamento como uma estratégia de identificar genótipos e desenvolver populações segregantes promissoras em aveia

Backcross as a strategy to identify genotypes and develop promising oat segregating populations

Claudir Lorencetti¹ Fernando Irajá Félix de Carvalho² Antonio Costa de Oliveira²
Igor Pirez Valério³ Irineu Hartwig³ Volmir Sérgio Marchioro⁴ Eduardo Alano Vieira⁵

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar a utilização do método de retrocruzamento entre genitores elite para obtenção de maior probabilidade de desenvolver progênes superiores de aveia que propiciem elevado êxito na seleção. Foram coletados dados dos caracteres: número de panículas por planta e rendimento de grãos da planta individual em kg ha⁻¹. Foram utilizados cinco genótipos de aveia (UPF 16, UPF 18, UFRGS 7, UFRGS 17 e URPEL 95/015), cruzados de forma dialélica. Através de retrocruzamentos, foram desenvolvidas as populações RC₁P₁, RC₁P₂, RC₁P₁F₂, RC₁P₂F₂, RC₂P₁ e RC₂P₂, e, a partir dos genitores, foram produzidas as gerações F₁ e F₃. Os híbridos F₁, as populações F₃ e os retrocruzamentos foram avaliados a campo no ano agrícola de 2003. A superioridade dos retrocruzamentos, em relação à população F₃, foi dependente do cruzamento. Os genitores UPF 16, UFRGS 7 e UFRGS 17 produziram progênes progressivamente melhores quando as constituições dos mesmos foram incrementadas na população. Estes resultados foram evidenciados em 75% dos cruzamentos, nos quais os referidos genótipos participaram. Por outro lado, UPF 18 e URPEL 95/015 evidenciaram genes menos favoráveis para elevar o potencial genético do rendimento de grãos nas combinações testadas, com tendência a reduzir o desempenho das progênes com o aumento de suas participações nas hibridações.

Palavras-chave: retrocruzamento, dialélico, rendimento de grãos.

ABSTRACT

The objective of this work was to develop the use of backcrosses among elite parental lines and to identify the parents

with higher probability of developing superior progenies when used in crossing blocks. The following traits were analyzed: number of panicles per plant and plant grain yield in kg. ha⁻¹. Five oat genotypes (UPF 16, UPF 18, UFRGS 7, UFRGS 17 and URPEL 95/015) were crossed on a diallel design not considering reciprocal crosses. F₁ populations were obtained from the cross of parental lines. These populations were either backcrossed to obtain the populations BC₁P₁, BC₁P₂, BC₁P₁F₂, BC₁P₂F₂, BC₂P₁ and BC₂P₂, or selfed to obtain F₂ and F₃ generations. The F₁ hybrids, the F₃ populations and the backcrosses were field evaluated during a 2003 winter season. A cross dependent superiority was observed for backcrosses, when compared to the F₃ population. An improvement in progeny superiority was observed when the background was increased for the genotypes UPF 16, UFRGS 7 and UFRGS 17. These results were observed in 75% of the crosses, in which those genotypes were present as parental lines UPF 18 and URPEL 95/015 presented less favorable genes to increase grain yield, showing a tendency to reduce the performance of progenies when of their genetic background was increased in the tested combinations.

Key words: backcross, diallel, grain yield.

INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de genótipos superiores é um objetivo contínuo dos programas de melhoramento genético de qualquer espécie cultivada. Melhoristas que trabalham com espécies autógamas realizam cruzamentos entre genótipos na expectativa

¹ALLIANCE ONE, Rua Thomaz Gonzaga 666, 96880.000, Vera Cruz, RS, Brasil.

²Departamento de Fitotecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM), Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), CP 354, 96010-900, Pelotas, RS, Brasil. E-mail: carvalho@ufpel.tche.br. Autor para correspondência.

³Programa de Pós-graduação em Agronomia (Fitomelhoramento), UFPEL, Pelotas, RS, Brasil.

⁴COODETEC. BR 467, km 98. Cascavel PR, Brasil.

⁵Embrapa Cerrados, BR 020, km 18, CP 08223, 73310-970, Planaltina DF, Brasil.

de recuperação de constituições genéticas com maior potencial produtivo e qualidade, durante as gerações de autofecundação. Normalmente, nas gerações segregantes, a heterose é perdida, assim como a heterozigosidade. No caso de cruzamentos entre genótipos elite, os melhoristas de muitas espécies têm direcionado atenção à seleção dos genitores ou aos testes de geração precoce para obter constituições com elevada frequência de alelos favoráveis (FEHR, 1987).

A questão-chave no desenvolvimento de uma população proveniente de cruzamentos é a probabilidade de recuperação de progênies homocigotas com maior frequência de alelos favoráveis do que qualquer um dos genitores. Esta probabilidade é dependente dos seguintes fatores: número de alelos favoráveis distintos entre os genitores usados para gerar a população; contribuição relativa dos alelos desejáveis dos genitores; probabilidade de fixação dos alelos em um bloco gênico individual e diferenças genéticas necessárias para o pesquisador distinguir a planta superior do restante da população (ISLEIB, 1999).

A maioria dos programas de melhoramento rotineiramente possui um conjunto de genótipos que constitui a base para o desenvolvimento de combinações genéticas favoráveis (PEEL & RASMUSSEN, 2000). O germoplasma de uma espécie existe separadamente em populações, variedades ou genótipos. O grande desafio do melhorista é reunir em um só genótipo a maior frequência de alelos favoráveis possível, oriundos das diferentes fontes. É óbvio que esta não é uma tarefa fácil e a dificuldade é ainda maior em espécies de autofecundação (REDDY & COMSTOCK, 1976).

O retrocruzamento é um método utilizado frequentemente com o objetivo de transferir pequenas porções genômicas de genótipos não adaptados ou espécies selvagens para genótipos elite, deficientes nestes aspectos. Essas porções genômicas normalmente são caracteres de controle qualitativo como resistência a pragas e moléstias. Vários exemplos em diferentes culturas podem ser encontrados na literatura, como por exemplo, em cevada (GEBHARDT et al., 1992), trigo (CARVER & RAYBURN, 1994), soja (VELLO et al., 1984), aveia (LAWRENCE & FREY, 1975; MURPHY & FREY, 1984), entre outros. Em cruzamentos entre genótipos elite de feijão, ROSAL et al. (2000) utilizaram o retrocruzamento entre genótipos elite e observaram maior frequência de famílias com desempenho superior em populações com 75% dos

alelos de um dos genótipos, superior inclusive ao genitor recorrente.

Em relação ao controle genético do caráter rendimento de grãos e de seus componentes primários, as informações disponíveis sugerem a existência de vários genes controlando tais caracteres. Dessa forma, genótipos que associem os alelos desejáveis na sua intensidade máxima não são disponíveis; ou seja, tais alelos estão separados em constituições genéticas diferentes e a opção é realizar cruzamentos entre elas visando a reunir um grande número de alelos favoráveis em um único indivíduo (segregação). Na condução de programas desta natureza, um questionamento que surge é: qual a estratégia para se obter uma população segregante que possibilite maior sucesso na seleção. Há pelo menos três possibilidades: utilizar uma população com 50% dos alelos de cada genitor ou utilizar o retrocruzamento, podendo assim obter populações com 25% ou 75% dos alelos, dependendo de qual foi o genitor recorrente (RAMALHO et al., 1998), ou ainda outras proporções dependendo do número de ciclos de retrocruzamentos e da quantidade de genótipos empregados para desenvolver estas populações segregantes.

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a possibilidade de utilizar o método do retrocruzamento entre genitores elite, visando ao desenvolvimento de genótipos com maior frequência de alelos favoráveis, a partir de diferentes níveis das constituições genéticas desses genitores, e identificar os genitores com maior probabilidade de desenvolver progênies superiores quando utilizados em blocos de cruzamentos.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados provêm de um experimento conduzido no Centro Agropecuário da Palma, na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, localizado no município de Capão do Leão/RS, no ano de 2003. O solo é do tipo Podzólico Vermelho-amarelo, o qual foi adubado de acordo com análise de solo. Foi efetuado controle de moléstias da parte aérea, com duas aplicações de fungicida Tebuconazole (Folicur), na dose de 0,75L ha⁻¹ do produto comercial. A primeira aplicação foi realizada no surgimento das primeiras pústulas da ferrugem da folha (*Puccinia coronata* f. sp. *avenae*) e a segunda, no ressurgimento desta doença.

Os genitores foram escolhidos com base no rendimento de grãos e caracteres agronômicos de importância agrônômica, bem como pela dissimilaridade

morfológica apresentada por eles. Cinco genótipos de aveia (UPF 16, UPF 18, UFRGS 7, UFRGS 17 e URPeI 95/015) foram cruzados de forma dialélica, sem a realização dos cruzamentos recíprocos, gerando os seguintes cruzamentos: C1 = UPF 16 x UPF 18; C2 = UPF 16 x UFRGS 7; C3 = UPF 16 x UFRGS 17; C4 = UPF 16 x URPeI 95/015; C5 = UPF 18 x UFRGS 7; C6 = UPF 18 x UFRGS 17; C7 = UPF 18 x URPeI 95/015; C8 = UFRGS 7 x UFRGS 17; C9 = UFRGS 7 x URPeI 95/015 e C10 = UFRGS 17 x URPeI 95/015; As sementes híbridas foram obtidas durante a estação fria de 2001, através de cruzamentos artificiais.

As populações F_2 (em média 300 plantas F_2 por população) foram produzidas pela autofecundação de plantas F_1 durante o verão de 2001/2002, em casa-de-vegetação. As populações F_3 foram compostas a partir de uma amostra das melhores plantas (20%) da geração F_2 , selecionadas a partir do caráter rendimento de grãos, utilizando como critério plantas com rendimento de grãos superior ou igual à média mais um desvio padrão, sendo conduzidas a campo no ano de 2002, em uma única parcela.

Foram desenvolvidas populações, através de retrocruzamentos, com diferentes níveis da constituição genética dos genitores: 87,5% do genitor 1 (RC_2P_1), 75% do genitor 1 (RC_1P_1), 25% do genitor 1 (RC_1P_2) e 12,5% do genitor 1 (RC_2P_2). Isto devido ao fato de que, em cada ciclo de cruzamento, cada genitor contribui com 50% para formação da próxima geração; por exemplo, para o retrocruzamento (RC_1P_1), a população tem 75% da constituição genética do genitor 1 mais 25% do genitor 2, ou seja, RC_1P_1 (50% do P_1 + 25% do P_2 + 25% do P_1). As populações RC_1P_1 ($F_1 \times P_1$) e RC_1P_2 ($F_1 \times P_2$) foram obtidas por cruzamentos artificiais durante o verão de 2001/2002, em casa-de-vegetação. O segundo ciclo de retrocruzamentos: RC_2P_1 ($RC_1P_1 \times P_1$) e RC_2P_2 ($RC_1P_2 \times P_2$) foram realizados no inverno de 2002, da mesma forma que o primeiro ciclo. Por autofecundação de RC_1P_1 ($F_1 \times P_1$) e RC_1P_2 ($F_1 \times P_2$) foi possível a obtenção das populações $RC_1P_1F_2$ e $RC_1P_2F_2$.

Em 2003, as seguintes populações, com a respectiva variação de números de indivíduos, entre parênteses, foram conduzidas a campo: genitores (20-28), F_1 (22-28), F_3 (98-118), RC_1P_1 (22-35), RC_1P_2 (20-37), $RC_1P_1F_2$ (42-56), $RC_1P_2F_2$ (40-54), RC_2P_1 (29-38) e RC_2P_2 (30-35). A amplitude de variação reporta o número mínimo e máximo de plantas para a referida população, dependendo do cruzamento. Cada planta foi considerada uma unidade experimental. As plantas foram cultivadas em linhas de 3m de comprimento, com espaçamento de 0,3m entre plantas e entre linhas.

Durante o período de florescimento, a panícula principal de cada planta foi identificada a campo, através da utilização de uma fita plástica. As plantas foram colhidas individualmente. Em laboratório, foi separada a panícula principal e contado o número de panículas por planta. Com exceção da panícula principal, as demais foram trilhadas juntas para compor o rendimento de grãos da planta, em g, e foi determinado o peso de panícula principal, em g. Apenas os caracteres número de panículas por planta e peso de panícula principal, além de rendimento de grãos, foram utilizados neste trabalho, dada a elevada correlação entre número de panículas por planta x rendimento de grãos e devido ao peso de panícula principal agregar dois dos componentes do rendimento de grãos (peso de mil grãos e número de grãos por panícula).

A análise estatística consistiu da comparação de médias entre populações, dentro de cada cruzamento, através do teste t, conforme descrito por BEIGUELMAN (1991). As médias das diferentes populações foram utilizadas para análise de regressão. Para o caráter rendimento de grãos, as médias das populações foram classificadas em superiores, inferiores ou não diferindo da média geral do cruzamento de acordo com o critério de média mais um e média menos um desvio padrão. Na representação gráfica (Figura 1), os valores de número de panículas por planta foram multiplicados por 1,5 para facilitar a sua visualização, evitando a sobreposição de número de panículas por planta e peso de panícula principal.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Caracteres como rendimento de grãos e seus componentes primários, tais como número de panículas por planta e peso de panícula principal, são determinados por grande número de genes, sendo fortemente influenciados pelo ambiente e, portanto, de difícil estimativa e seleção. Neste sentido, todo conhecimento que possa contribuir para incrementar a eficiência na seleção de caracteres governados por um grande número de genes é de suma importância nos programas de melhoramento. Nas figuras 1 e 2, são evidenciados os valores da média, média mais um e menos um desvio padrão para rendimento de grãos, média de número de panículas por planta e peso de panícula principal referentes às gerações P_1 , RC_2P_1 , RC_1P_1 , $RC_1P_1F_2$, F_1 , F_3 , RC_1P_2 , $RC_1P_2F_2$, RC_2P_2 e P_2 em dez cruzamentos de aveia, dadas em função do acréscimo da constituição genética do genitor 2.

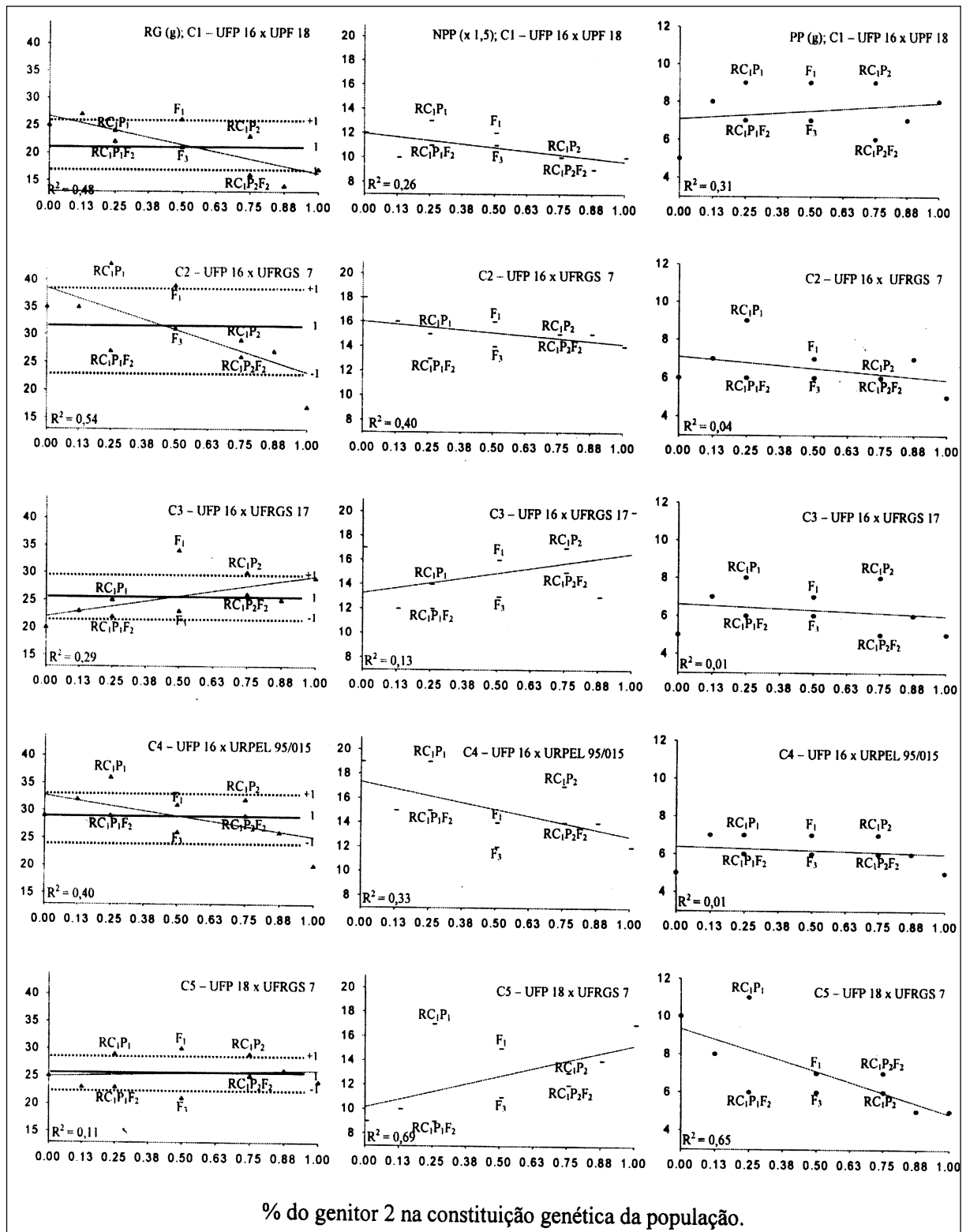


Figura 1 – Representação gráfica dos caracteres rendimento de grãos (▲), RG (g); número de panículas por planta multiplicado por 1,5 (—), NPP (x 1,5) e peso de panícula (●), PP (g), dados pelo aumento da constituição genética do genitor 2 na população, onde: 0,0 é o genitor 1; 0,13 é o RC₂P₁; 0,25 é RC₁P₁ ou RC₁P₁F₂ - (indicado na figura - IF); 0,5 é a F₁ ou F₃ - (IF); 0,75 é o RC₁P₂ ou RC₁P₂F₂ - (IF); 0,88 é o RC₂P₂ e 1,0 é o genitor 2. Em 5 cruzamentos de aveia, para rendimento de grão, 1, +1 e -1, representam média, média mais 1 e menos 1 desvio padrão, respectivamente. Pelotas/RS-2005.

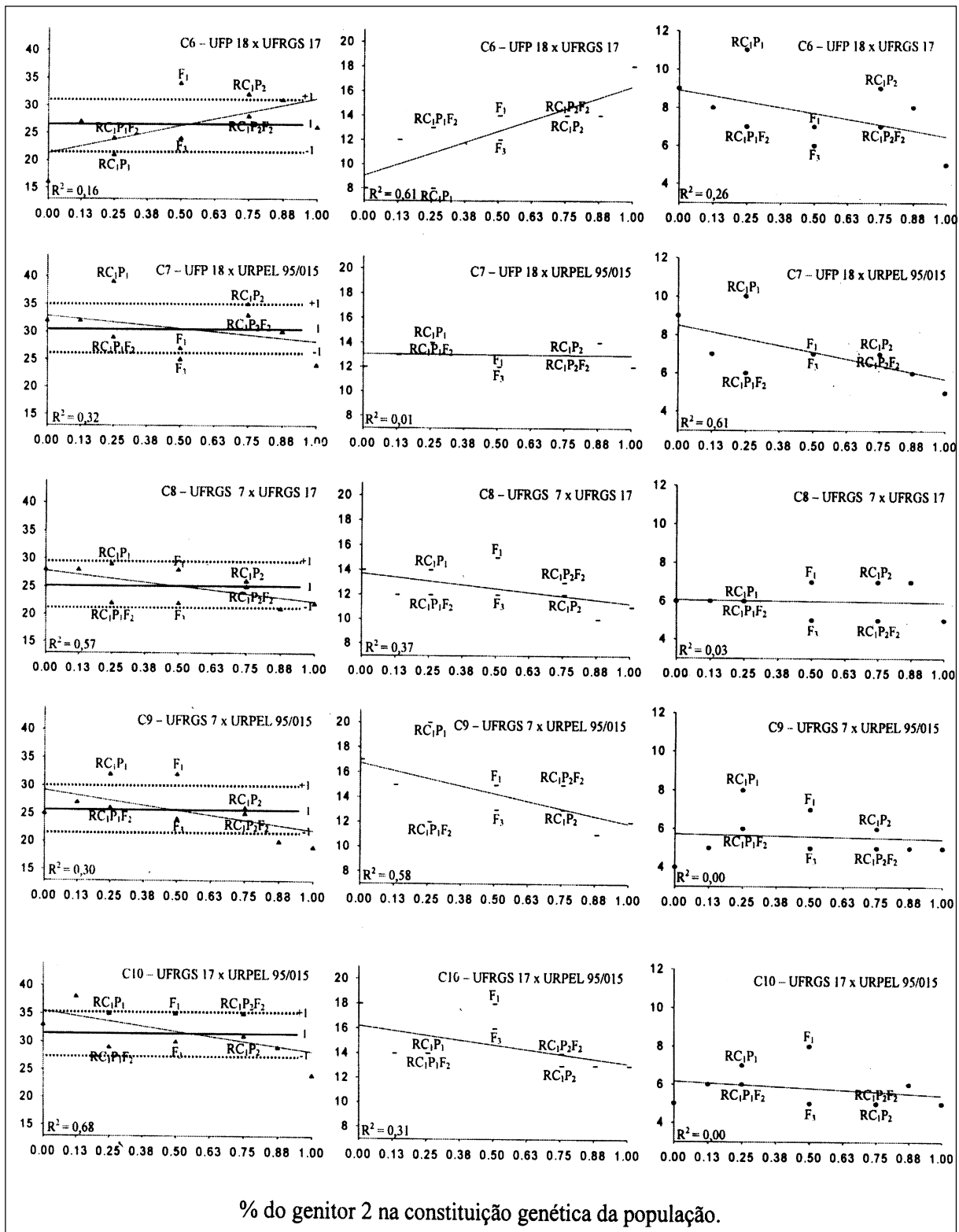


Figura 2 – Representação gráfica dos caracteres rendimento de grãos (▲), RG (g); número de panículas por planta multiplicado por 1,5 (—), NPP (x 1,5) e peso de panícula (●), PP (g), dados pelo aumento da constituição genética do genitor 2 na população, onde: 0,0 é o genitor 1; 0,13 é o RC₂P₁; 0,25 é RC₁P₁ ou RC₁P₁F₂ - (indicado na figura - IF); 0,5 é a F₁ ou F₃ - (IF); 0,75 é o RC₁P₂ ou RC₁P₂F₂ - (IF); 0,88 é o RC₂P₂ e 1,0 é o genitor 2. Em 5 cruzamentos de aveia, para rendimento de grão, 1, +1 e -1, representam média, média mais 1 e menos 1 desvio padrão, respectivamente. Pelotas/RS-2005.

Também é mostrada a linha de regressão para cada caráter e o respectivo coeficiente de determinação (R^2). Pôde ser observado na maioria dos cruzamentos, para os diferentes caracteres, que o R^2 foi de reduzida magnitude, indicando baixa previsibilidade dos valores médios ao longo da linha da regressão. Isto é perfeitamente explicável principalmente pelos efeitos heteróticos de algumas gerações, como de F_1 , RC_1P_1 e RC_1P_2 . Em 70% dos cruzamentos (C1, C2, C3, C5, C6, C8 e C9), para o caráter principal (rendimento de grãos), foi observado que o híbrido F_1 apresentou os maiores desvios da regressão. Esses valores eram esperados, uma vez que as gerações que ainda apresentam proporções relativamente elevadas de locos em heterozigose tendem a não responder de forma linear ao aumento ou redução da constituição genética de um dos genitores na composição da população. Porém, são dependentes da capacidade específica de combinação, ou seja, de efeitos não aditivos que podem ocasionar tais desvios. Isto é, a cada geração, com a participação do mesmo genitor, tende a incrementar-se a participação da aditividade, proporcionando, dessa forma, uma resposta linear e determinando uma redução da ação gênica de dominância. Valores mais elevados de R^2 podem ser esperados pelo incremento da homozigose das diferentes populações, ocasionando redução dos desvios devido à heterosigose.

A inclinação das linhas de regressão de rendimento de grãos e de número de panículas por planta mostraram boa concordância. Por outro lado, o peso da panícula principal mostrou uma linha de regressão relativamente constante para todos os cruzamentos (Figuras 1 e 2). Isto vem confirmar a grande importância do potencial de afillamento dos genótipos na determinação do rendimento de grãos de plantas individuais, conforme demonstrado por BENIN et al. (2003). Entretanto, estes resultados apenas se justificam quando são utilizadas plantas espaçadas, já que o mesmo resultado não é esperado na presença de competição (linha cheia).

Nas figuras 1 e 2, para o caráter rendimento de grãos, foram incluídas linhas indicando os valores da média (M), média mais um ($M+1DP$) e média menos um desvio padrão ($M-1DP$). As populações que superam a $M+1DP$ foram classificadas como superiores. Aquelas que ficaram abaixo da $M-1DP$ foram classificadas como inferiores. É importante observar que as gerações $RC_1P_1F_2$, $RC_1P_2F_2$, RC_2P_1 e RC_2P_2 podem ser comparadas diretamente com a geração F_3 . Isto porque todas essas gerações possuem teoricamente 25% dos locos gênicos segregantes e 75% em homozigose. A única diferença entre essas populações é o incremento da constituição genética

do genitor 2 na formação das mesmas. Ao analisar o comportamento dessas populações, pode ser verificado que diferentes gerações foram superiores à população F_3 , dependendo do cruzamento (Tabelas 1 e 2). Para o cruzamento 1 (C1), a geração RC_2P_1 foi significativamente superior à F_3 , enquanto RC_2P_2 foi inferior, demonstrando que a medida em que a constituição genética do genitor 1 foi sendo incrementada, o desempenho da população melhorou, conforme também demonstrado na Figura 1. Diferenças entre as populações ($RC_1P_1F_2$, $RC_1P_2F_2$, RC_2P_1 e RC_2P_2) e F_3 também foram reveladas nos cruzamentos C2, C4, C5, C6, C7, C8, C9 e C10. Apenas o C3 apresentou resultados similares entre a média de F_3 e a das demais populações. No C2, também houve tendência de superioridade das populações com o incremento da participação do genitor 1 na população, revelando desempenho superior de RC_2P_1 em relação ao F_3 , porém o $RC_1P_1F_2$ não diferiu estatisticamente do F_3 . Assim como em C1 e C2, no C4, a geração RC_2P_1 também superou a população F_3 . Dessa forma, com exceção do C3, nos demais cruzamentos (C1, C2 e C4), nos quais onde o genótipo UPF 16 foi o genitor 1, houve uma forte tendência de incremento no rendimento de grãos de plantas individuais à medida em que sua contribuição para a formação das populações segregantes aumentou, provavelmente devido à presença de alelos favoráveis em seu genótipo.

Além da UPF 16, os genitores UFRGS 7 e UFRGS 17 também produziram progênies progressivamente melhores, quando a constituição da mesma foi incrementada na população. Esses resultados foram evidenciados em 75% dos cruzamentos nos quais os referidos genótipos participaram, sendo nos cruzamentos C5, C8 e C9 para a UFRGS 7 e C3, C6 e C10 para a UFRGS 17. Por outro lado, UPF 18 (C1, C5 e C6) e URPel 95/015 (C4, C7, C9 e C10) apresentaram genes menos favoráveis para elevar o potencial genético do rendimento de grãos nas combinações testadas, com tendência a reduzir o desempenho das progênies com o aumento das suas participações nas hibridações.

Ainda nas tabelas 1 e 2, é evidenciado que as gerações RC_2P_2 e $RC_1P_2F_2$ no C5, RC_2P_2 e $RC_1P_1F_2$ no C6, RC_2P_1 , RC_2P_2 e $RC_1P_2F_2$ no C7, RC_2P_1 nos C8 e C9, e RC_2P_1 , $RC_1P_1F_2$ no C10 foram superiores ao F_3 dos respectivos cruzamentos, indicando a efetividade da utilização de ciclos de retrocruzamentos visando ao incremento de alelos favoráveis ou blocos gênicos complementares no desenvolvimento de populações segregantes promissoras. Destas poderão ser extraídos genótipos superiores visando a elevar o rendimento de grãos dessa cultura. Enquanto, o cruzamento

Tabela 1 - Comparação das médias de F₃ com demais gerações com igual nível de homozigose (RC₂P₁, RC₂P₂, RC₁P₁F₂ e RC₁P₂F₂), para o caráter rendimento de grãos (RG), em g/planta, por meio do teste t, em cinco cruzamentos de aveia. Pelotas/RS-2005.

Cruzamento	Geração	Média de RG (g)	Comparação de médias		
			Comparações	G.L.	Teste t
C1	F ₃	21,1			
	RC ₂ P ₁	26,8	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	133	2,75**
	RC ₂ P ₂	13,8	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	131	3,47**
	RC ₁ P ₁ F ₂	20,0	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	151	0,92 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	22,4	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	141	0,71 ^{ns}
C2	F ₃	30,5			
	RC ₂ P ₁	35,5	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	116	2,16*
	RC ₂ P ₂	27,0	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	125	1,35 ^{ns}
	RC ₁ P ₁ F ₂	30,0	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	131	0,91 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	27,0	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	139	1,12 ^{ns}
C3	F ₃	23,1			
	RC ₂ P ₁	23,0	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	132	1,09 ^{ns}
	RC ₂ P ₂	24,6	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	130	0,66 ^{ns}
	RC ₁ P ₁ F ₂	25,6	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	135	1,11 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	25,4	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	100	0,92 ^{ns}
C4	F ₃	26,0			
	RC ₂ P ₁	32,2	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	119	2,86**
	RC ₂ P ₂	26,0	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	125	1,21 ^{ns}
	RC ₁ P ₁ F ₂	29,3	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	142	1,52 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	28,9	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	97	1,60 ^{ns}
C5	F ₃	20,7			
	RC ₂ P ₁	22,7	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	97	0,73 ^{ns}
	RC ₂ P ₂	26,3	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	104	2,24*
	RC ₁ P ₁ F ₂	24,6	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	103	1,42 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	29,3	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	86	2,56*

* e ** Significativo a 5 e 1% de probabilidade de erro, respectivamente, pelo teste t;

^{ns} Não significativo.

permanente com o heterozigoto com um dos genitores superiores possibilita a fixação de um grande número de indivíduos com desempenho superior, por sua vez, pelo sistema de geração de autofecundação, a tendência é de ocorrer redução devido ao desdobramento da ação gênica de dominância e epistasia. Além disso, o retrocruzamento proporciona alta frequência de crossing-over, proporcionando intensa frequência de recombinação.

É importante observar o efeito compensatório entre os componentes do rendimento de grãos analisados (número de panícula por planta e peso da panícula principal). Os cruzamentos C1, C5, C6 e C7 mostram de forma mais nítida esse efeito, no qual a redução de número de panícula por planta tende a ocasionar acréscimo no peso da panícula principal e vice-versa (Figuras 1 e 2). A causa de tal fenômeno pode estar no aporte de recursos nutricionais à planta durante sua ontogenia. Considerando que os componentes se estabelecem sequencialmente, a

existência de condições mais favoráveis, ou desfavoráveis, em um dado período, pode resultar em uma marcante influência de um determinado componente sobre o rendimento de grãos. O limite na disponibilidade de nutrientes para uma população de plantas em competição resulta na compensação entre os diversos componentes, a qual se reflete no aparecimento de correlações negativas entre os mesmos (GRAFIUS & THOMAS, 1971).

CONCLUSÕES

O método do retrocruzamento pode ser utilizado como estratégia eficiente no desenvolvimento de populações segregantes promissoras, bases para seleção de genótipos superiores. Em ordem, os genótipos UPF 16, UFRGS 7 e UFRGS 17 possuem maior probabilidade de produzirem progênies superiores em rendimento de grãos quando utilizados em blocos de cruzamentos, em comparação a UPF 18 e URPeI 95/015.

Tabela 2 - Comparação das médias de F₃ com demais gerações com igual nível de homozigose (RC₂P₁, RC₂P₂, RC₁P₁F₂ e RC₁P₂F₂), para o caráter rendimento de grãos (RG), em g/planta, por meio do teste t, em cinco cruzamentos de aveia. Pelotas/RS-2005.

Cruzamento	geração	média	Comparação de médias		
			comparações	GL	Teste t
C6	F ₃	23,6			
	RC ₂ P ₁	26	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	129	1,58 ^{ns}
	RC ₂ P ₂	30,7	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	119	3,02**
	RC ₁ P ₁ F ₂	31,9	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	135	4,07**
C7	RC ₁ P ₂ F ₂	24,2	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	134	0,36 ^{ns}
	F ₃	24,66			
	RC ₂ P ₁	32,25	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	137	2,87**
	RC ₂ P ₂	29,69	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	125	2,00*
C8	RC ₁ P ₁ F ₂	34,92	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	132	3,28**
	RC ₁ P ₂ F ₂	29,21	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	146	2,35*
	F ₃	22,4			
	RC ₂ P ₁	28,0	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	135	2,36*
C9	RC ₂ P ₂	21,0	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	130	1,06 ^{ns}
	RC ₁ P ₁ F ₂	24,5	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	153	1,33 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	22,4	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	143	0,01 ^{ns}
	F ₃	23,5			
C10	RC ₂ P ₁	27,4	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	132	2,25*
	RC ₂ P ₂	20,3	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	132	0,80 ^{ns}
	RC ₁ P ₁ F ₂	25,3	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	151	1,44 ^{ns}
	RC ₁ P ₂ F ₂	26,0	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	99	1,67 ^{ns}
C10	F ₃	29,8			
	RC ₂ P ₁	38,0	F ₃ vs. RC ₂ P ₁	118	3,01**
	RC ₂ P ₂	28,8	F ₃ vs. RC ₂ P ₂	124	0,62 ^{ns}
	RC ₁ P ₁ F ₂	34,5	F ₃ vs. RC ₁ P ₁ F ₂	139	2,15*
C10	RC ₁ P ₂ F ₂	29,1	F ₃ vs. RC ₁ P ₂ F ₂	140	0,33 ^{ns}

*e **Significativo a 5 e 1% de probabilidade de erro, respectivamente, pelo teste t;

^{ns} Não significativo.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelos auxílios financeiros e pelas bolsas de graduação e de pós-graduação recebidos, os quais permitirão a viabilização e a realização do trabalho.

REFERÊNCIAS

BIGUELMAN, B. **Curso prático de bioestatística**. 2.ed. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1991. 224p.

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

CARVER, B.F.; RAYBURN, A.L. Comparison of related wheat stocks possessing 1B or 1RS.1BL chromosomes: agronomic performance. **Crop Science**, Madison, v.34, n.6, p.1505-1510, 1994.

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

GEBHARDT, D.J. et al. Cyclic breeding to incorporate kernel discoloration resistance into malting barley. **Crop Science**, Madison, v.32, n.2, p.352-356, 1992.

GRAFIUS, J.E.; THOMAS, R.L. The case for indirect genetic control of sequential traits and the strategy of deployment of environmental resources by the plant. **Heredity**, Oxon, v.26, n.3, p.433-442, 1971.

ISLEIB, T.G. Recovery of superior homozygous progeny from biparental crosses and backcrosses. **Crop Science**, Madison, v.39, n.2, p.558-563, 1999.

LAWRENCE, P.K.; FREY, W.R. Backcross variability for grain yield in oat species crosses (*Avena sativa* L. x *A. sterilis* L.). **Euphytica**, Dordrecht, v.24, n.1, p.77-85, 1975.

MURPHY, J.P.; FREY, W.R. Comparisons of oat populations developed by intraspecific and interspecific hybridization. **Crop Science**, Madison, v.24, n.3, p.531-536, 1984.

PEEL, M.D.; RASMUSSEN, D.C. Improvement strategy for mature plant breeding programs. **Crop Science**, Madison, v.40, n.5, p.1241-1246, 2000.

RAMALHO, M.A.P. et al. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.12, p.1989-1994, 1998.

REDDY, B.V.S.; COMSTOCK, R.S. Simulation of the backcross method: I. Effects of heritability and gene number on fixation of desired alleles. **Crop Science**, Madison, v.16, n.6, p.825-830, 1976.

ROSAL, C.J.S. et al. Seleção precoce para produtividade de grãos no feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.2, p.189-195, 2000.

VELLO, N.A. et al. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introduction. **Crop Science**, Madison, v.24, n.3, p.511-514, 1984.