

ADÉRICO JÚNIOR BADARÓ PIMENTEL

**SELEÇÃO DE GENITORES E PREDIÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE
POPULAÇÕES SEGREGANTES DE TRIGO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

**VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2010**

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

P644s
2010

Pimentel, Adérico Júnior Badaró, 1984-

Seleção de genitores e predição do potencial genético de
populações segregantes de trigo / Adérico Júnior Badaró
Pimentel. – Viçosa, MG, 2010.

vii, 34f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Moacil Alves de Souza.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 30-34.

1. Trigo -Melhoramento genético. 2. Trigo - Seleção.
3. Genética de populações. I. Universidade Federal de
Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 633.1123

ADÉRICO JÚNIOR BADARÓ PIMENTEL

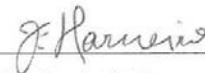
SELEÇÃO DE GENITORES E PREDIÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE
POPULAÇÕES SEGREGANTES DE TRIGO

Dissertação apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das exigências
do Programa de Pós-Graduação em Genética
e Melhoramento, para obtenção do título de
Magister Scientiae.

APROVADA: 22 de fevereiro de 2010



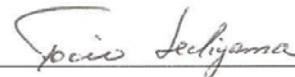
Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Co-orientador)



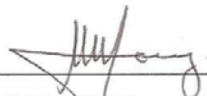
Prof. José Eustáquio de Souza Carneiro
(Co-orientador)



Prof. Valterley Soares Rocha



Prof. Tocio Sedyama



Prof. Moacil Alves de Souza
(Orientador)

Aos meus pais, Adérico e Elice,
pelo empenho para que eu chegasse
até aqui.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, Pai todo poderoso, pela vida e saúde.

Aos meus pais Adérico Badaró Pimentel (*in memoriam*) e Elice Rosa de Araújo Pimentel, às minhas irmãs Elimácia de Araújo Pimentel e Zilmácia de Araújo Pimentel, meus eternos agradecimentos.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, ao Departamento de Fitotecnia e à Universidade Federal de Viçosa (UFV) pela oportunidade concedida, pelo apoio e estrutura.

Ao Professor Moacil Alves de Souza, pela orientação, ensinamentos e amizade no decorrer deste período.

Aos professores Valterley Soares Rocha, Pedro Crescêncio Souza Carneiro, José Eustáquio de Souza Carneiro e Tocio Sedyama, pela amizade, pelos ensinamentos e valiosas sugestões durante a elaboração dessa dissertação.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos amigos do Programa Trigo: Renata, Joseane, Guilherme Ribeiro, Luiz Fernando, Guilherme, Lisandra, Isadora, Talita, Laís, Mariana, Andressa, Santiago e Felipe.

Aos amigos Rodrigo Lima, Geraldo, Gilberto, Juarez, Alberto, Marcelo Curitiba, Leandro Torres e demais colegas de curso.

E a todos, que de forma direta ou indireta, contribuíram para a realização deste trabalho.

A todos o meu muito obrigado!

BIOGRAFIA

ADÉRICO JÚNIOR BADARÓ PIMENTEL, filho de Adérico Badaró Pimentel e Elice Rosa de Araújo Pimentel, nasceu em 13 de dezembro de 1984 na cidade de Guanambi, Bahia, Brasil.

Em 2002 formou-se Técnico em Agropecuária pela Escola Agrotécnica Federal Antônio José Teixeira, Guanambi - BA.

No ano de 2007 foi diplomado Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG.

Em março de 2008 ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG, vindo a defender o título de *Magister Scientiae*, em 2010.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	vii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	8
I. Experimento 1	9
II. Experimento 2	9
III. Experimento 3	13
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	14
5. CONCLUSÕES.....	29
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30

RESUMO

PIMENTEL, Adérico Júnior Badaró, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2010. **Seleção de genitores e predição do potencial genético de populações segregantes de trigo**. Orientador: Moacil Alves de Souza. Co-orientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e José Eustáquio de Souza Carneiro.

A escolha correta de genitores para hibridação e de populações segregantes a serem conduzidas constitui a decisão de maior importância a ser tomada pelo melhorista. O conhecimento prévio do potencial genético de um cruzamento, obtido por diferentes metodologias, permite que os esforços sejam concentrados naqueles mais promissores, favorecendo o progresso genético da cultura e evitando a perda de recursos financeiros e tempo. Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho identificar genitores superiores e populações segregantes promissoras para a extração de linhagens com alto rendimento de grãos por meio da análise dialélica, do método de Jinks e Pooni (1976), da média parental e da diversidade genética e avaliar o grau de concordância entre essas metodologias. Para isso 36 populações segregantes e 12 genitores foram avaliados em Viçosa-MG nos anos de 2008 e 2009. Foi constatada a existência de variabilidade entre e dentro das populações segregantes. Pela análise dialélica da geração F_2 e F_3 foi verificada diferença significativa para CGC e não significativa para CEC. As cultivares BRS 264, IAC 364, Aliança, Pioneiro e VI 98053 apresentaram maior potencial para incremento no rendimento de grãos, sendo recomendada sua utilização em blocos de cruzamentos. As populações que apresentaram maior potencial foram BRS264/Aliança, BRS264/VI98053, BRS264/Pioneiro, IAC364/Aliança, IAC364/VI98053 e IAC364/Pioneiro. A média parental foi eficiente na predição da média de rendimento de grãos das populações segregantes nas duas gerações avaliadas. Além disso, apresentou boa concordância com as populações selecionadas via análise dialélica. Já pela metodologia de Jinks e Pooni (1976) as populações com maiores probabilidades não corresponderam àquelas consideradas superiores pelas demais metodologias. A análise de diversidade comprovou a existência de dissimilaridade entre os genitores avaliados. Entretanto, semelhantemente à média parental, foi constatado que individualmente esta metodologia não consiste em um método eficiente de predição. Dentre as metodologias utilizadas, a análise dialélica se mostrou mais consistente para seleção de genitores e populações segregantes.

ABSTRACT

PIMENTEL, Adérico Júnior Badaró, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2010. **Selection of parental strains and prediction of the genetic potential of segregating populations in wheat.** Advisor: Moacil Alves de Souza. Co-advisors: Pedro Crescêncio Souza Carneiro and José Eustáquio de Souza Carneiro.

The correct choice of parental strains for hybridization and segregating populations to be conducted constitutes the most important decision to be taken by the plant breeder. Prior knowledge of the genetic potential of a breeding, obtained by different methodologies, allows efforts to be concentrated on those most promising combinations, favoring the genetic progress of the culture and avoiding the loss of financial resources and time. Thus, the purpose of this work was to identify superior parental strains and promising segregating populations in order to obtain high grain yield strains using different methodologies and to assess the degree of correlation between these methodologies. The methods used in this study were the diallel analysis, the Jinks and Pooni method (1976), the parental average and assessment of the genetic diversity. The study evaluated 36 segregating populations and 12 parental strains in Viçosa MG during 2008 and 2009. Variability between and within the segregating populations was observed. A significant difference was verified for GCA by diallel analysis of the F₂ and F₃ generations, however a non-significant difference for SCA was also observed in this analysis. The BRS 264, IAC 364, Aliança, Pioneiro and VI 98053 cultivars presented greater potential for increasing the grain yield, therefore they were recommended to be utilized in the hybridization blocks. The populations that presented the greatest potential were BRS264/Aliança, BRS264/VI98053, BRS264/Pioneiro, IAC364/Aliança, IAC364/VI98053 and IAC364/Pioneiro. The parental average was useful in predicting the average grain yield in the segregating populations assessed in two generations. In addition, it presented good concordance with the selected populations through diallel analysis. Instead, by the Jinks and Pooni methodology analysis (1976) the populations with greater potential did not corresponded to those considered superior by the other methodologies. The analysis of the diversity proved the existence of dissimilarity between the parental strains evaluated. However, similarly to the parental average it was observed that when the analysis of the diversity is applied individually it is not an effective prediction method. Among all the methodologies used, the diallel analysis demonstrated to be the most consistent for the selection of parental strains and segregating populations.

INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos cereais mais cultivados e consumidos no mundo, fornecendo alimento para 36% da população mundial e contribuindo com 20% do total das calorias ingeridas (Singh e Chaudhary, 2006). No Brasil, o consumo per capita, na média dos últimos quatro anos, foi superior a 56 kg/habitante/ano, o que corresponde a um consumo interno anual de aproximadamente 10,5 milhões de toneladas (Agrianual, 2008).

Com produtividade média de 2.456 kg ha⁻¹ (CONAB, 2009), a produção nacional não é suficiente para suprir a demanda interna desse grão, sendo necessária a importação de cerca de 60% do trigo consumido. Assim, para reduzir essa dependência do trigo externo e aumentar a autonomia do Brasil no abastecimento desse grão, é necessário o aumento da produção nacional.

Entre os mecanismos pelos quais se pode incrementar a produção de uma determinada cultura, a utilização de cultivares melhoradas se apresenta como principal alternativa. Esse fato pode ser verificado nos últimos 50 anos, onde o melhoramento de plantas foi um dos maiores responsáveis pelo aumento de produção das espécies cultivadas, constituindo-se em estratégia de incremento de rendimento sustentável (Borém e Miranda, 2009), e que não implica em custos adicionais para o agricultor.

A primeira etapa no processo de melhoramento, da qual depende o sucesso das demais e a eficiência do programa de melhoramento, é a escolha correta dos genitores para hibridação e das populações segregantes a serem conduzidas, constituindo assim, a decisão de maior importância a ser tomada pelo melhorista (Abreu et al., 1999; Kurek et al., 2001; Santos et al., 2001; Fuzatto et al., 2002; Bertan et al., 2007; Pereira et al., 2007). Apesar disso, muito pouco foi elucidado e publicado sobre as bases científicas da seleção de germoplasma (Borém e Miranda, 2009), fazendo com que a escolha de genitores torne-se uma das maiores dificuldades encontradas pelos melhoristas (Oliveira et al., 1996; Machado et al., 2000; Lorencetti et al., 2005).

Na ausência dessas informações, muitas populações segregantes são formadas e avaliadas anualmente nos programas de melhoramento. Entretanto, nem todas possuem potencial suficiente para que genótipos com desempenho superior sejam selecionados e lançados como cultivares (Barroso e Hoffmann, 2003). Isso dificulta o progresso genético da cultura, pois parte dos recursos humanos e financeiros e da infraestrutura disponível são utilizados na geração e condução de populações que não trarão resultados satisfatórios.

Neste contexto, a utilização de metodologias eficientes para escolha de genitores e para predição do comportamento de populações segregantes a partir de gerações precoces torna-se uma ferramenta muito útil para os melhoristas (Barroso e Hoffmann, 2003; Valério et al., 2009). Através do conhecimento prévio do potencial das populações geradas, a eficiência dos programas pode ser aumentada evitando que populações pouco promissoras sejam formadas ou eliminando-as em gerações precoces. Dessa forma, os recursos materiais e humanos disponíveis podem ser direcionados para aquelas populações com maior probabilidade de extração de linhagens superiores.

Diversas metodologias foram propostas para escolha de genitores e de populações segregantes. Entre elas estão o desempenho médio e a diversidade genética entre genitores, a análise dialélica e a metodologia de Jinks e Pooni (1976). Alguns trabalhos já foram realizados com o objetivo de comparar os resultados obtidos com a aplicação de cada uma delas, tais como Bhat (1973), Oliveira et al. (1996), Mendonça et al. (2002), Lorencetti et al. (2006) e Bertan et al. (2009b).

Conhecimentos que contribuam para o aperfeiçoamento dessas estratégias de obtenção e seleção de populações segregantes são fundamentais para a sua incorporação na rotina dos programas de melhoramento, de modo que os recursos disponíveis possam ser otimizados e o desenvolvimento de novas cultivares favorecido. Assim sendo, é necessário avaliar a eficiência e aplicação desses métodos de seleção, bem como comparar os resultados obtidos com cada um deles.

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho identificar genitores superiores e populações segregantes promissoras para a extração de linhagens com alto rendimento de grãos por meio da análise dialélica, do método de Jinks e Pooni (1976), da média parental e da diversidade genética e avaliar o grau de concordância entre esses métodos preditivos.

REVISÃO DE LITERATURA

A predição do valor genético de populações segregantes para extração de genótipos com constituição genética superior em gerações avançadas, a partir de estudos dos genitores e de gerações precoces, traz grande auxílio ao melhorista de plantas. Com a orientação de cruzamentos e o descarte de populações pouco promissoras, maior ênfase pode ser dada à seleção dentro das populações superiores, aumentando a probabilidade de sucesso e evitando a perda de tempo e recurso financeiro (Oliveira Júnior et al., 1999).

Diversas metodologias foram desenvolvidas com essa finalidade, sendo que algumas se baseiam apenas em informações dos genitores, como o desempenho médio e a diversidade genética, enquanto outras fundamentam-se no comportamento das progênies oriundas dos cruzamentos, englobando a análise dialélica e o método proposto por Jinks e Pooni (1976). Outra diferença observada é que alguns métodos consideram apenas a média do caráter em questão para predição, enquanto outros consideram a média e a variância.

Baseado nesses dois parâmetros, Ramalho e Lambert (2004) conceituaram uma boa população segregante como aquela que associa média alta e a maior variabilidade possível para o caráter em questão. Em muitas situações não é possível conciliar esses dois parâmetros, sendo observados casos de associação negativa entre eles, onde médias altas coincidem com variância genética baixa (Santos et al., 2001).

Em situações onde as populações segregantes apresentam médias semelhantes, a variância genética constitui o principal parâmetro para diferenciar as populações, de modo que os métodos preditivos devem identificar populações com maior variância genética. À medida que as médias entre populações vão se diferenciando, a variância genética tem a importância diminuída e a média passa a ser mais importante na determinação do potencial das populações (Barroso e Hoffmann, 2003).

A variância presente nas primeiras gerações de populações segregantes normalmente é utilizada como um indicador da variabilidade potencial entre as linhagens em gerações avançadas. O problema encontrado na utilização desse parâmetro na predição é que suas estimativas, além de serem difíceis de obter, estão associadas a erros, sobretudo quando são estimadas em nível de plantas. Entretanto, é necessário que o melhorista considere essas estimativas, pois elas podem contribuir para maior eficiência do processo de seleção (Oliveira et al., 1996; Mendonça et al., 2002).

A seleção de genitores baseado na média é o método mais utilizado pelos melhoristas para seleção de genitores em plantas autógamas (Barroso e Hoffmann, 2003; Bertan et al., 2007). Por esse método pressupõe-se a predominância de efeitos gênicos aditivos no controle do rendimento de grãos, de modo que a média das linhas puras tende a ser semelhante à média dos genitores que lhes deram origem. Dessa forma é possível prever o rendimento potencial de uma combinação híbrida a partir da média parental dos genitores envolvidos no cruzamento. Essas predições serão mais efetivas quando o nível de endogamia da população for mais elevado, os efeitos epistáticos pequenos e os locos que atuam no caráter segregarem de modo independente (Barroso e Hoffmann, 2003).

Em trabalhos realizados por Lorencetti et al. (2006) com aveia e por Antunes et al. (1998) com feijão, os autores demonstraram que é possível prever o desempenho de gerações segregantes em F₂ e F₃ por meio do comportamento dos genitores, confirmando a eficiência da utilização da média parental como método de predição. Resultados semelhantes foram obtidos por Oliveira et al. (1996), que observaram concordância nas predições realizadas por este método e pela capacidade geral de combinação entre genitores de feijão.

Apesar da alta frequência de uso do comportamento dos genitores como preditor do potencial das populações resultantes para a extração de progênies superiores, esse método apresenta a desvantagem de não prever a variabilidade genética gerada no cruzamento. O fato de utilizar o cruzamento entre dois genitores que apresentam média alta não assegura que o híbrido entre eles irá gerar uma população segregante com variabilidade suficiente para se obter sucesso com a seleção (Abreu, 1997). É necessário que os genitores apresentem diversidade genética que permita boa capacidade de combinação entre eles (Bertan et al., 2007).

Sendo a capacidade de combinação entre genitores utilizados nos blocos de cruzamentos fator condicionante na elevação do potencial das populações segregantes (Barroso e Hoffmann, 2003), a análise dialélica constitui em excelente metodologia para auxiliar o melhorista na seleção de genitores e populações segregantes em programas de melhoramento de espécies autógamas por meio de hibridação (Oliveira et al., 1996; Barelli et al., 2000).

Além de auxiliar na escolha de genitores e cruzamentos, a análise dialélica possibilita conhecer o controle genético dos caracteres, orientando na condução das populações segregantes e no critério de seleção a ser adotado. A grande limitação desse método é o trabalho despendido na realização dos cruzamentos, especialmente quando estão envolvidos muitos genitores e se está trabalhando com espécie em que os cruzamentos artificiais são difíceis e com um pequeno número de sementes híbridas por polinização (Oliveira et al., 1996; Abreu et al., 1999). Outro fator limitante é a dificuldade em conduzir e analisar experimentos envolvendo número muito grande de híbridos (Ferreira et al., 1995; Bertan et al., 2007).

Na literatura, encontram-se diversas metodologias para análise e interpretação dos cruzamentos dialélicos, sendo as mais utilizadas a proposta por Hayman (1954), empregada principalmente para fornecer informações sobre o controle genético de um determinado caráter; por Griffing (1956), pela qual são estimados os efeitos da

capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) dos genitores; e por Gardner e Eberhart (1966), que permite o estudo detalhado da heterose.

Os efeitos da CGC e CEC estão relacionados principalmente com efeitos gênicos aditivos e não aditivos (dominância e epistasia), respectivamente. Para cruzamentos envolvendo genitores com alta CGC é esperado populações com maior média para o caráter em questão. Para estimativas elevadas de CEC pressupõe-se maior variabilidade entre progênies após a homozigose completa, considerando que todos os locos darão a mesma contribuição para o fenótipo (Mendonça et al., 2002).

De acordo com Valério et al. (2009) a importância da CGC está relacionada com a elevada eficácia e facilidade de seleção quando há predominância de efeitos gênicos aditivos envolvidos na expressão do caráter. Sua importância é mais pronunciada em plantas autógamas, uma vez que os alelos são fixados após sucessivas gerações de autofecundação.

Diversos autores têm utilizado a análise dialélica como instrumento para detecção de genótipos e combinações híbridas de interesse para o melhoramento de vários caracteres em diferentes espécies cultivadas, como arroz (Pereira et al., 2008), aveia (Lorencetti et al., 2005), cana-de-açúcar (Silva et al., 2002), feijão (Oliveira Júnior et al., 1999; Barelli et al., 2000; Kurek et al., 2001; Vidigal et al., 2008), pimentão (Gomide et al., 2008), soja (Cho e Scott, 2000), tomate (Amaral Júnior et al., 1996), trigo (Sharma et al., 1991; Scheeren et al., 1995; Souza e Ramalho, 2001; Joshi et al., 2004; Valério et al., 2009) e triticale (Hermann, 2007).

Os estudos sobre diversidade genética também têm sido de grande importância em programas de melhoramento envolvendo hibridações. As determinações da dissimilaridade genética possibilitam identificar genitores contrastantes, que, ao serem inter cruzados, poderão originar combinações híbridas com maior variabilidade e com maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores (Cruz et al. 2004; Cruz et al. 2008). Para isso, além da divergência, é necessário que nas combinações híbridas os genitores apresentem alto desempenho individual, adaptabilidade e estabilidade para rendimento de grãos, para se ter maior probabilidade de seleção de segregantes transgressivos devido à ocorrência de complementaridade gênica (Bertan et al., 2007).

De acordo com Abreu et al. (1997) é esperado que os genitores que se diferem em várias características morfológicas possam também diferir nos genes para produtividade de grãos. No entanto, nessas condições pode ocorrer que caracteres que não estão associados com produtividade sejam os principais responsáveis pela determinação da distância entre os genótipos avaliados; nessa situação a seleção para

rendimento de grãos não representaria a diversidade real entre os genitores, conduzindo, portanto, a erros na seleção. Resultados mais fidedignos poderiam ser obtidos se a distância genética entre genitores para rendimento de grãos fosse obtida com a utilização de caracteres que estão relacionados com a produtividade. Esse motivo foi apontado por Ramalho e Lambert (2004) como causa do insucesso da utilização de marcadores moleculares na determinação da distância entre genitores para produtividade, uma vez que estes utilizam toda a divergência existente e não apenas a relacionada à produtividade. Segundo Bertan et al. (2007) e Vieira et al. (2007) a distância genética pode ser influenciada também pelo número de características avaliadas, bem como pela interação genótipos x ambientes.

A divergência genética pode ser avaliada por meio de técnicas biométricas, incluindo as análises dialélicas, ou por processos preditivos. Os métodos preditivos são aqueles que se baseiam em diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificadas por alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genitores. Por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas, os métodos preditivos têm merecido considerável atenção (Cruz et al., 2004).

Em estudos de diversidade genética têm sido rotineiramente utilizada como medida de dissimilaridade a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Essa última tem a vantagem de levar em consideração a correlação entre os caracteres avaliados, porém só é possível de ser estimada quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais, obtida a partir de experimentos com repetições.

A eficiência da diversidade genética utilizando a distância generalizada de Mahalanobis foi comparada por Bhatt (1975) com outros três métodos na seleção de genitores para hibridação em trigo. Foi observado que a variabilidade genética nas progênies F_5 foi proporcional à divergência genética dos genitores envolvidos em cada cruzamento, mostrando que é possível prever o desempenho de um cruzamento em geração avançada a partir da magnitude do valor D^2 de uma combinação parental. Os cruzamentos entre genitores mais divergentes apresentaram maior número de segregantes transgressivos para rendimento de grãos.

Outra alternativa de predição do potencial de dado cruzamento foi proposta por Jinks e Pooni (1976). Estes autores utilizaram médias e variâncias de gerações precoces. Essa metodologia baseia-se no fato de que, para características quantitativas, é possível prever em gerações precoces a média e a variância das linhas puras que serão obtidas, de modo que a distribuição dessas linhas passa a ser conhecida. Sabendo que para um caráter quantitativo a distribuição se aproxima de uma distribuição normal, suas

propriedades podem ser utilizadas para estimar a probabilidade de ocorrência de linhagens com fenótipo que supere a um determinado padrão. Na maioria dos casos essa metodologia tem sido utilizada para avaliar a proporção de linhagens superiores aos genitores, a uma linhagem de desempenho conhecido ou cultivar adaptada à região de interesse do melhorista, sem qualquer alteração do método (Pooni e Jinks, 1978).

O método de Jinks e Pooni (1976) é influenciado pela ocorrência de epistasia, interação genótipos x ambientes e de ligação gênica. A não observância destes fatores pode afetar a predição, entretanto, somente a epistasia causa mudanças de magnitude suficiente, pois ela leva a uma assimetria na distribuição das linhas derivadas com relação à média dos genitores. Além disso, tendo em vista que a predição da média e da variância é fundamentada na predominância de efeitos gênicos aditivos, a ocorrência de efeitos gênicos não-aditivos nas gerações precoces utilizadas para predição pode reduzir a sua eficiência.

De acordo com o interesse do melhorista pode-se obter a distribuição fenotípica ou genotípica das linhagens. A distribuição fenotípica é utilizada quando o interesse é prever o desempenho fenotípico das linhagens para um determinado ambiente, sendo assim considerado o efeito de ambiente como componente da variância. Quando o interesse reside na repetibilidade das propriedades das linhas puras, ou seja, aquelas que seriam observadas em média ao longo de muitos ambientes, esse tipo de efeito pode ser desprezado, reduzindo as diferenças não hereditárias entre as linhas e o meio (Jinks e Pooni, 1976).

A obtenção das estimativas da média e da variância aditiva pode ser realizada com a utilização de modelos genéticos envolvendo genitores, F_1 , F_2 e as primeiras gerações de retrocruzamentos e de *test cross* triplo com a F_2 (Jinks e Pooni, 1976), sendo que este último permite a obtenção de estimativas mais confiáveis (Kearsey e Jinks, 1968; Snape, 1982). Entretanto, apesar da acurácia destes procedimentos, eles exigem muito trabalho para produzir as gerações que serão utilizadas para obtenção dos componentes, inviabilizando-os nos programas de melhoramento (Snape, 1982). Como alternativa, Toledo (1987) propôs a utilização das gerações F_2 ou F_3 para a obtenção dos parâmetros genéticos necessários para predição, pois estas gerações estão prontamente disponíveis em todo programa de melhoramento. Essas gerações foram utilizadas para predição do potencial de populações segregantes de feijão (Abreu et al. 2002; Carneiro et al. 2002; Mendonça et al., 2002) e arroz (Santos et al. 2001), todavia os autores constataram que a utilização de plantas individuais como unidade básica de avaliação

está associada a grandes erros, constituindo assim a grande limitação da metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976).

Ao estudar a relação existente entre valores preditos em gerações precoces e os observados em gerações avançadas para altura de planta com a cultura do tabaco, Jinks e Pooni (1976) observaram boa concordância entre as médias dos genitores e das linhas puras e igualdade na proporção estimada e observada de linhagens inferiores e superiores aos genitores. Foi demonstrado por Snape (1982) que a predição do rendimento de grãos e seus componentes, a partir de gerações iniciais de um cruzamento de trigo, pode fornecer, com precisão, o resultado provável deste cruzamento. Em trabalhos com feijão, Abreu et al. (2002) encontraram resultados coerentes na distinção entre cruzamentos a partir do número previsto e observado de linhagens com rendimento de grãos superior ao padrão. Entretanto houve diferença entre o número de linhagens superiores previsto e observado. Por outro lado, Mendonça et al. (2002) não encontraram resultados coerentes quando compararam a probabilidade observada com a estimada em populações de feijão comum e concluíram que o método não foi eficiente para avaliar o potencial das populações para a extração de linhagens superiores. Em arroz, Santos et al. (2001) observaram alta correlação entre a probabilidade de extração de linhagens superiores e a média de rendimento das populações, o que constitui vantagem para seleção de populações, uma vez que a análise individual de plantas é dificultada pelo intenso perfilhamento.

A aplicabilidade do método de Jinks e Pooni (1976) foi estudada por Triller e Toledo (1996) na presença de interação genótipos x ambientes (GxA). Os autores concluíram que a metodologia foi eficiente para predizer o potencial genético dos cruzamentos tanto para rendimento de grãos (baixa herdabilidade) quanto para altura de planta (alta herdabilidade) na ausência de interação GxA. Entretanto, a interação GxA atuou no sentido de diminuir a correlação entre os valores preditos e os observados. Na presença dos efeitos da interação, as predições foram mais eficientes quando foram consideradas as médias dos ambientes.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental Prof. Diogo Alves de Mello, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG (20°45'S e 42°51'W e altitude de 650 m), nos anos de 2008 e 2009.

O solo foi preparado por meio de uma aração e duas gradagens. A adubação de plantio foi realizada aplicando-se 250 kg ha⁻¹ da fórmula 08-28-16, no sulco de semeadura, e 250 kg ha⁻¹ de sulfato de amônio, como fonte de N, em cobertura, no início do perfilhamento. Para controle de plantas invasoras foi feita aplicação do herbicida Ally[®] aos 15 dias após a semeadura, na dose de 5 g ha⁻¹ do produto comercial. O cultivo foi conduzido sob sistema de irrigação por aspersão convencional.

Para a obtenção do material experimental 12 genitores (Tabela 1), estratificados em dois grupos contrastantes em relação à qualidade industrial dos grãos e à adaptação ao estresse de calor, foram cruzados em esquema de dialelo parcial, obtendo-se 36 híbridos. As sementes F₁ foram multiplicadas em 2007, em casa de vegetação, e, posteriormente, os seguintes experimentos foram conduzidos:

I. Experimentos 1 e 2

Em 2008 (experimento 1) foram avaliados os 12 genitores e as 36 populações segregantes na geração F₂, resultantes do dialelo parcial. Este experimento foi conduzido utilizando delineamento em látice 7x7, com duas repetições, sendo necessária a inclusão de mais um tratamento para completar o látice. As parcelas foram constituídas por duas linhas de 1 m de comprimento e semeadas no espaçamento de 0,20 m, com densidade de 300 sementes m⁻². A área útil foi constituída pelas duas linhas da parcela.

Em 2009 (experimento 2) foram avaliados novamente os 12 genitores e as 36 populações segregantes, porém na geração F₃, sendo as sementes utilizadas obtidas por amostragem da geração anterior colhida em “bulk”. Neste experimento foi utilizado o mesmo delineamento, espaçamento e densidade de semeadura do anterior. O tamanho da parcela diferiu, sendo formada por cinco linhas de 5 m de comprimento, tendo como área útil as três linhas centrais.

Com o objetivo de avaliar a diversidade genética entre os genitores, nas parcelas com os genitores do experimento 2 foram mensuradas as seguintes características:

i. **Rendimento de grãos:** foi quantificado pela pesagem em gramas do total de grãos colhidos em cada parcela e posteriormente convertido para kg ha⁻¹. A pesagem foi realizada após o beneficiamento e secagem dos grãos até aproximadamente 13% de umidade.

ii. **Peso de mil grãos:** foram contados 400 grãos (4 repetições de 100) para cada parcela e esses tiveram seu peso determinado em balança eletrônica com sensibilidade de 0,01 g. Em seguida foi obtido o peso de mil grãos, em gramas, pela relação:

Tabela 1. Identificação dos genótipos de trigo utilizados como genitores

Grupo	Genótipos	Cruzamento	Classe de panificação	Origem
I	Embrapa 22	VeerySib/3/KLTOSib/PAT19//Mochis/Jupateco	Melhorador	EMBRAPA
	Embrapa 42	LAP689/MS7936	Melhorador	EMBRAPA
	BRS 254	Embrapa 22*3/Anahuac	Melhorador	EMBRAPA
	BRS 264	BUCK BUCK/CHIROCA//TUI	Melhorador	EMBRAPA
	IAC 24	IAS51/IRN597-70	Melhorador	IAC
	IAC 364	CM55517/CMR//BUCSIB/3/IAC24	Melhorador	IAC
II	Anahuac	II12300//Lerma Rojo 64/8156/3/Norteno 67	Pão	CIMMYT
	Aliança	PF858/OCEPAR11	Pão	EPAMIG/UFV
	BRS 207	Seri 82/PF813	Pão	EMBRAPA
	VI 98053	Embrapa 22/BR12	Pão	UFV
	Pioneiro	Veery 5/NACUZARI	Pão	UFV
	IVI 01041	TRAP#1/YACO/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ	Brando	UFV

$$\text{Peso de mil grãos (g)} = (\text{Média das quatro repetições}) \times 10$$

A pesagem foi realizada após o beneficiamento e secagem dos grãos até atingirem a umidade de aproximadamente 13%.

iii. **Peso hectolítrico:** foi determinado pela pesagem de uma amostra retirada do total de grãos colhidos em cada parcela utilizando balança própria (Dalle Molle®) com capacidade para ¼ de litro, seguida pela conversão do peso obtido em g para kg hl⁻¹.

iv. **Comprimento da espiga:** foi obtido a partir da média aritmética do comprimento de dez espigas amostradas aleatoriamente em cada parcela útil. O comprimento da espiga, expresso em centímetros, correspondeu à distância existente entre a inserção da espiguetta inferior e o ápice da espiguetta superior, excluindo-se as aristas.

v. **Número de espiguetas por espiga:** foi obtido a partir da média aritmética do número de espiguetas contadas em dez espigas tomadas ao acaso na área útil de cada parcela por ocasião da colheita.

vi. **Número de grãos por espiga:** foi determinado a partir da média aritmética do número de grãos contados em dez espigas amostradas ao acaso na área útil de cada parcela por ocasião da colheita.

vii. **Altura de plantas:** foi obtida da média aritmética da altura de cinco plantas, expressa em centímetros, tomadas ao acaso dentro da área útil de cada parcela, medindo-se desde o nível do solo até o ápice da espiga, excluindo as aristas. A avaliação foi realizada quando as plantas atingiram o final da fase de maturação da espiga.

viii. **Ciclo até a maturação:** foi determinado pelo número de dias compreendidos entre a emergência das plântulas e a maturação fisiológica dos grãos observada em 50% das plantas.

ix. **Teor de proteína no grão:** foi quantificado em percentagem pelo Método de Kjeldahl (AOAC, 1995). Duas amostras do total de grãos de cada parcela foram moídas e analisadas. O teor de N obtido foi multiplicado por 5,7 que corresponde ao fator de conversão para proteína no trigo.

Nas demais parcelas deste experimento e no experimento 1 foi obtido apenas o rendimento de grãos, em g/parcela e, posteriormente, convertido para kg ha⁻¹.

Efetuarão-se as análises de variâncias dos dados obtidos do rendimento de grãos, considerando como fixos a média e os efeitos de tratamento, conforme o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + r_j + b_{k(j)} + t_i + e_{(ijk)}, \text{ em que:}$$

Y_{ijk} : é o valor observado do i-ésimo tratamento, na j-ésima repetição, no k-ésimo bloco; μ : é a média geral; r_j : é o efeito da j-ésima repetição ($j = 1$ e 2); $b_{k(j)}$: é o efeito do k-ésimo bloco dentro da j-ésima repetição ($k = 1, 2, \dots, 7$); t_i : é o efeito do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 49$); $e_{(ijk)}$: é o erro experimental. A soma de quadrados de tratamentos foi desdobrada na soma de quadrados de populações, soma de quadrados de testemunhas e soma de quadrados do contraste populações versus testemunhas, sendo as testemunhas os genitores e o tratamento adicional utilizado para completar a látice. As médias dos tratamentos foram comparadas utilizando-se o teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

A análise dialélica foi efetuada segundo o modelo de Geraldi e Miranda Filho (1988) para dialelo parcial, adaptado do método de Griffing (1956), com base nas médias ajustadas de tratamento. O modelo estatístico adotado nesta análise foi:

$$Y_{ij} = \mu + 1/2(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + e_{ij}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} : é a média do cruzamento envolvendo o i-ésimo genitor do grupo I e o j-ésimo genitor do grupo II; μ : é a média geral do dialeto; d_1 e d_2 : são os contrastes envolvendo as médias dos grupos I e II e a média geral; g_i : é o efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo I; g'_j : é o efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo II; s_{ij} : é o efeito da capacidade específica de combinação; e_{ij} : erro experimental médio.

O desvio padrão das estimativas de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) e específica de combinação (\hat{s}_{ij}) foram obtidos pela raiz quadrada das variâncias, conforme apresentado por Cruz et al. (2004):

$$\hat{V}(\hat{g}_i) = \frac{p-1}{(q+4)p} \hat{\sigma}_e^2; \quad \hat{V}(\hat{g}_j) = \frac{q-1}{(p+4)q} \hat{\sigma}_e^2; \quad \hat{V}(\hat{s}_{ij}) = \frac{[(p+3)(q+3)(p+q+4)+4]}{(p+4)(q+4)(p+q+4)} \hat{\sigma}_e^2;$$

em que: p e q: são os números de genitores do grupo I e do grupo II, respectivamente; $\hat{\sigma}_e^2$: é o erro médio; $\hat{V}(\hat{g}_i)$ e $\hat{V}(\hat{g}_j)$: é a variância das estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação do grupo I e do grupo II, respectivamente; $\hat{V}(\hat{s}_{ij})$: é a variância das estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação.

Para a obtenção da diversidade genética entre os genitores, os nove caracteres avaliados foram inicialmente submetidos à análise de variância, onde aqueles que não apresentaram diferença significativa entre os genótipos foram descartados, uma vez que não contribuiriam para as estimativas das distâncias entre genitores. Em seguida, com base nos caracteres que diferiram estatisticamente, a divergência genética entre os genitores foi quantificada por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) estimada a partir dos dados transformados conforme apresentado por Cruz et al. (2004). Por este método, a medida de distância entre dois genitores ($D_{ii'}^2$) é obtida pela seguinte expressão:

$$D_{ii'}^2 = \sum_j (Z_{ij} - Z_{i'j})^2, \text{ em que:}$$

$Z_{ij} = \frac{1}{r} \sum_k Z_{ijk}$: média do i-ésimo progenitor em relação à j-ésima variável, com variância residual igual a um.

Haja vista a utilização da diversidade genética com a finalidade de selecionar as melhores combinações de genitores para incremento no rendimento de grãos, foi realizada a análise de trilha com o objetivo de determinar quanto do rendimento de grãos é explicado pelas características utilizadas na determinação da diversidade genética. Essa análise foi precedida de estudo de ocorrência de multicolinearidade na matriz de correlação entre as variáveis analisadas.

A média parental foi utilizada na predição do potencial genético das populações segregantes, sendo obtida pela média aritmética do rendimento médio de grãos de dois genitores envolvidos em um cruzamento, conforme apresentada por Antunes et al. (1998) da seguinte forma:

$$MP_{(ij)} = \frac{(P_i + P_j)}{2}, \text{ em que:}$$

$MP_{(ij)}$: é a média aritmética do rendimento de grãos dos genitores i e j ; P_i : é o rendimento médio do genitor i ; P_j : é o rendimento médio do genitor j .

A eficiência desse método foi averiguada por meio do coeficiente de correlação de Pearson entre a $MP_{(ij)}$ e a média das respectivas populações representadas por F_n (P_i , P_j), onde F_n (P_i , P_j) é a média da geração F_2 ou F_3 do cruzamento entre os genitores i e j .

Para todas as análises estatísticas foram utilizados os recursos computacionais do Programa Genes (Cruz, 2007).

II. Experimento 3

Foram avaliadas as 36 populações segregantes na geração F_3 juntamente com quatro genitores (Aliança, Embrapa 22, Pioneiro e BRS 264). Os tratamentos foram dispostos em blocos casualizados com informação de indivíduo dentro da parcela, com três repetições para cada tratamento. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,20 m, colocando-se 10 sementes por metro de sulco. A análise de variância, considerando como fixos a média e os efeitos de tratamento, foi realizada segundo o modelo:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j + e_{(ij)} + d_{(ij)k}, \text{ em que:}$$

Y_{ijk} : é a informação da planta k do genótipo i no bloco j ; m : é a média geral; t_i : é o efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3 \dots 40$; b_j : é o efeito do bloco j , sendo $j = 1, 2, 3$; $e_{(ij)}$: é o erro experimental ao nível de parcela; $d_{(ij)k}$: é a variação entre plantas dentro da parcela.

Em cada parcela foram colhidas 50 plantas individualmente, exceto em nove delas onde o número de plantas foi inferior, obtendo-se o rendimento de grãos em g planta⁻¹. Como o número de plantas por parcela variou, o número médio de indivíduos (\bar{k}) foi estimado pela média harmônica do número de plantas por parcela. Estimou-se a variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) de cada parcela e a variância fenotípica média das parcelas que receberam os mesmos tratamentos nas diferentes repetições. A variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) de uma dada população ‘ i ’ foi estimada pela seguinte expressão:

$$\hat{\sigma}_{G_i}^2 = \hat{\sigma}_{F_i}^2 - \hat{\sigma}_E^2, \text{ em que:}$$

$\hat{\sigma}_{G_i}^2$: é a variância genética presente na população i ; $\hat{\sigma}_{F_i}^2$: é a variância fenotípica observada na população i ; $\hat{\sigma}_E^2$: é a variância ambiental.

Tendo em vista que os genitores são linhas puras, a variação observada em cada uma das cultivares é exclusivamente ambiental. Dessa forma a variância ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$) foi obtida pela média aritmética da variância fenotípica dos genitores presentes no experimento.

O potencial das populações segregantes foi avaliado por meio da metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976). A probabilidade de extração de linhagens superiores de cada população corresponde à área à direita de um determinado valor positivo de Z na abscissa da distribuição normal. Essa área foi calculada a partir da tabela da distribuição normal padrão e da estimativa da ordenada Z obtida pela expressão:

$$Z_i = \frac{(\bar{L} - \bar{F}_{ni})}{S_i}$$

Nesta expressão \bar{L} corresponde à média considerada padrão, e, neste caso, foi a média de rendimento de grãos da cultivar BRS 264 acrescida de 11%, ou seja, $\bar{L} = 8$ g/planta. \bar{F}_{ni} é a média de rendimento de grãos das plantas individuais de cada população F_3 , que em um modelo sem dominância corresponde à média de todas as possíveis linhagens na geração F_∞ , desde que conduzidas sem seleção. S_i é o desvio

padrão fenotípico entre as linhagens da geração F_∞ ($S_i = \sqrt{\hat{\sigma}_{F_L}^2}$). A variância genética das linhagens na geração F_∞ é duas vezes a variância genética aditiva (σ_A^2) da geração F_2 . Para a geração F_3 , considerando um modelo sem dominância e epistasia, a variância fenotípica é composta por $1,5\sigma_A^2 + \sigma_E^2$, sendo, portanto, $\sigma_{A=}^2 = \frac{\sigma_{F_3}^2 - \sigma_E^2}{1,5}$. Assumindo que a variância ambiental entre as linhagens na geração F_∞ seja similar à variância ambiental

da geração F_3 obtém-se a seguinte expressão: $\sqrt{\hat{\sigma}_{F_L}^2} = \sqrt{2\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_E^2} = \sqrt{1,33\hat{\sigma}_{F_3}^2 - 0,33\hat{\sigma}_E^2}$. Dessa forma, para uma dada população, $Z_i = \frac{(\bar{L} - \bar{F}_{ni})}{\sqrt{1,33\hat{\sigma}_{F_3i}^2 - 0,33\hat{\sigma}_E^2}}$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelas análises de variância ficaram evidenciadas diferenças significativas ($P < 0,01$) entre os tratamentos avaliados quanto ao rendimento de grãos, tanto para o experimento 1, com a geração F_2 , quanto para o experimento 2, com a geração F_3

(Tabela 2). A partir do desdobramento dessa fonte de variação, verificaram-se também diferenças significativas ($P < 0,01$) entre as médias das populações e entre as médias das testemunhas, demonstrando haver variabilidade genética para este caráter tanto entre os genitores quanto entre as populações segregantes avaliadas nas gerações F_2 e F_3 . Para o contraste entre populações e testemunhas não foi verificada diferença significativa, indicando que as médias das populações e das testemunhas não diferem estatisticamente.

A eficiência na utilização do delineamento em látice foi verificada apenas no experimento 1, sendo 11% mais eficiente do que o delineamento em blocos casualizados. Os coeficientes de variação foram de 17 e 13% para os experimentos 1 e 2, respectivamente, os quais, segundo Lúcio et al. (1999), são classificados como médios e freqüentemente observados em ensaios agrícolas com trigo. Dessa forma as inferências realizadas a partir dos dados analisados ficam asseguradas. Valores de coeficiente de variação semelhantes foram observados por Cargnin et al. (2008) para essa mesma cultura.

Nas Tabelas 3 e 4 estão apresentadas as médias de rendimento de grãos dos genitores e populações segregantes nas gerações F_2 e F_3 , respectivamente. No experimento 1 (Tabela 3) a população BRS 264/Aliança apresentou a maior média de rendimento (5.839 kg ha^{-1}), entretanto foi estatisticamente superior apenas à cultivar BRS 207. No experimento 2 (Tabela 4) o melhor desempenho foi obtido pela população BRS264/VI98053 (3.574 kg ha^{-1}), porém diferiu estatisticamente apenas das populações Embrapa 22/BRS207 e Embrapa 42/IVI01041 e da cultivar Anahuac.

A média de rendimento obtida no experimento 1 (4.252 kg ha^{-1}) foi superior à observada no experimento 2 (2.677 kg ha^{-1}). A redução de rendimento foi verificada tanto para os genitores quanto para as populações segregantes, não podendo, portanto, ser atribuída a uma possível redução de efeito heterótico. Esse fato pode ser confirmado pela não ocorrência de heterose média, comprovada pela proximidade entre a média dos genitores e a média das populações. Essa diferença se deve em parte à ocorrência de temperaturas mais baixas em 2008, onde o desenvolvimento da cultura foi favorecido por condições climáticas mais propícias.

A média parental, utilizada na predição do desempenho das populações segregantes, e o coeficiente de correlação de Pearson, entre a média dos genitores envolvidos em um cruzamento e a média da respectiva população obtida para as gerações F_2 e F_3 , estão apresentados na Tabela 5. Como pode ser observado, as correlações apresentaram valores significativos e expressivos, sugerindo que a média

Tabela 2. Resumo das análises de variância para rendimento de grãos de populações segregantes de trigo nas gerações F₂ e F₃ e seus respectivos genitores avaliados em Viçosa-MG, nos anos de 2008 e 2009

Geração	Fonte de variação	GL	Quadrados médios	Média de produtividade (kg ha ⁻¹)	CV (%)
F ₂	Trat. ajustado	48	1683554,70**	4251.65	17
	Populações	35	1413460,95**		
	Testemunhas	12	2588776,39**		
	Pop. vs Test.	1	274175,72 ^{ns}		
	Erro efetivo	36	527403,64		
	Ef. do Látice		111,06		
F ₃	Trat. ajustado	48	330716,21**	2677.00	13.2
	Populações		304488,91**		
	Testemunhas		425716,86**		
	Pop. vs Test.		108663,97 ^{ns}		
	Erro efetivo	36	124413,72		
	Ef. do Látice		94,15		

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

^{ns}: não significativo.

Tabela 3. Médias de rendimento de grãos (kg ha⁻¹) obtida na avaliação de genitores e populações segregantes de trigo na geração F₂, em Viçosa-MG, em 2008^{1/, 2/}

Genitores	Embrapa 22	Embrapa 42	BRS 254	BRS 264	IAC 24	IAC 364	Genitores (GII)
Anahuac	3904 ab	2707 ab	3533 ab	4913 ab	4286 ab	3734 ab	3275 ab
Aliança	5259 a	5153 ab	5449 a	5839 a	5203 ab	5068 ab	5466 a
BRS 207	3268 ab	2962 ab	2985 ab	3469 ab	4001 ab	4394 ab	2060 b
VI 98053	5077 ab	4420 ab	4960 ab	5835 a	4012 ab	5046 ab	5694 a
IVI 01041	4480 ab	3847 ab	4751 ab	3315 ab	3371 ab	3514 ab	3361 ab
Pioneiro	5093 ab	4737 ab	3944 ab	4099 ab	3473 ab	4104 ab	4768 ab
Genitores (GI)	3736 ab	4109 ab	4934 ab	5353 a	3145 ab	5120 ab	

Média dos Genitores: 4252; média das populações: 4283

^{1/} As médias apresentadas no centro da tabela são referentes às populações e aquelas apresentadas na última linha e última coluna são referentes aos genitores do grupo I e II, respectivamente.

^{2/} Em toda a tabela, médias que apresentam a mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Tabela 4. Médias de rendimento de grãos (kg ha⁻¹) obtida na avaliação de genitores e populações segregantes de trigo na geração F₃, em Viçosa-MG, em 2009^{1/, 2/}

Genitores	Embrapa 22	Embrapa 42	BRS 254	BRS 264	IAC 24	IAC 364	Genitores (GII)
Anahuac	2943 abc	2368 abc	2330 abc	2709 abc	2254 abc	2678 abc	1936 bc
Aliança	2610 abc	3037 abc	2735 abc	3157 abc	3134 abc	3027 abc	3320 ab
BRS 207	1744 c	2069 abc	2670 abc	2595 abc	2344 abc	2633 abc	2129 abc
VI 98053	2625 abc	2166 abc	3205 abc	3574 a	2601 abc	2755 abc	2842 abc
IVI 01041	2802 abc	1930 bc	2508 abc	2516 abc	2396 abc	2420 abc	3192 abc
Pioneiro	3104 abc	2427 abc	2705 abc	3096 abc	2602 abc	3186 abc	3134 abc
Genitores (GI)	2351 abc	2530 abc	2948 abc	3116 abc	2554 abc	3190 abc	

Média dos Genitores: 2770; média das populações: 2657

^{1/} As médias apresentadas no centro da tabela são referentes às populações e aquelas apresentadas na última linha e última coluna são referentes aos genitores do grupo I e II, respectivamente.

^{2/} Em toda a tabela, médias que apresentam a mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Tabela 5. Média parental e das respectivas populações segregantes e coeficiente de correlação de Pearson para o caráter rendimento de grãos em trigo, obtidas nos anos de 2008 e 2009, em Viçosa-MG

Cruzamento	2008		2009	
	Média Parental	Média da Geração F ₂	Média Parental	Média da Geração F ₃
Embrapa22/Anahuac	3505	3904	2143	2943
Embrapa22/Aliança	4601	5259	2836	2610
Embrapa22/BRS207	2898	3268	2240	1744
Embrapa22/VI98053	4715	5077	2597	2625
Embrapa22/IVI01041	3548	4480	2771	2802
Embrapa22/Pioneiro	4252	5093	2743	3104
Embrapa42/Anahuac	3692	2707	2233	2368
Embrapa42/Aliança	4788*	5153	2925	3037
Embrapa42/BRS207	3085	2962	2329	2069
Embrapa42/VI98053	4902*	4420	2686	2166
Embrapa42/IVI01041	3735	3847	2861	1930
Embrapa42/Pioneiro	4439	4737	2832	2427
BRS254/Anahuac	4104	3533	2442	2330
BRS254/Aliança	5200*	5449	3134*	2735
BRS254/BRS207	3497	2985	2538	2670
BRS254/VI98053	5314*	4960	2895	3205
BRS254/IVI01041	4147	4751	3070*	2508
BRS254/Pioneiro	4851	3944	3041*	2705
BRS264/Anahuac	4314	4913	2526	2709
BRS264/Aliança	5410*	5839	3218*	3157
BRS264/BRS207	3707	3469	2622	2595
BRS264/VI98053	5524*	5835	2979	3574
BRS264/IVI01041	4357	3315	3154*	2516
BRS264/Pioneiro	5061*	4099	3125*	3096
IAC24/Anahuac	3210	4286	2245	2254
IAC24/Aliança	4305	5203	2937	3134
IAC24/BRS207	2602	4001	2342	2344
IAC24/VI98053	4419	4012	2698	2601
IAC24/IVI01041	3253	3371	2873	2396
IAC24/Pioneiro	3957	3473	2844	2602
IAC364/Anahuac	4198	3734	2563	2678
IAC364/Aliança	5293*	5068	3255*	3027
IAC364/BRS207	3590	4394	2660	2633
IAC364/VI98053	5407*	5046	3016*	2755
IAC364/IVI01041	4240	3514	3191*	2420
IAC364/Pioneiro	4944*	4104	3162*	3186

Coeficiente de correlação de Pearson

Média dos genitores (2008) x Média F₂ = 0,67**

Média dos genitores (2008) x Média F₃ = 0,65**

Média dos genitores (2009) x Média F₃ = 0,49**

Média F₂ x Média F₃ = 0,61**

*: Populações selecionadas com base na média parental elevada

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

parental pode ser utilizada na definição das melhores populações segregantes nas gerações F_2 e F_3 . De acordo com Barroso e Hoffmann (2003) as predições serão mais efetivas em populações com maior nível de endogamia e menores efeitos epistáticos. Resultados semelhantes foram encontrados por Antunes et al. (1998) e por Lorencetti et al. (2006), que constataram a eficiência da média parental como primeiro passo na seleção de genitores para hibridação.

A possibilidade de utilização desse método para predição do comportamento de populações segregantes é fundamentado nas interações aditivas entre alelos. De acordo com Ramalho et al. (1996), quando ocorre este tipo de interação a média das gerações segregantes é igual à média dos híbridos e dos genitores, desde que a amostragem seja representativa e que não exista fatores externos atuando na seleção. Assim, a existência dessas correlações pode ser explicada pela predominância de efeitos gênicos aditivos nos genitores, tendo em vista que são considerados linhas puras. Há de se considerar que nas duas gerações de populações segregantes avaliadas nesse trabalho os efeitos não aditivos foram insignificantes, como observados na análise dialélica (Tabela 6).

Dessa forma, a seleção é facilitada, uma vez que os cruzamentos entre indivíduos com médias elevadas produzirão descendentes com médias altas. Entretanto, nem sempre as cultivares com bom desempenho apresentam bom comportamento como genitores (Bertan et al. 2007; Borém e Miranda, 2009). Esse fato pode ser verificado pelos cruzamentos BRS254/Pioneiro, BRS264/Pioneiro, IAC364/Pioneiro (Tabela 3) e BRS254/Aliança, BRS254/IVI01041, BRS254/Pioneiro, BRS264/IVI01041, IAC364/VI98053, IAC364/IVI01041 (Tabela 4), onde ambos os genitores possuem média alta, mas originaram progênies de baixo desempenho. Por outro lado, há evidências experimentais que cruzamentos envolvendo genitores com desempenho inferior podem resultar em progênies com elevado potencial (Borém e Miranda, 2009). Esse caso pode ser exemplificado pelos cruzamentos Embrapa22/IVI01041, IAC24/Anahuac (Tabela 3) e Embrapa22/Anahuac (Tabela 4), onde ambos os genitores apresentam rendimento baixo e as progênies apresentaram alto rendimento. Além disso, para que as populações obtidas por esse método sejam superiores é necessário que tais genitores também sejam geneticamente complementares, possibilitando a obtenção de populações com média alta e variabilidade suficiente para realizar a seleção.

Diante dessas considerações pode-se inferir que apesar de prever o desempenho das populações segregantes obtidas, a média parental por si só não constitui metodologia eficiente para determinar os cruzamentos que propiciam condições mais favoráveis para seleção de linhagens superiores.

O cruzamento entre indivíduos altamente produtivos é a essência da filosofia de seleção de genitores que busca alcançar linhagens superiores por meio da maximização do desempenho da população. Nesses casos são priorizados cruzamentos convergentes onde o ganho genético será limitado, porém a média da população será alta, resultando em elevada média dos indivíduos selecionados (Borém e Miranda, 2009). Outra vertente prioriza a maximização do ganho genético, onde cruzamentos divergentes são priorizados. Nos programas de melhoramento de plantas autógamas tem sido preconizado o cruzamento entre genitores com alto desempenho e que sejam divergentes para os locos envolvidos no controle do caráter, buscando obter populações com médias elevadas e com grande chance de obtenção de segregantes transgressivos.

Pela análise dialélica foi detectada diferença significativa para a fonte de variação tratamento ($P < 0,01$) para ambas as gerações (Tabela 6). Desse modo, a soma de quadrados de tratamento foi desdobrada em soma de quadrados de grupos (GI x GII), soma de quadrados da capacidade geral de combinação do grupo I (CGC I) e do grupo II (CGC II) e soma de quadrados da capacidade específica de combinação (CEC).

Para a fonte de variação Grupos não foi verificado efeito significativo, evidenciando que os dois grupos de genitores não diferem entre si para o caráter rendimento de grãos. Esse fato se deve à presença de cultivares de alto rendimento recomendadas para cultivo (Comissão ..., 2008) e de linhagens elite em fase final de avaliação em ambos os grupos.

Os quadrados médios referentes à CGC dos grupos I e II foram significativos nas duas gerações analisadas ($P < 0,05$), demonstrando a existência de frequência gênica diferenciada entre os genitores avaliados, sendo possível identificar genitores com potencial superior para gerar combinações híbridas.

Como pode ser observado nas Tabelas 7 e 8, o grau de concordância entre a CGC dos genitores nas gerações F_2 e F_3 foi elevado, com correlação de postos de 88%. No grupo I as cultivares BRS 264, IAC 364 e BRS 254 apresentaram efeitos positivos de \hat{g}_i , enquanto os genitores, Embrapa 42 e IAC 24 apresentaram estimativas negativas. Para o grupo 2 os genitores com estimativas positivas de \hat{g}_i foram Aliança, VI 98053 e Pioneiro, ao contrário de Anahuac, BRS 207 e IVI 01041 que apresentaram estimativas negativas.

De acordo com Cruz et al. (2004) as estimativas dos efeitos da CGC estão relacionadas com efeitos gênicos aditivos e representam o comportamento médio de um genitor em suas combinações híbridas. Baixa estimativa de CGC, positiva ou negativa,

Tabela 6. Resumo da análise dialélica para rendimento de grãos em trigo nas gerações F₂ (2008) e F₃ (2009); em Viçosa-MG

FV	GL	Quadrados Médios	
		F ₂	F ₃
Tratamento	47	1662356,9226**	330912,4378**
Grupos (GI x GII)	1	523259,7891 ^{ns}	3151,5000 ^{ns}
CGC (GI)	5	1521000,5556*	659213,3295**
CGC (GII)	5	9528374,3373**	1152367,1617**
CEC	36	621128,9197 ^{ns}	180328,6283 ^{ns}
Resíduo	36	527402,6541	124413,7173

** e *: significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^{ns}: não significativo

Tabela 7. Efeito da capacidade geral de combinação dos genitores dos grupos I (\hat{g}_i) e II (\hat{g}_j) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) para rendimento de grãos, obtidos na avaliação de genótipos de trigo, em Viçosa-MG, em 2008

Genitores	Embrapa 22	Embrapa 42	BRS 254	BRS 264	IAC 24	IAC 364	\hat{g}_i
Anahuac	51,75	-894,77	-413,67	697,95	824,99	-273,20	-428,22
Aliança	78,48	224,12	175,21	296,01	414,62	-267,45	899,39
BRS207	-141,40	-197,31	-518,34	-303,51	982,56	829,62	-871,09
VI98053	112,80	-293,16	-97,41	509,01	-559,76	-72,38	683,05
IVI01041	590,26	207,90	767,36	-937,39	-127,07	-530,81	-390,94
Pioneiro	704,62	598,85	-538,41	-652,05	-523,88	-439,14	107,81
\hat{g}_i	5,31	-245,58	98,97	367,61	-386,44	160,14	

Desvio padrão (\hat{g}_i e \hat{g}_j) = 148,24

Desvio padrão (\hat{s}_{ij}) = 462,88

Tabela 8. Efeito da capacidade geral de combinação dos genitores dos grupos I (\hat{g}_i) e II (\hat{g}_j) e da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) para rendimento de grãos, obtidos na avaliação de genótipos de trigo, em Viçosa-MG, em 2009

Genitores	Embrapa 22	Embrapa 42	BRS 254	BRS 264	IAC 24	IAC 364	\hat{g}_i
Anahuac	586,02	158,10	-179,33	17,13	-94,48	66,29	-230,72
Aliança	-265,41	308,33	-292,93	-53,81	267,59	-103,97	288,05
BRS207	-529,56	-56,66	245,26	-12,45	79,94	105,20	-314,64
VI98053	-78,21	-389,48	349,94	536,40	-92,71	-202,93	115,01
IVI01041	264,69	-459,91	-180,82	-356,54	-131,98	-372,37	-50,39
Pioneiro	323,29	-206,14	-227,56	-19,61	-169,88	150,56	192,68
\hat{g}_i	-97,57	-244,80	54,28	237,16	-106,57	157,50	

Desvio padrão (\hat{g}_i e \hat{g}_j) = 71,99

Desvio padrão (\hat{s}_{ij}) = 224,82

indica que o genitor não difere da média geral dos cruzamentos dialélicos e alta estimativa de CGC, positiva ou negativa, indica que o genitor em questão é superior ou inferior aos demais genitores do dialelo. Ainda com relação às estimativas da CGC, Vencovsky e Barriga (1992) mencionam que valores elevados para determinado genitor

indicam maior ou menor concentração de alelos favoráveis quando comparado com os demais genitores envolvidos no dialelo.

Assim, dentre os genitores avaliados, as cultivares BRS 264, IAC 364, Aliança, Pioneiro e VI 98053 possuem alta frequência de alelos favoráveis, evidenciando maior potencial para incremento no rendimento de grãos, sendo, portanto, recomendadas para cruzamentos no melhoramento de trigo visando aumento de produtividade de grãos. Por outro lado as cultivares IAC 24, Embrapa 42, BRS 207 e Anahuac apresentaram efeitos negativos e de alta magnitude, evidenciando que estes genitores apresentam menor frequência de alelos favoráveis para o caráter em questão.

Para capacidade específica de combinação não foi verificada diferença significativa entre os cruzamentos nas duas gerações avaliadas (Tabela 6), indicando ausência de variabilidade entre os efeitos da CEC. As estimativas de $\hat{\sigma}_{ij}$ encontram-se nas Tabelas 7 e 8.

Em primeira análise pode-se admitir que a insignificância da CEC seja devido à ausência de efeito de dominância para o caráter ou à irrelevante divergência genética entre os genitores utilizados nesse estudo. A ausência de desvio de dominância é uma hipótese considerada pouco provável, tendo em vista que em diversos trabalhos foi demonstrada a existência de heterose para rendimento de grãos na cultura do trigo (Bertan et al., 2009a; Farooq e Khaliq, 2004; Singh et al., 2004). Porém, existe a possibilidade de ausência de dominância para os locos que determinam rendimento de grãos para o grupo de genótipos avaliados. Por outro lado, é possível que os genitores utilizados não apresentem apreciável grau de complementação em relação às frequências dos alelos, nos locos com alguma dominância. Além disso, é possível que na geração F_1 (não avaliada) tenha manifestado efeito heterótico, porém nas gerações F_2 e F_3 analisadas a observação de diferença significativa para CEC tenha sido dificultada pelo fato da heterose ter sido reduzida a $\frac{1}{2}$ e $\frac{1}{4}$ do seu valor total, respectivamente.

Na ausência de efeito significativo de CEC o desempenho dos cruzamentos pode ser previsto com base nas estimativas da CGC dos genitores, sendo esperado que genitores com estimativas mais elevadas originem populações superiores (Sharma et al., 1991; Gomide et al., 2008).

Ramalho et al. (1988) também enfatizam que a CGC é a estimativa mais importante para a escolha de linhas parentais em programas de melhoramento onde o objetivo principal é a obtenção de linhas puras. Isso é verdadeiro porque a CGC é função da ação de genes de efeito predominantemente aditivos, responsáveis pela proporção da variação fenotípica que pode ser transmitida para as sucessivas gerações,

sendo assim, responsável pelo desempenho das linhas puras obtidas em cada população quando a homozigose é alcançada.

De acordo com Sheeren et al. (1995), a facilidade de transmissão, incorporação e seleção fazem com que os efeitos gênicos aditivos sejam de maior interesse nos programas de melhoramento de trigo, sendo esta a razão pela qual a CGC é de maior importância para os melhoristas. Entretanto, Barelli et al. (2000) afirmam que a CEC é útil para os melhoristas de plantas autógamas, pois a sua magnitude é indicativa da dimensão da variabilidade que pode ser expressa em cada população, sendo esperado maior probabilidade de obtenção de segregantes transgressivos quando os valores da CEC forem elevados.

No caso de dialelos parciais a CGC é indicativa da divergência genética existente entre genitores de um mesmo grupo. Isso deve-se ao fato da CGC ser estimada por meio da comparação da frequência alélica do genitor de um grupo com a frequência alélica de todos os genitores pertencentes ao grupo oposto.

A ausência de dominância no rendimento de grãos também foi verificada por Sheeren et al. (1995) e Bertan et al. (2009b) para cultura do trigo, e por Oliveira et al. (1996) em feijão comum. Joshi et al. (2004) e Valério et al. (2009) verificaram a predominância de efeitos gênicos aditivos no controle deste caráter em trigo.

A presença de efeitos de dominância constitui um empecilho em situações onde a exploração de híbridos não constitui objetivo do melhoramento, como é o caso do trigo (Sheeren et al., 1995). Esses efeitos dificultam a seleção de indivíduos superiores e diminui o ganho genético obtido quando a seleção é realizada em gerações onde a heterose está sendo expressa. Assim, em programas de melhoramento de plantas autógamas, as seleções são feitas em gerações segregantes avançadas, visando à obtenção de maior progresso genético devido à predominância de efeitos aditivos nessas gerações. Portanto, a superioridade dos efeitos gênicos aditivos observados neste estudo mostra que a seleção intrapopulacional pode ser realizada já nas gerações iniciais com grande possibilidade de se obter ganho genético para o caráter rendimento de grãos.

Fundamentado no que foi exposto até aqui, as populações segregantes mais promissoras são aquelas originadas de cruzamentos que envolvam dois genitores com alta CGC pertencentes a grupos distintos, seguidos por aqueles que apresentam pelo menos um genitor com alta CGC. Dessa forma, as populações BRS264/Aliança, BRS264/VI98053, BRS264/Pioneiro, IAC364/Aliança, IAC364/VI98053 e IAC364/Pioneiro, são as que apresentam maior potencial para extração de linhagens superiores.

Foi observada boa concordância entre as predições realizadas utilizando a análise dialélica e a média parental. Resultado semelhante foi obtido por Oliveira et al. (1996) com feijão comum. Das 10 melhores populações obtidas com base na média parental, seis na geração F₂ e cinco na F₃ foram cruzamentos envolvendo dois genitores com alta capacidade de combinação (Tabela 5). As demais combinações apresentaram pelo menos um genitor com estimativa de \hat{g}_i elevada, exceto o cruzamento BRS254/IVI01041 na geração F₃, onde o BRS 254 apresentou estimativa positiva, porém de baixa magnitude. Entre as dez populações que apresentaram média parental superior em cada geração avaliada, seis foram comuns às duas gerações.

Essa concordância entre as populações selecionadas pelos dois métodos pode ser justificada pelo alto coeficiente de correlação de postos ($\rho = 95\%$ e 81% , para 2008 e 2009, respectivamente) observado entre as médias dos genitores e a capacidade geral de combinação.

A divergência genética também foi utilizada como método de seleção de genitores e de predição do potencial de populações segregantes. Inicialmente foi feita a análise de variância individual para cada caráter avaliado, onde apenas o teor de proteína no grão não apresentou diferença estatística significativa entre os genitores avaliados. Portanto, dos nove caracteres avaliados oito caracteres foram utilizados para determinação da dissimilaridade entre os genitores. Pela análise de trilha ficou evidenciado que o peso de mil grãos, peso hectolítrico, comprimento da espiga, número de espiguetas por espiga, número de grãos por espiga, altura de planta e o ciclo até a maturação explicam 78% do rendimento de grãos.

A distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada para quantificar a divergência entre os genitores e os resultados obtidos estão apresentados na Tabela 9. A amplitude das distâncias foi elevada, variando de 42 para as cultivares IAC 364 e BRS 207 a 4.094 para as cultivares BRS 254 e Aliança.

Observa-se que dentre os genitores avaliados encontram-se combinações que associam média alta e diversidade alta (BRS264/Aliança), média baixa e diversidade alta (BRS254/Anahuac), média alta e diversidade baixa (BRS264/Pioneiro) e média baixa e diversidade baixa (IAC24/BRS 207) (Tabela 9). Isso mostra que a divergência isoladamente não é suficiente para predição do potencial de populações, pois ela considera apenas a diferença na frequência alélica, sem considerar a quantidade de alelos favoráveis. Segundo Abreu et al. (1999) a alta frequência de locos em

Tabela 9. Divergência genética (D^2) e média parental (MP) para os 36 cruzamentos avaliados na geração F_3 . Viçosa-MG, 2009.^{1/}

Cruzamento	D^2	MP (kg ha⁻¹)	Cruzamento	D^2	MP (kg ha⁻¹)
Embrapa22/Anahuac	758	2143	BRS264/Anahuac	1016	2526
Embrapa22/Aliança*	3520	2836	BRS264/Aliança*	3288	3218
Embrapa22/BRS207	520	2240	BRS264/BRS207	541	2622
Embrapa22/VI98053	120	2597	BRS264/VI98053	121	2979
Embrapa22/IVI01041	186	2771	BRS264/IVI01041*	363	3154
Embrapa22/Pioneiro	259	2743	BRS264/Pioneiro	84	3125
Embrapa42/Anahuac	295	2233	IAC24/Anahuac	361	2245
Embrapa42/Aliança*	2014	2925	IAC24/Aliança*	1547	2937
Embrapa42/BRS207	141	2329	IAC24/BRS207	64	2342
Embrapa42/VI98053	177	2686	IAC24/VI98053	425	2698
Embrapa42/IVI01041	353	2861	IAC24/IVI01041*	612	2873
Embrapa42/Pioneiro	130	2832	IAC24/Pioneiro	313	2844
BRS254/Anahuac	979	2442	IAC364/Anahuac	214	2563
BRS254/Aliança*	4094	3134	IAC364/Aliança*	1557	3255
BRS254/BRS207	709	2538	IAC364/BRS207	42	2660
BRS254/VI98053	132	2895	IAC364/VI98053*	388	3016
BRS254/IVI01041	200	3070	IAC364/IVI01041*	541	3191
BRS254/Pioneiro	361	3041	IAC364/Pioneiro	362	3162

^{1/} D^2 e MP correspondem, respectivamente, à distância generalizada de Mahalanobis e à média parental entre os pares de genitores envolvidos em casa cruzamento.

* Populações selecionadas com base na presença de pais divergentes e com média parental elevada.

heterozigose originados de alta divergência não compensa a baixa frequência de alelos quando os genitores apresentam baixo rendimento. Neste sentido, Borém e Miranda (2009) afirmam que a seleção com base na distância genética deve ser sempre ponderada pela média dos genitores envolvidos.

As 10 melhores populações, selecionadas com base na presença de genitores divergentes e com média parental elevada (Tabela 9), mostrou que todos os cruzamentos, exceto IAC24/IVI01041, apresentaram pelo menos um genitor com alta capacidade geral de combinação, indicando certo grau de concordância entre as metodologias.

Apesar de considerar o desempenho dos genitores junto com a diversidade para seleção de genitores, os resultados observados nas progênies podem não ser os previstos, tendo em vista as considerações feitas acima para a seleção de genitores baseado na média parental.

De acordo com Borém e Miranda (2009) alguns cruzamentos tendem a causar desorganização na estrutura gênica do germoplasma com significativa redução no comportamento geral da população originada, enquanto em outros os genomas

envolvidos parecem complementar-se perfeitamente. Esse é o motivo pelo qual às vezes se verifica incoerência entre as predições e valores observados quando se utiliza estimativas obtidas apenas a partir dos genitores. Diante dessas considerações os autores afirmam que a capacidade de combinação entre os genitores pode ser uma medida mais adequada para a seleção de genitores superiores.

Pela Tabela 10 é possível observar que o cruzamento IAC24/Aliança seria descartado considerando a média dos genitores e a diversidade, pois não é um cruzamento de ‘bom x bom’, e seria selecionado considerando a CGC e CEC, caso esta fosse significativa. O oposto aconteceria com o cruzamento BRS254/Aliança. Considerando estas distinções e as dificuldades verificadas na utilização da média parental pode-se inferir que a análise dialélica seria mais propícia para predição. Mesmo considerando a média parental ao invés da média de genitores isolados ainda haveria diferença na seleção, pois ambos seriam selecionados com base na média parental e diversidade, mas o BRS254/Aliança seria eliminado com base na CEC.

Tabela 10. Exemplo de seleção de cruzamentos baseada na diversidade e média dos genitores e na análise dialélica para geração F₃

Cruzamento	Média dos pais ^{1/, 2/}		Distância genética ^{3/}	CEC
	1	2		
IAC 24/Aliança	2554 abc	3320 ab	1546 (6 ^a)	267,6
BRS 254/Aliança	2948 abc	3320 ab	4094 (1 ^a)	-292,9

^{1/} Aliança apresenta alta CGC

^{2/} Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

^{3/} 1^a e 6^a correspondem à ordem de classificação decrescente da distância genética entre os pares de genitores envolvidos nos cruzamentos.

Pode ser observado que a distância entre os genitores nos dois cruzamentos é elevada, entretanto a CEC apresentou alta magnitude, mas com sinais opostos, mostrando discordância entre essas duas medidas. Essa observação é corroborada pelo coeficiente de correlação de postos entre as distâncias e a CEC que foi de baixa magnitude e negativo ($\rho = -15\%$). Resultado semelhante para associação entre essas duas medidas foi verificado por Abreu et al. (1999).

De acordo com Ramalho e Lambert (2004) a ineficiência da utilização da divergência genética é atribuída ao fato das estimativas de distância serem realizadas a partir de caracteres que não estão relacionados com rendimento de grãos. Neste trabalho, mesmo considerando caracteres que explicam o rendimento, determinados por meio de análise de trilha, a correlação ainda foi baixa. Deve ser considerado que os caracteres utilizados explicaram apenas 78% do rendimento de grãos, existindo a

possibilidade de que essa associação possa ser melhorada com a existência de maior valor de R^2 obtido pela análise de trilha.

Ainda que a seleção de genitores, a partir da distância genética e da média, não seja promissora, uma possível associação entre as medidas de distância e a CEC seria útil para o melhorista em situações onde a CEC não fosse significativa. Nestes casos poderiam ser selecionados, além dos cruzamentos que envolvem genitores com estimativa de \hat{g}_i positiva e de alta magnitude, aqueles que envolvem genitores que apresentam magnitude inferior e entre esses seriam selecionados os melhores cruzamentos com base na divergência entre os genitores. Dessa forma, pratica-se a seleção dos cruzamentos que apresentam alta frequência de alelos favoráveis e os mais complementares.

No experimento em que foram avaliadas as plantas dentro de populações, não foi constatada diferença significativa entre as médias das populações avaliadas (Tabela 11), sugerindo ausência de variabilidade para rendimento de grãos entre as populações avaliadas.

Tabela 11. Resumo da análise de variância para rendimento de grãos (g/planta) de populações segregantes e cultivares de trigo cultivadas em sistema de plantas espaçadas. Viçosa-MG, 2009

FV	G.L	Quadrados Médios
Blocos	2	919,8857
Genótipos	39	60,2592 ^{ns}
Erro entre	78	50,2268
Variância dentro	5814	10,3015
Média = 6,34		$\Phi_g = 0,068$
CV(%) = 15,93		$\sigma_c^2 = 0,81$
$\bar{k} = 49,23$		$\sigma_d^2 = 10,3$

ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

\bar{k} : média harmônica do número de plantas colhidas em cada parcela.

Estes resultados, divergentes em relação ao experimento 1 e 2, podem ser explicados pela utilização de experimentos com densidade de semeadura diferente para a avaliação das populações. Segundo Snape (1982), para que os resultados sejam coerentes é necessário que exista associação entre o cultivo sobre plantas espaçadas e o cultivo em linhas cheias para o caráter em questão, fato que não foi verificado neste trabalho, onde a correlação entre os dois sistemas de cultivo foi de apenas 11%. Dessa forma, possivelmente a inexistência de diferença significativa entre as médias das populações no experimento 3 tenha sido causada pela elevada participação de efeitos de

ambiente sob cultivo em plantas espaçadas, onde os genótipos puderam expressar todo o seu potencial na ausência de competição. Vieira et al. (2007) também relataram diferenças na distância genética entre genitores quanto esta foi realizada com caracteres mensurados em trigo cultivado em linhas cheias e plantas espaçadas.

O potencial de extração de linhagens superiores de cada população foi avaliado pela metodologia de Jinks e Pooni (1976) e os resultados podem ser observados na Tabela 12. De acordo com essa metodologia as populações com maior probabilidade de extração de linhagens com rendimento superior à cultivar BRS 264 acrescido de 11% são BRS264/BRS207 (41,3%) e BRS254/Aliança (41,3%). Por outro lado as populações Embrapa42/Aliança (5,1%), BRS264/IVI01041 (11,1%) e BRS264/Aliança (16,9%) foram as menos promissoras.

Comparando os resultados desta metodologia com aqueles obtidos pela análise dialélica e média parental, verifica-se que não houve concordância entre eles. Pode ser observado que entre os cinco cruzamentos com menores chances de gerar linhagens superiores encontra-se a combinação BRS264/Aliança considerada como uma das melhores pelos demais métodos, sendo constituída por genitores com as maiores CGC e média parental elevada.

A metodologia de Jinks e Pooni (1976) tem sua eficiência comprovada por diversos trabalhos (Jinks e Pooni, 1976; Snape, 1982; Triller e Toledo, 1996). Contudo, quando as estimativas dos componentes genéticos são obtidas por meio de avaliações em plantas individuais os resultados são menos precisos devido à maior amplitude dos erros associados a este tipo de estimativa (Abreu et al., 2002). De acordo com os dados da Tabela 12, ocorreram estimativas negativas da variância genética para algumas populações segregantes, evidenciando a existência de erros na estimação dos parâmetros a partir da análise de plantas individuais.

De acordo com Snape (1982) a obtenção de estimativa negativa da variância genética em trigo é fruto da dificuldade de avaliar as variações genéticas para a produção e seus componentes em dados de plantas individuais por causa dos efeitos da competição dentro da parcela. Resultados semelhantes com feijão foram observados por Mendonça et al. (2002); estes autores apontam que, apesar do método de Jinks e Pooni (1976) ser adequado, a utilização de estimativas de variância obtidas de plantas individuais gera problemas de baixa precisão experimental e dificuldade na obtenção de dados. Toledo (1987) também obteve estimativas negativas para variância genética com a cultura da soja.

Tabela 12. Média de plantas individuais, amplitude, variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), genética ($\hat{\sigma}_G^2$), e probabilidade de extração de linhagens superiores (P %), para o caráter rendimento de grãos de trigo, em Viçosa-MG, em 2009

População	Média (g/planta)	Amplitude (g/planta)	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$ ^{1,2}	P(%) ³
Embrapa22/Anahuac	6.65 ± 3.25	27.11	11.02	2.38	34.8
Embrapa22/Aliança	6.55 ± 2.94	14.57	8.72	0.08	31.2
Embrapa22/BRS207	6.94 ± 3.33	23.38	11.40	2.76	38.2
Embrapa22/VI98053	6.46 ± 2.90	16.74	8.44	-0.20	29.8
Embrapa22/IVI01041	6.51 ± 2.91	16.57	8.80	0.16	30.9
Embrapa22/Pioneiro	6.50 ± 2.93	15.17	8.75	0.11	30.5
Embrapa42/Anahuac	5.36 ± 3.30	26.05	11.80	3.16	23.0
Embrapa42/Aliança	4.91 ± 2.15	14.19	4.81	-3.83	5.1
Embrapa42/BRS207	5.89 ± 3.31	23.21	11.15	2.51	27.1
Embrapa42/VI98053	6.05 ± 3.37	24.18	11.69	3.05	29.1
Embrapa42/IVI01041	5.34 ± 3.42	28.82	13.21	4.57	24.5
Embrapa42/Pioneiro	6.81 ± 3.41	22.70	11.86	3.22	37.1
BRS254/Anahuac	6.89 ± 3.34	19.55	11.55	2.91	37.8
BRS254/Aliança	7.19 ± 3.46	18.85	11.99	3.35	41.3
BRS254/BRS207	6.67 ± 3.36	18.83	11.45	2.81	35.2
BRS254/VI98053	6.67 ± 2.69	15.36	7.27	-1.37	30.5
BRS254/IVI01041	6.80 ± 3.44	20.46	12.87	4.23	37.5
BRS254/Pioneiro	6.71 ± 3.03	15.43	9.20	0.56	33.7
BRS264/Anahuac	7.16 ± 4.51	19.00	11.28	2.64	40.5
BRS264/Aliança	5.36 ± 2.75	17.48	7.80	-0.84	16.9
BRS264/BRS207	7.03 ± 4.10	27.14	16.93	8.29	41.3
BRS264/VI98053	6.68 ± 2.81	15.26	7.95	-0.69	31.6
BRS264/IVI01041	5.02 ± 2.56	13.97	6.63	-2.01	11.1
BRS264/Pioneiro	6.47 ± 3.44	22.53	12.56	3.92	34.1
IAC24/Anahuac	5.52 ± 2.75	14.81	7.59	-1.05	17.9
IAC24/Aliança	5.79 ± 2.73	16.43	7.52	-1.12	20.3
IAC24/BRS207	5.76 ± 3.36	22.11	11.55	2.91	26.4
IAC24/VI98053	5.47 ± 3.19	14.94	10.19	1.55	22.1
IAC24/IVI01041	5.52 ± 3.00	15.28	9.07	0.43	20.6
IAC24/Pioneiro	6.82 ± 3.73	24.04	14.11	5.47	38.2
IAC364/Anahuac	7.02 ± 3.72	22.06	13.85	5.21	40.1
IAC364/Aliança	6.15 ± 3.27	19.40	10.94	2.30	29.5
IAC364/BRS207	6.45 ± 3.49	19.55	12.76	4.12	34.1
IAC364/VI98053	6.03 ± 3.11	15.30	10.14	1.50	27.4
IAC364/IVI01041	5.90 ± 3.50	22.71	12.59	3.95	28.8
IAC364/Pioneiro	6.39 ± 2.59	14.88	7.22	-1.42	26.8
Embrapa 22	6.80 ± 2.81	17.70	7.92	-	-
BRS 264	7.32 ± 3.06	16.92	9.63	-	-
Aliança	6.85 ± 2.65	13.69	7.07	-	-
Pioneiro	6.40 ± 3.15	18.23	9.95	-	-

¹ Para obtenção da variância genética foi considerada como variância ambiental a média da variância fenotípica das cultivares Embrapa 22, BRS 264, Aliança e Pioneiro.

² Valores negativos indicam variância genética igual a zero.

³ Probabilidade de obtenção de linhagens com rendimento superior ao da cultivar BRS 264 acrescido de 11%.

No caso da cultura do trigo, a obtenção de dados de plantas individuais, além de ocasionar a obtenção de estimativas de variância genética negativa, é dificultada devido à densidade de plantio recomendada para a cultura e o intenso perfilhamento. Na densidade comercial de semeadura não é possível a individualização de plantas. Assim, para a aplicação da metodologia de Jinks e Pooni (1976) é necessário que a semeadura seja realizada em menores densidades, o que origina a necessidade de condução de experimentos específicos para estes fins.

Dessa forma, para a cultura do trigo a limitação do método de Jinks e Pooni (1976) não é de ordem genética, mas sim de ordem prática, uma vez que a estimação dos componentes genéticos por meio de esquemas como *test cross* triplo em F₂ requer muito trabalho e tempo, limitando o número de cruzamentos a serem avaliados, e a utilização de dados de plantas individuais está associada a grandes erros (Snape, 1982) e é de difícil obtenção.

Uma alternativa seria a utilização de famílias F₃ para estimar os parâmetros genéticos, de modo que os erros seriam menores e a quantidade de cruzamentos reduzida, se adequando melhor à realidade dos programas de melhoramento. Esse método tem eficiência compatível com o *test cross* triplo em F₂, segundo Jinks e Pooni (1980), e tem se mostrado eficiente para a cultura do trigo (Snape 1982).

CONCLUSÕES

✓ A análise dialélica constitui o método de predição mais consistente para determinação de genitores e populações segregantes superiores.

✓ O rendimento médio e a diversidade genética isoladamente não constituem método de predição eficiente para a seleção de populações segregantes.

✓ A aplicação da metodologia de Jinks e Pooni (1976) a partir de estimativas obtidas em plantas espaçadas apresenta limitação de ordem prática.

✓ Os genitores BRS 264 e IAC 364, no grupo I, e Aliança, VI 98053 e Pioneiro, no grupo II, apresentam alta frequência de alelos favoráveis para incremento de rendimento de grãos.

✓ As populações BRS264/Aliança, BRS264/VI98053, BRS264/Pioneiro, IAC364/Aliança, IAC364/VI98053 e IAC364/Pioneiro são as mais promissoras para obtenção de linhagens superiores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A.F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 79 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F. Selection potential for seed yield from intra- and inter-racial populations in common bean. **Euphytica**, v.108, n.2, p.121–127, 1999.
- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, v.25, n.3, p.323-327, 2002.
- AGRIANUAL 2008: **Anuário da Agricultura Brasileira**. São Paulo: Agro FNP – Instituto FNP, 2008. 509p.
- AMARAL JÚNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; SCAPIM, C.A.; SILVA, D.J.H.; CRUZ, C.D. Análise dialélica da capacidade combinatória de cultivares de tomateiro. **Bragantia**, v.55, n.1, p.67-73, 1996.
- ANTUNES, I.F.; VELLO, N.A.; TEIXEIRA, M.G.; SILVEIRA, E.P.; EMYGDIO, B.M.; ZONTA, E.P. Predição da produtividade de grãos de populações F₂ de feijão a partir da média parental. **Ciência Rural**, v.28, n.3, p.357-360, 1998.
- AOAC. (Association of Official Analytical Chemists). **Official Methods of Analysis of AOAC**. 16. ed. Arlington, 1995. 1018p.
- BARELLI, M.A.A.; VIDIGAL, M.C.G.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; SAGRILO, E. Diallel analysis for grain yield and yield components in *Phaseolus vulgaris* L. **Acta Scientiarum**, v.22, n.4, p.883-887, oct/dec 2000.
- BARROSO, P.A.V.; HOFFMANN, L.V. **Métodos de predição do comportamento de populações de melhoramento**. Campina Grande: Embrapa Algodão, set. 2003. 38p.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v.10, n.4, p.211-222, 2007.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G.; BENIN, G.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.A.M.; VALÉRIO, I.P.; FONSECA, D.R.; SILVEIRA, G. Efeitos da heterose e endogamia em caracteres de importância agrônômica em trigo. **Revista Ceres**, v.56, n.6, p.753-763, nov/dez, 2009a.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; VALÉRIO, I.P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.2, p.155-163, fev. 2009b.

BHATT, G.M. Comparison of various methods of selecting parents for hybridization in common bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Australian Journal Agricultural Research**, v.24, p.457-64, 1973.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009. v.1, 529p.

CARGNIN, A.; SOUZA, M. A.; FOGAÇA, C. M. Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade em trigo. **Revista Ceres**, v. 55, n.4, p.243-250, 2008.

CARNEIRO, J.E.S.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; GONÇALVES, F.M.A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.4, p.515-524, 2002.

CHO, Y.; SCOTT, R.A. Combining ability of seed vigor and seed yield in soybean. **Euphytica**, v.112, n.2, p.145-150, 2000.

COMISSÃO BRASILEIRA DE TRIGO E TRITICALE. **Informações técnicas para a safra 2008: Trigo e Triticale**. Londrina: **Embrapa Soja**, 2008. 147p.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Indicadores agropecuários**. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br/conabweb/index.php?PAG=131>>. Acesso em: 29 dez. 2009.

CRUZ, C.D. **Programa Genes - Aplicativo computacional em genética e estatística**. Versão Windows, 2007. <www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Viçosa, MG: UFV, 2008. 395p.

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

FAROOQ, J.; KHALIQ, I. Estimation of heterosis and heterobeltiosis of some quantitative characters in bread wheat crosses. **Asian Journal of Plant Sciences**, v.3, n.4, p.508-511, 2004.

FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C.; SANTOS, M.C.; RAMALHO, M.A.P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, n.9, p.1189-1194, set. 1995.

FUZATTO, S.R.; FERREIRA, D.F.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, v.26, n.1, p.22-32, jan./fev. 2002.

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

GERALDI, I.O.; MIRANDA-FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, v.11, p.419-430, 1988.

GOMIDE, M.L.; MALUF, W.R.; GOMES, L.A.A. Capacidade de combinação de linhagens elite de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, n.3, p.740-748, maio/jun. 2008.

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

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v.39, p.789-809, 1954.

HERRMANN, M.A. Diallel analysis of various traits in winter triticale. **Plant Breeding**, v.126, n.1, p.19-23, 2007.

JINKS, J.L.; POONI, H.S. Comparing predictions of mean performance and environmental sensitivity of recombinant inbred lines based upon F₃ and triple test cross families. **Heredity**, v.45, n.3, p.305-312, 1980.

JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, v.36, n.2, p.253-266, 1976.

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

KEARSEY, M.J.; JINKS, J.L. A general method of detecting additive, dominance and epistatic variation for metrical traits. **Heredity**, v.23, n.3, p.403-409, 1968.

KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F.; ASSMANN, I.C.; CRUZ, P.J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.4, p.645-651, abr. 2001.

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

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; VIEIRA, E.A.; SILVA, J.A.G.; RIBEIRO, G. Estimativa do desempenho de progênies F₂ e F₃ com base no comportamento dos genitores e dos híbridos F₁ em aveia. **Bragantia**, v.65, n.2, p.207-214, 2006.

LÚCIO, A.D.; STORCK, L.; BANZATTO, D.A. Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto a sua precisão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.5, n.1, p.99-103, 1999.

MACHADO, C.F.; SANTOS, J.B.; NUNES, G.H.S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, v.59, n.1, p.11-20, 2000.

MENDONÇA, H.A.; SANTOS, J.B.; RAMALHO, M.A.P. Selection of common bean segregating populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.2, p.219-226, 2002.

- OLIVEIRA JÚNIOR, A.; MIRANDA, G.V.; CRUZ, C.D. Predição de populações F₃ a partir de dialelos desbalanceados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.5, p.781-787, maio 1999.
- OLIVEIRA, L.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; FERREIRA, D.F. Alternative procedures for parent choice in a breeding program for the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Brazilian Journal of Genetics**, v.19, n.4, p.611-615, 1996.
- PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B.; COUTO, K.R. Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.5, p.707-713, maio 2007.
- PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P.; BRESEGHELLO, F. Análise da heterose de cruzamentos entre variedades de arroz-vermelho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1135-1142, set. 2008.
- POONI, H.S.; JINKS, J.L. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent for two or more characters simultaneously. **Heredity**, v.40, n.3, p.349-361, 1978.
- RAMALHO, M.A.P.; LAMBERT, E.S. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.3, n.2, p.228-249, 2004.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PEREIRA FILHO, I. Choice of parents for dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding: interaction of mean components by generation and by location. **Revista Brasileira de Genética**. v.11, n.2, p.391-400, 1988.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 5. ed. São Paulo: Globo, 1996. 359p.
- SANTOS, P.G.; SOARES, A.A.; RAMALHO, M.A.P. Predição do potencial genético de populações segregantes de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.4, p.659-670, abr. 2001.
- SCHEEREN, P.L.; CARVALHO, F.I.F.; FEDERIZZI, L.C. Análise da capacidade combinatória de seis caracteres adaptativos em trigo (*Triticum aestivum* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, n.6, p.831-846, jun. 1995.
- SHARMA, R.C.; SMITH, E.L.; MCNEW, R.W. Combining ability analysis for harvest index in winter wheat. **Euphytica**, v.55, n.3, p.229-234, 1991.
- SILVA, M.P.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; RODRIGUES, R.; DAHER, R.F.; LEAL, N.R.; SCHUELTER, A.R. Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. **Horticultura Brasileira**, v.22, n.2, p.277-280, 2004.
- SINGH, G.P.; CHAUDHARY, H.B. Selection parameters and yield enhancement of wheat (*Triticum aestivum* L.) under different moisture stress conditions. **Asian Journal of Plant Sciences**, v.5, n.5, p.894-898, 2006.
- SINGH, H.; SHARMA, S.N.; SAIN, R.S. Heterosis studies for yield and its components in bread wheat over environments. **Hereditas**, v.141, n.2, p.106-114, nov. 2004.

SNAPE, J.W. Predicting the frequencies of transgressive segregants for yield and yield components in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.62, n.2, p.127-134, 1982.

SOUZA, M.A.; RAMALHO, M.A.P. Controle genético e tolerância ao estresse de calor em populações híbridas e em cultivares de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.10, p.1245-1253, 2001.

TOLEDO, J.F.F. Predicting the inbreeding and the outcrossing potential of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) varieties. **Revista Brasileira de Genética**, v.10, n.3, p.543-558, set. 1987.

TRILLER, C.; TOLEDO, J.F.F. Using the F₃ generation for predicting the breeding potential of soybean crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, v.19, n.2, p.289-294, 1996.

VALÉRIO, I.P.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SOUZA, V.Q.; BENIN, G.; SCHMIDT, D.A.M.; RIBEIRO, G.; NORNBORG, R.; LUCH, H. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, n.2, p.100-107, 2009.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 486p.

VIDIGAL, M.C.G.; SILVÉRIO, L.; ELIAS, H.T.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; RETUCI, V.S.; SILVA, C.R. Combining ability and heterosis in common bean cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1143-1150, set. 2008.

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; BERTAN, I.; KOPP, M.M.; ZIMMER, P.D.; BENIN, G.; SILVA, J.A.G.; HARTWIG, I.; MALONE, G.; OLIVEIRA, A.C. Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.392-399, 2007.