

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

CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS, ANATÔMICAS E QUÍMICAS
ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA AO ACAMAMENTO EM *Avena sativa*

Jéssica Argenta
Engenheira Agrônoma/IFRS-Sertão

Dissertação apresentada como um dos requisitos
à obtenção do Grau de Mestre em Fitotecnia
Área de concentração recursos genéticos, biotecnologia, e melhoramento
vegetal.

Porto Alegre (RS), Brasil
Julho de 2019

CIP - Catalogação na Publicação

Argenta, Jéssica
CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS, ANATÔMICAS E QUÍMICAS
ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA AO ACAMAMENTO EM Avena sativa
/ Jéssica Argenta. -- 2019.
151 f.
Orientador: Luis Federizzi.

Coorientador: Marcelo Teixeira Pacheco.

Dissertação (Mestrado) -- Universidade Federal do
Rio Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Programa de
Pós-Graduação em Fitotecnia, Porto Alegre, BR-RS,
2019.

1. Avena sativa. 2. Acamamento. 3. Resistencia. 4.
Colmo. 5. Estatura. I. Federizzi, Luis, orient. II.
Pacheco, Marcelo Teixeira, coorient. III. Título.

JÉSSICA ARGENTA
Engenheira Agrônoma - IFRS Campus Sertão

DISSERTAÇÃO

Submetida como parte dos requisitos
para obtenção do Grau de

MESTRE EM FITOTECNIA

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

Aprovado em: 19.07.2019
Pela Banca Examinadora

Homologado em: 29.04.2021
Por

LUIZ CARLOS FEDERIZZI
Orientador - PPG Fitotecnia
UFRGS

CHRISTIAN BREDEMEIER
Coordenador do Programa de
Pós-Graduação em Fitotecnia

CARLA ANDRÉA DELATORRE
PPG Fitotecnia/UFRGS

MARCELO TEIXEIRA PACHECO
PPG Fitotecnia/UFRGS

JORGE ERNESTO DE ARAUJO MARIATH
Instituto de Biociências/UFRGS

CARLOS ALBERTO BISSANI
Diretor da Faculdade de
Agronomia

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) e ao Programa de Pós Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade de cursar o mestrado.

Ao professor Luís Carlos Federizzi, pela orientação, confiança, ensinamentos teóricos e de vida, e pelo exemplo ética profissional.

Ao professor Marcelo Teixeira Pacheco, pela orientação, dedicação, esforço, ensinamentos, e confiança.

Aos professores do departamento de Plantas de Lavoura pelos ensinamentos teóricos e práticos.

Aos funcionários da Estação experimental agrônômica pelo auxílio na condução dos experimentos e ao programa de melhoramento genético de aveia da UFRGS, pela concessão dos materiais para estudo e estrutura para condução dos experimentos.

Aos professores Jorge Ernesto de Araujo Mariath, Alexandra Mastroberti e a Laboratorista Juliana Troleis do laboratório de Anatomia Vegetal da UFRGS, pela assistência, profissionalismo e concessão da estrutura no auxílio desse trabalho.

Aos meus colegas, pela amizade, auxílio, troca de conhecimentos e momentos de descontração.

Aos meus amigos por estarem ao meu lado nos anos dedicados à esse trabalho.

Aos meus pais Augusto Argenta e Inês Maria Rissardo, pelos ensinamentos e princípios de vida.

À minha família, em especial meu irmão Vinícius, pela confiança, incentivo e compreensão nos momentos em que estive ausente e pelo apoio constante em todos os meus projetos.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ), pela concessão da bolsa de estudos.

A todos que de alguma forma contribuíram para a minha formação.

A Deus.

CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS, ANATÔMICAS E QUÍMICAS ASSOCIADAS AO ACAMAMENTO EM *Avena sativa*¹

Autor: Jéssica Argenta
Orientador: Luíz Carlos Federizzi

RESUMO

O acamamento de plantas é o deslocamento permanente do colmo da posição vertical, resultando em sua inclinação, atingindo o ponto máximo quando as plantas ficam completamente prostradas sobre a superfície do solo. O acamamento em aveia (*Avena sativa*) é um fenômeno pouco compreendido, sendo influenciado por diversos fatores ambientais e pela estrutura morfológica dos genótipos. O acamamento pode ser caracterizado como de colmo ou de raiz. O acamamento ocorre quando as forças aplicadas, principalmente, pela velocidade do vento e chuvas são maiores do que a planta consegue suportar na base do colmo (acamamento de colmo) ou pela ancoragem do sistema radicular (acamamento de raiz), resultando no deslocamento da base da planta no solo. O objetivo deste estudo foi determinar quais características morfológicas, químicas e anatômicas do colmo são responsáveis pela resistência ao acamamento em aveia. Dez genótipos de aveia, com diferentes níveis de resistência ao acamamento, foram avaliados no ano de 2017, sob três densidades de semeadura. No ano de 2018, cinco desses genótipos foram conduzidos em duas épocas e três densidades de semeadura. Os resultados indicam que a resistência ao acamamento de colmo em aveia resulta da ocorrência simultânea de diferentes características, a saber: presença de parênquima fundamental subdérmico na parede celular dos entrenós do colmo; maior lignificação dos tecidos do colmo, como anel de esclerênquima, parênquima fundamental subdérmico e feixes vasculares; baixa estatura de plantas, especialmente associada a entrenós basais mais curtos; maior diâmetro do colmo e maior espessura da parede do colmo, possibilitando maior preenchimento dos entrenós basais, principalmente do primeiro. Níveis variáveis de resistência ao acamamento são alcançados quando há presença parcial dessas características. Porém, somente essas características não são suficientes para explicar a resistência ao acamamento em aveia. Sob condições de campo, maior resistência ao acamamento em aveia pode ser alcançada pela seleção de plantas com menor estatura, maior diâmetro dos entrenós basais do colmo, associadas a maior espessura da parede do primeiro entrenó basal, resultando em maior resistência desse entrenó, quando sob pressão.

¹ Dissertação de Mestrado em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (151f) Julho, 2019.

MORPHOLOGICAL, ANATOMICAL AND CHEMICAL CHARACTERISTICS ASSOCIATED WITH LODGING IN *Avena sativa*

Author: Jéssica Argenta
Adviser: Luíz Carlos Federizzi

Abstract

Plant lodging is the permanent displacement of the stem from the upright position, resulting in its inclination, reaching a maximum when plants are completely prostrate on the soil surface. Oat (*Avena sativa*) lodging is a poorly understood phenomenon, which is influenced by several environmental factors and by the morphological structure of the genotypes. Oat lodging can be characterized either as stem lodging or root lodging. Lodging happens when forces applied mainly by wind and rainfall are greater than those the plant can support at its stem base (stem lodging) or by the anchorage provided by its root system (root lodging), resulting in the displacement of the plant base in the soil. The objective of this study was to determine which morphological, chemical and anatomical characteristics of the stem are responsible for oat lodging resistance. Ten oat genotypes with different levels of lodging resistance were evaluated in 2017 under three sowing densities. In 2018, five of these genotypes were conducted under two sowing dates and three sowing densities. The results indicate the resistance to stem lodging on oats results from the simultaneous occurrence of different characteristics, namely: presence of subdermal parenchyma tissue in the cell walls of the stem internodes; greater lignification of stem tissues, such as sclerenchymal ring, fundamental subdermal parenchyma, and vascular bundles; short plant stature, especially associated with shorter basal internodes; larger culm diameter and greater culm wall thickness, allowing greater filling of the basal internodes, mainly the first one. Variable levels of lodging resistance are reached when these characteristics are partially present. However, these characteristics alone are not sufficient to explain oat lodging resistance. Under field condition, greater oat lodging resistance can be achieved by selecting plants with shorter stature, larger basal stem diameter, associated with greater wall thickness of the first basal stem internode wall, resulting in higher resistance of this internode when under pressure.

¹ Master Dissertation in Plant Science, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (151 p.) July, 2019.

SUMÁRIO

	Página
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	4
2.1 Aveia: panorama geral	4
2.2 O acamamento de plantas	5
2.3 Melhoramento de plantas para resistência ao acamamento.....	7
2.4 Caracteres associados ao acamamento de plantas	8
2.4.1 Caracteres morfológicos.....	8
2.4.1.1 Estatura de planta	9
2.4.1.2 Colmo.....	10
2.4.1.3 Estrutura morfológica da planta de aveia	10
2.4.2 Caracteres anatômicos e químicos.....	12
2.4.2.1 Parede celular	12
2.4.2.1.1 Estrutura da parede celular	13
2.4.2.1.2 Composição da parede celular	14
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1 Material vegetal e desenho experimental.....	17
3.2 Avaliação morfológica	18
3.3 Avaliações anatômicas	19
3.4 Avaliações químicas	20
3.5 Índice de acamamento e dados climáticos	21
3.6 Análise estatística	22
4 RESULTADOS	24

	pagina
4.1 Análise morfológica.....	24
4.1.1 Análises de variância (ANOVA).....	25
4.1.2 Comparação de médias.....	29
4.2 Análise anatômica.....	52
4.2.1 Análise de variância.....	54
4.2.2 Comparação de médias.....	56
4.2.3 Componentes estruturais da parede celular	58
4.2.3.1 Lignina	58
4.2.3.2 Pectinas	63
4.2.3.3 Celuloses	67
4.3 Análise química.....	70
4.3.1 Análise de variância.....	70
4.3.2 Comparação de médias.....	72
4.4 Análise de correlação entre caracteres morfológicos, anatômicos e químicos do colmo de genótipos de aveia.....	77
4.5 Análise de regressão entre caracteres morfológicos, anatômicos e químicos do colmo de genótipos de aveia.....	81
4.6 Análise de agrupamento de caracteres morfológicos, anatômicos e químicos em genótipos de aveia	84
4.7 Análise do acamamento de plantas e dados climatológicos	89
5 DISCUSSÃO	100
6 CONCLUSÕES	112
7 REFERÊNCIAS.....	115
8 APÊNDICES	121

RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1 Genótipos estudados, estatura, nível de resistência e ano de avaliação.....	35
2 Resumo da análise de variância para os caracteres comprimento de panícula (CP), peso de panícula (PP), peso de mil grãos (PMG), peso hectolitro (PH), matéria seca na floração (MSF), matéria seca na colheita (MSC), número de entrenós (NE) em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.....	44
3 Resumo da análise de variância para os caracteres), número de afilhos (NA), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3) e quarto entrenó basal expandido (CE4), diâmetro do primeiro entrenó basal expandido (DC1), em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.....	45
4 Resumo da análise de variância para os caracteres diâmetro do segundo (DC2), terceiro (DC3) e quarto (DC4) entrenós basais expandidos, espessura do colmo primeiro (EC1), segundo (EC2), terceiro (EC3) e quarto (EC4) entrenós basais expandidos, em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.....	46
5 Resumo da análise de variância para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenós basais expandidos, diâmetro do primeiro (DC1) e segundo (DC2) entrenós basais expandidos, espessura do colmo do primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenós basais expandidos, em cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura e duas épocas de semeadura, no ano de 2018.....	49
6 Comparação de médias para os caracteres peso de mil grãos (PMG), peso de panícula (PP), peso hectolitro (PH), matéria seca na colheita (MSC), matéria seca na floração (MSF) e comprimento de panícula (CP) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.....	51
7 Comparação de médias para os caracteres Comprimento do primeiro (CE1),segundo (CE2), terceiro (CE3), quarto (CE4) entrenó basal e comprimento total do colmo (CC), em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.....	53

	Página	
8	Comparação de médias para os caracteres Espessura do colmo do primeiro (EC1), segundo (EC2), terceiro (EC3), quarto (EC4) entrenós basais e número de entrenós (NE) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.....	55
9	Comparação de médias para os caracteres diâmetro do primeiro (DC1), segundo (DC2), terceiro (DC3), quarto (DC4) entrenó basal e número de afilhos (NA) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.....	64
10	Comparação de médias para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenó basal expandido, diâmetro do primeiro (DC1) e do segundo (DC2) entrenó basal expandido, espessura do colmo do primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenó basal expandido sob três densidades e duas épocas de semeadura no ano de 2018.	73
11	Resumo da análise de variância para os caracteres número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número decamadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais em cinco genótipos de aveia , sob densidade de 300 sementes aptas por m ⁻² , em duas épocas de semeadura, 2018.....	73
12	Resumo da análise de variância para os caracteres número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT) em dois genótipos de aveia , sob as densidades de 150, 300 e 450 sementes aptas m ⁻² , na primeira época de semeadura de 2018.....	75
13	Médias do número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), do anel de esclerênquima (NCAE), do parênquima fundamental cortical (NCFC), do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT), em cinco genótipos de aveia , sob densidade de 300 sementes aptas por m ⁻² , em duas épocas de semeadura, 2018.....	76
14	Médias do número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais em dois genótipos de aveia em três densidades de semeadura, 2018.....	89

	Página	
15	Resumo da análise de variância para os caracteres teor de lignina (LIG), teor de hemicelulose (HEM) e teor de celulose (CEL) de colmos de dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas por m ⁻²), no ano de 2017.....	89
16	Resumo da análise de variância para os caracteres teor de lignina (LIG), teor de hemicelulose (HEM) e teor de celulose (CEL) de colmos de cinco genótipos de aveia, sob densidade de 300 sementes aptas por m ⁻² , em duas épocas de semeadura no ano de 2018.....	91
17	Médias do teor de lignina (LIG), hemicelulose (HEM) e celulose (CEL) de colmos de dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas por m ⁻²), no ano de 2017.....	93
18	Média do teor de lignina (LIG), hemicelulose (HEM) e celulose (CEL), em cinco genótipos de aveia, em duas épocas de semeadura, 2018.....	108
19	Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia UFRGS 127013-1, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.....	109
20	Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia URS 21, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.....	110
21	Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia URS Altiva, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018....	111
22	Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia UFRGS 146155-1, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018	112
23	Porcentagem de plantas acamadas(PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia URS Taura, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.....	112

RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1 Entrenós de aveia, da esquerda para a direita primeiro ao quarto entrenó basal expandidos. Barra – 3 cm.....	29
2 Comprimento do colmo de dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura: 150, 300 e 450 sementes m ⁻² , no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. n =15	58
3 Comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3) e quarto (CE4) entrenós basais expandidos de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150 sementes m ⁻¹ , 300 sementes m ⁻¹ e 450 sementes m ⁻² , no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. n = 15.....	59
4 Espessura do colmo no primeiro (EP1), segundo (EP2), terceiro (EP3) e quarto (EP4) entrenó de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: A) 150 sementes m ⁻² ; B) 300 sementes m ⁻² . C) 450 sementes m ⁻² , no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. n=15.....	60
5 Diâmetro do primeiro (DC1), segundo (DC2), terceiro (DC3) e quarto (DC4) entrenó expandido de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: A) 150 sementes m ⁻² ; B) 300 sementes m ⁻² . C) 450 sementes m ⁻² , no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média . n=15.....	61
6 6 Comprimento do colmo de cinco genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura: 150, 300 e 450 sementes m ⁻² , e duas épocas de semeadura (E1 e E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. n=20	66
7 Comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenós basais expandidos de cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150 sementes m ⁻² , 300 sementes m ⁻² e 450 sementes m ⁻² , e duas épocas (E1, E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. n=20	67
8 Diâmetro do primeiro (DC1) e segundo (DC2) entrenós basais expandidos de cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150 sementes m ⁻² , 300 sementes m ⁻² e 450 sementes m ⁻² , e duas épocas (E1, E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. n=20.....	68
9 Espessura do colmo no primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenós basais expandidos de cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150 sementes m ⁻² , 300 sementes m ⁻² e 450 sementes m ⁻² , e duas épocas (E1, E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. n=20.	69

	Página
10 Ilustração de uma seção transversal do colmo de aveia com seus respectivos tecidos: epiderme (EP), parênquima fundamental subdérmico (PS), anel de esclerênquima (AE), feixes vasculares pequenos (FVP), feixes vasculares grandes (FVG), bainha de esclerênquima (BE), parênquima fundamental medular (PFM), parênquima fundamental cortical (PFC).....	71
11 Características anatômicas e deposição de lignina (coloração avermelhada) em diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia , na primeira época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m ⁻² . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Floroglucinol + HCl, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.....	78
12 Características anatômicas e deposição de lignina (coloração avermelhada) em diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia, na segunda época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m ⁻² . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Floroglucinol + HCl, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.....	79
13 Características anatômicas e deposição de lignina (coloração avermelhada) em diferentes tecidos de dois genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, na primeira época de cultivo de 2018. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Floroglucinol + HCl, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: URS Taura, 150 sementes aptas m ⁻² ; B: URS Taura, 300 sementes aptas m ⁻² ; C: URS Taura, 450 sementes aptas m ⁻² ; D: UFRGS 127013-1, 150 sementes aptas m ⁻² ; E: UFRGS 127013-1, 300 sementes aptas m ⁻² ; F: UFRGS 127013-1, 450 sementes aptas m ⁻² . EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: Parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.....	80

- 14 Características anatômicas e deposição de pectinas (coloração azulada) nas paredes das células de diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia , na primeira época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m-2. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Azul de Astra, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-6; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: Parênquima medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima..... 82
- 15 Características anatômicas e deposição de pectinas coloração azulada) nas paredes das células de diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia , na segunda época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m-2. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Azul de Astra, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima..... 83
- 16 Características anatômicas e deposição de pectina (coloração azulada) na parede celular de diferentes tecidos de dois genótipos de aveia , na primeira época de cultivo de 2018, sob três densidade de sementeira. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Azul de Astra, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: URS Taura, 150 sementes aptas m-2; B: URS Taura, 300 sementes aptas m-2; C: URS Taura, 450 sementes aptas m-2; D: UFRGS 127013-1, 150 sementes aptas m-2; E: UFRGS 127013-1, 300 sementes aptas m-; F: UFRGS 127013-1, 450 sementes aptas m-2. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima..... 84

17	Características anatômicas e deposição de celulose na parede celular (fluorescência) em diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia , na primeira época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m-2. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Calcoflúor, sob microscopia óptica em campo fluorescente com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.....	86
18	Características anatômicas e deposição de celulose na parede celular de diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia , na segunda época de cultivo, sob densidade de 300 sementes aptas m-2. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Calcoflúor, sob microscopia óptica em campo fluorescente com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.....	87
19	Teor dos principais componentes de parede celular em dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura: A) 150 sementes m-1; B) 300 sementes m-1. C) 450 sementes m-1, no ano de 2017.	92
20	Teor dos principais componentes de parede celular em dez genótipos de aveia, em duas épocas de semeadura no ano de 2018.	94
21	Análise de regressão baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento dos quatro entrenós basal expandidos (CE1, CE2, CE3 e CE4), espessura do colmo no primeiro e segundo entrenós basais expandidos (EC1, EC2), teor de hemicelulose (HEM) e lignina (LIG) em dez genótipos de aveia , em três densidades de semeadura, no ano de 2017.....	100
22	Análise de regressão baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro entrenó basal expandido (CE1), diâmetro do primeiro entrenó basal expandido (DC1) espessura do colmo no primeiro entrenó basal expandido (EC1), teor de hemicelulose (HEM) e número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE) em cinco genótipos de aveia , na densidade de 300 sementes aptas em, duas épocas de semeadura, no ano de 2018.....	101

	Página	
23	Análise de agrupamento baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento do quatro entrenós basais (CE1, CE2 CE3 e CE4), diâmetro dos quatro entrenós basais (DC1, DC2, DC3 e DC4), espessura da parede do quatro entrenós basais (EC1, EC2, EC3 e EC4), de dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.	103
24	Análise de agrupamento baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento dos quatro entrenós basais (CE1, CE2, CE3 e CE4), diâmetro dos quatro entrenós basais (DC1, DC2, DC3 e DC4), espessura da parede dos quatro entrenós basais (EC1 EC2, EC3 e EC4), teores de lignina (LIG), hemicelulose (HEM) e celulose (CEL), de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.	103
25	Análise de agrupamento, de cinco genótipos de aveia , baseada na média gerais dos caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo entrenós basais (CE2), diâmetro do primeiro (DC1) e segundo entrenós basais (DC2), espessura da parede do primeiro (EC1) e segundo entrenós basais (EC2) sob três densidades e duas épocas de semeadura, no ano de 2018.	105
26	Análise de agrupamento, de cinco genótipos de aveia, baseada na média gerais dos caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo entrenós basais (CE2), diâmetro do primeiro (DC1) e segundo entrenós basais (DC2), espessura da parede do primeiro (EC1) e segundo entrenós basais (EC2), teores de lignina (LIG), celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), sob três densidades e duas épocas de semeadura, no ano de 2018.	105
27	Análise de agrupamento, de cinco genótipos de aveia, baseada nas médias gerais dos caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo entrenós basais (CE2), diâmetro do primeiro (DC1) e segundo entrenós basais (DC2), espessura da parede do primeiro (EC1) e segundo entrenós basais (EC2), teores de lignina (LIG), celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT), na densidade de 300 sementes aptas e em duas épocas de semeadura, no ano de 2018.	106

	Página	
28	Velocidades diárias médias das máximas e mínimas do vento, registradas no experimento do estádio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Seta em azul representa a velocidade máxima de vento ocorrida. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Linhas pretas pontilhadas indicam as médias das mínimas e máximas. Eldorado do Sul, 2018.	114
29	Precipitação registrada no experimento do estádio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Eldorado do Sul, 2018.	115
30	Temperaturas máximas, médias e mínimas diárias, do estádio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Eldorado do Sul, 2018.	116
31	Radiação solar média diária registrada no experimento do estádio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento . Eldorado do Sul, 2018	117

RELAÇÃO DE QUADROS

	Página
1	
Coeficientes de correlação de Spearman para os caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro entrenó basal (CE1) comprimento do segundo entrenó basal (CE2), comprimento do terceiro entrenó basal (CE3), comprimento do quarto entrenó basal (CE4), diâmetro do primeiro entrenó basal (DC1), diâmetro do segundo entrenó basal (DC2), diâmetro do terceiro entrenó basal (DC3), diâmetro do quarto entrenó basal (DC4), espessura da parede do primeiro entrenó basal (EC1), espessura da parede do segundo entrenó basal (EC2), espessura da parede do terceiro entrenó basal (EC3), espessura da parede do quarto entrenó basal (EC4), teores de lignina (LIG),celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), em dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.....	101
2	
Coeficientes de correlação de Spearman para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro entrenó basal (CE1), comprimento do segundo entrenó basal (CE2), diâmetro do primeiro entrenó basal (DC1), diâmetro do segundo entrenó basal (DC2), espessura da parede do primeiro entrenó basal (EC1), espessura da parede do segundo entrenó basal (EC2), teor de lignina (LIG), teor de celulose (CEL), teor de hemicelulose (HEM), número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT), em cinco genótipos de aveia , na densidade de 300 sementes aptas em, duas épocas de semeadura, no ano de 2018.....	102

1 INTRODUÇÃO

A aveia (*Avena sativa* L.) ocupa posição de destaque entre os cereais, sendo cultivada em todas as regiões do mundo com clima ameno. É utilizada como grãos industrializados para alimentação humana, como cobertura de solo no sistema plantio direto e na composição de pastagens para alimentação animal. No Brasil, a aveia é o quinto cereal mais cultivado e tornou-se uma alternativa de renda para cultivo na estação fria, para os agricultores da região Sul, alguns estados da região sudeste e centro oeste do Brasil no período de entressafra das culturas de verão.

O melhoramento genético da aveia no Brasil é recente quando comparado com o de outros cereais. Desde a década de 1970, o programa de melhoramento genético de aveia da UFRGS tem concentrado grande esforço para o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições brasileiras de cultivo e com elevada qualidade industrial, alto rendimento de grãos e tolerantes a estresses bióticos e abióticos. Entre os fatores que limitam o rendimento de grãos e a qualidade industrial, pode-se destacar o acamamento de plantas. O acamamento é definido como o deslocamento permanente do colmo da planta da posição vertical, sendo causado quando as forças aplicadas, principalmente pela velocidade do vento e da ocorrência das chuvas, são maiores do que a planta consegue suportar na base do colmo ou pela ancoragem das raízes. O acamamento em aveia nos ambientes subtropicais, como no sul do Brasil, ocorre principalmente como resultado da falha estrutural do colmo (acamamento de colmo) e após a panícula ter surgido.

O acamamento de plantas pode ser considerado ainda, um fenômeno, resultante da interação de vários fatores relacionados ao genótipo, às

características de solo, às condições climáticas e às práticas culturais adotadas. Devido à natureza complexa do acamamento, torna-se difícil reconhecer uma característica que seja facilmente identificável a campo para ser utilizada como forma de seleção para resistência ao acamamento. Desse modo, melhoristas têm se concentrado, durante muitos anos, na redução da estatura de plantas, como forma de obter genótipos mais resistentes ao acamamento. Porém, estudos demonstram que a suscetibilidade ao acamamento varia entre genótipos com mesma estatura.

Embora uma diversidade de estudos tenha sido realizada sobre o acamamento de plantas em cereais de inverno, a relação entre os genótipos, clima, solo e condições de cultivo, que predispõe ao acamamento, ainda não é totalmente compreendida em aveia. Estudos em outros cereais relacionam a suscetibilidade ao acamamento a várias características morfológicas, químicas e anatômicas intrínsecas ao genótipo, principalmente relacionadas ao colmo e estatura de planta. Porém, a maioria dos trabalhos foi realizada na cultura do trigo e em clima temperado, muito diferente dos ambientes subtropicais, onde se cultiva aveia no Brasil.

Desse modo, compreender de forma mais detalhada a estrutura anatômica, morfológica e composição química de aveia será de utilidade para melhoristas e pesquisadores, que buscam incrementar a qualidade e a eficiência da produção reduzindo os entraves ocasionados pelo acamamento de plantas na espécie. O desenvolvimento de pesquisas visando compreender, de forma mais completa, como o acamamento ocorre, permitirá que medidas de prevenção sejam definidas, assim como o desenvolvimento de genótipos com maior resistência ao acamamento, através de uma seleção mais eficiente.

Desta forma, o objetivo geral deste trabalho foi determinar quais características morfológicas, químicas e anatômicas do colmo são responsáveis pela resistência ao acamamento em *Avena sativa*.

Os objetivos específicos deste trabalho foram:

- i. caracterizar morfológicamente genótipos de *Avena sativa* com diferentes níveis de resistência ao acamamento;
- ii. caracterizar a anatomia do colmo de genótipos de *A. sativa* com diferentes níveis de resistência ao acamamento;

- iii. determinar os teores de lignina, celulose e hemicelulose na composição estrutural de parede celular do colmo, em genótipos de *A. sativa* com diferentes níveis de resistência ao acamamento;
- iv. estimar a influência do ambiente sobre o acamamento de aveia, através de diferentes densidades de semeadura, em dois anos de cultivo;
- v. estimar a influência do clima na ocorrência do acamamento em dois anos de cultivo;
- vi. determinar se características morfológicas, anatômicas e químicas estão associadas ao acamamento em *A. sativa*.
- vii. determinar a associação entre vários caracteres do colmo de *A. sativa* e se alguns desses são estáveis entre anos para terem valor na seleção para resistência ao acamamento

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Aveia: panorama geral

O gênero *Avena L.* pertence à tribo *Aveneae* da família *Poaceae*. A maioria das espécies do gênero são anuais e autógamas. A aveia cultivada é hexaploide, sendo um alopoliploide natural que evoluiu por ciclos de hibridização interespecífica e poliploidização, combinando três genomas diploides distintos. Acredita-se que foi originada de um evento de poliploidização o qual envolveu a fusão de uma espécie tetraploide com uma diploide (Ladizinsky 2012; Loskutov & Rines, 2011).

As espécies hexaploides silvestres eram consideradas plantas daninhas e devido a sua maior adaptabilidade, como retenção de grãos na maturidade e a perda de dormência da semente, obteve uma vantagem seletiva positiva, como uma espécie cultivada em meio às lavouras de trigo e cevada na Europa, onde foi então domesticada (Leggett & Thomas, 1995).

A espécie *Avena sativa* é cultivada em todas as regiões do mundo com clima ameno, ou seja, todos os países europeus, incluindo a Rússia, no norte do continente asiático, nos países da América do Norte, nas regiões norte e sul da América do Sul, na ponta sul da África, na Nova Zelândia, e Austrália (Loskutov & Rines, 2011).

A aveia é utilizada como grãos industrializados para alimentação humana (flocos e farinha), devido a sua qualidade nutricional, como grãos para a alimentação animal, especialmente para equinos e bovinos, como cobertura de solo no sistema plantio direto e composição de pastagens para alimentação animal, devido a sua ótima qualidade de forragem (Moore-Colyer, 1995; Fontaneli, 2012).

No Brasil, a aveia é o quinto cereal mais cultivado, estando entre as dez principais culturas anuais. Tornou-se uma alternativa ao trigo para cultivo na estação fria (Hartwig *et al.*, 2007), principalmente pela maior rentabilidade e mercado garantido (Lima, 2019). Ainda no país a aveia vem apresentando crescimento na área cultivada, quantidade produzida e crescimento da produtividade (Lima 2019), sendo o seu cultivo concentrado nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná (Fontanelli, 2012), responsáveis por 96% da produção nacional em 2018 (CONAB, 2019), além de Mato Grosso do Sul. O Rio Grande do Sul é o principal estado produtor, responsável por 77% da produção nacional na safra de 2018. Em 2019, a estimativa para a área cultivada de aveia no Brasil é de 375 mil hectares, com uma produção estimada em 836 mil toneladas (CONAB, 2019).

Esse aumento da produção, resultou na coloração do Brasil entre os principais produtores mundiais e em valores mínimos ou próximos a zero nas exportações e importações desse grão, sendo grande parte dessa produção destinada para o mercado interno (Lima, 2019). Grande percentual desse aumento ocorreu graças ao melhoramento genético da cultura, o qual permitiu o desenvolvimento de genótipos superiores em termos de produtividade de grãos e mais ajustados aos principais sistemas de cultivo do Brasil.

2.2 O acamamento de plantas

O acamamento de plantas é um dos fatores limitantes do rendimento de grãos na cultura da aveia e está associado ao mau enchimento de grãos, diminuição do número grãos m^{-2} , redução na qualidade de grãos, maiores custos de secagem e colheita mais lenta (Zuber *et al.*, 1999; Berry & Spink, 2012). Definido como o deslocamento permanente da posição vertical dos colmos (Pinthus, 1967; Berry & Spink, 2012), é causado pelo curvamento do colmo, quebra da base do colmo ou deslocamento das raízes do solo.

Há dois tipos de acamamento: o acamamento de colmo, em que há a dobra ou quebra da base do caule, e o acamamento de raízes, onde há o deslocando das raízes no solo (Sterling *et al.*, 2003). O acamamento em aveia nos ambientes temperados ocorre normalmente como resultado da falha estrutural do colmo em vez da perda da ancoragem da raiz (Brunava & Alsiņa,

2014). No caso da aveia, pode ocorrer curvatura de colmo em qualquer ponto ao longo do colmo (Baker, Sterling & Berry, 2014).

O acamamento é um fenômeno complexo, resultante da interação de vários fatores intrínsecos ao genótipo, às características do solo, às condições climáticas e às práticas culturais adotadas (Berry *et al.*, 2000). Ainda, a reação da planta ao clima e às condições do solo favoráveis ao acamamento dependerá do seu estágio de desenvolvimento e mudará durante o enchimento de grãos (White, 1995; Sterling *et al.*, 2003). Em relação ao genótipo, os conteúdos de celulose, hemicelulose e lignina, que compõe as paredes celulares dos nós e entrenós da planta, o comprimento dos entrenós, o diâmetro do colmo, bem como a altura da planta *per se*, são caracteres relacionados à resistência ao acamamento (White, 1995; Tripathi *et al.*, 2003; Zhu *et al.*, 2004; Kong *et al.*, 2013). Fatores do ambiente, como a incidência de ventos fortes, diferentes condições do solo e aplicações de altas doses de fertilizantes nitrogenados predispõem à ocorrência do acamamento de plantas (Zuber *et al.*, 1999; Berry *et al.*, 2003a; Berry & Spink, 2012).

O risco de acamamento aumenta à medida que a planta se aproxima da colheita. No período vegetativo, o colmo é túrgido e, portanto, flexível. Porém, em decorrência de sua senescência, a planta amadurece e seca, tornando o colmo rígido. Também há um aumento do peso de panícula, devido ao acúmulo de amido e a água pelo enchimento dos grãos. Assim, o centro de gravidade vai subir do caule para a panícula, aumentando o risco de acamamento (White, 1995). Geralmente, na cultura de aveia, a ocorrência do acamamento incide após a panícula ter surgido, sendo mais comum durante o enchimento de grãos e menos comum durante o alongamento do caule e antese (White, 1995; Berry & Spink, 2012; Tripathy *et al.*, 2003; Berry *et al.*, 2004).

Se o acamamento ocorrer precocemente, o sombreamento das folhas diminuirá a fotossíntese, e a contração dos vasos condutores, devido ao curvamento do colmo, diminuirá a fotoassimilação e, conseqüentemente, haverá um menor rendimento de grãos (Kashiwagi *et al.*, 2006; Acreche & Slafer, 2011). Desse modo, as reduções no rendimento e qualidade dos grãos são causadas, de forma direta, pela interferência nos componentes do rendimento (Acreche & Slafer, 2011) e, de forma indireta, pelas dificuldades de colheita (Berry & Spink,

2012). As maiores perdas de rendimento de grãos ocorrem quando o acamamento resulta em dosséis completamente acamados (Tams, Mooney & Berry, 2004).

2.3 Melhoramento de plantas para resistência ao acamamento

O melhoramento genético de *Avena sativa* tem se concentrado principalmente na alta produtividade e na eliminação de defeitos, com ênfase na resistência a doenças. No Brasil, o melhoramento dessa cultura é recente, tendo seu início em 1974, na Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Desde então, esse programa está voltado para o desenvolvimento de cultivares de alto rendimento e qualidade de grãos, tolerantes a estresses bióticos e abióticos, adaptadas às condições subtropicais do Brasil, que atendam às necessidades dos agricultores e da indústria de beneficiamento dos grãos.

Genótipos com elevado potencial de rendimento de grãos nem sempre possuem resistência adequada ao acamamento. Embora a seleção para resistência ao acamamento seja algo rotineiro na maioria dos programas de melhoramento de aveia, o estudo das causas do acamamento e da resistência ao acamamento são escassos na espécie. Em cereais, a maioria dos estudos foram desenvolvidos na cultura do trigo. Desta forma, o acamamento de plantas ainda é pouco compreendido em aveia.

Devido à natureza complexa do caráter resistência ao acamamento, Norden e Frey (1959), já mencionavam em seu estudo que seria interessante selecionar para a resistência ao acamamento com base em algum caráter facilmente identificável a campo. Isso facilitaria a extrapolação de níveis de resistência para grupos de linhagens de um programa de melhoramento, até mesmo em anos em que não ocorresse acamamento de forma natural. Porém, para que ocorra a identificação de um caráter associado de forma confiável com a resistência ao acamamento, necessitam-se de vários anos de avaliação. O conhecimento das associações de caracteres com a resistência ao acamamento também seriam importantes para determinar o progresso genético desse caráter em um programa de melhoramento, e se os critérios de seleção estão sendo eficientes.

Porém, melhoristas têm se deparado há tempos com a dificuldade de obter um método confiável e prático para determinar a resistência ao

acamamento em plantas, devido ao efeito do ambiente. Oliveira *et al.* (2011) ressaltam que grandes variações são encontradas no desempenho de aveia, em resposta aos diferentes ambientes de cultivo, quanto à ocorrência do acamamento de plantas em uma mesma safra. O acamamento ocasionado de forma natural nos campos de cultivo não ocorre em todos os anos e nem em todas as áreas, durante um mesmo ano, e não atinge todas as parcelas de forma uniforme e com a mesma intensidade. Apesar disso, na maioria dos programas de melhoramento, a base para comparação entre os genótipos quanto aos níveis de resistência, é o acamamento natural ocorrido nos campos de ensaios de linhagens, nos vários locais e anos de teste.

Outros métodos, relacionados ao manejo, também podem prevenir o acamamento, porém são menos utilizados. Alguns deles incluem a redução da densidade de semeadura, atraso na época de semeadura, redução e/ou atraso na aplicação de nitrogênio e o uso de reguladores de crescimento (Berry, Sylvester-Bradley & Berry, 2007). Essas práticas de manejo de cultivo podem modificar vários caracteres associados ao acamamento. Para a aveia, os reguladores de crescimento ainda não possuem registro junto ao Ministério da Agricultura, pecuária e abastecimento no Brasil. Contudo, podem ser utilizados legalmente uma vez que a aveia possui um aporte fitossanitário insuficiente (Brasil, 2014). Contudo, alguns mercados de aveia restringem o uso de reguladores de crescimento devido à presença de resíduos nos grãos (Berry & Spink, 2012; Baker, Sterling & Berry, 2014).

2.4 Caracteres associados ao acamamento de plantas

Muitos estudos relacionam o acamamento de plantas principalmente a caracteres de natureza morfológica, como estatura e estrutura do colmo, e de composição da parede celular do colmo, como lignina, celulose e hemiceluloses. Já, em relação à anatomia de plantas, associada a este estresse, poucos trabalhos foram realizados.

2.5 Caracteres morfológicos

Diferentes espécies possuem diferentes estruturas morfológicas. Espécies dentro de uma mesma família podem ser similares entre si, porém não exatamente iguais. Estudos nessa área tem sido realizados principalmente em

culturas de maior interesse econômico como trigo, cevada e arroz, todas pertencentes à família Poaceae, porém com morfologia diferente da aveia.

2.5.1 Estatura de planta

A estatura da planta, como componente da biomassa, está relacionada ao rendimento de grãos. O incremento em estatura da planta pode ser utilizado para obter ganhos na biomassa. Porém, essa estratégia tem restrições, uma vez que quanto maior altura, maior a suscetibilidade ao acamamento (Stuthman, 1995; White, 1995). Portanto, o acamamento é um problema, principalmente em cultivares que possuem estatura mais elevada.

Ainda, devido à natureza complexa do acamamento e a alguns caracteres morfológicos associados à resistência do acamamento serem mais difíceis de serem reconhecidos (Forsberg & Reeves, 1995), a redução da estatura tem sido o principal alvo para melhorar a resistência ao acamamento em cereais (Stuthman, 1995; Sinniah, 2012). Especialmente em trigo e arroz, a introdução de genes de nanismo diminuiu consideravelmente os riscos de acamamento. Registraram-se progressos significativos durante as décadas de 1950, 1960 e 1970, quando o uso de variedades de porte baixo permitiu melhores respostas ao incremento de maiores doses de fertilizantes (Flintham *et al.*, 1997; Berry, 2012). Porém, em aveia, devido à problemas fenotípicos aliados a redução do rendimento, o uso destes genes tem sido limitado (Milach & Federizzi, 2001). Além disso, há existência de uma relação ideal entre a altura de planta e a capacidade fotossintética máxima, sendo que a redução da altura da planta abaixo desse nível pode ocasionar reduções no rendimento de grãos (Flintham *et al.*, 1997). Segundo Berry (2012), a altura mínima das plantas de trigo para otimização do rendimento de grãos está entre 0,7 m e 1,0 m, sendo que muitas variedades modernas de aveia já estão dentro desta faixa de estatura.

Porém, a estatura da planta não é necessariamente o fator mais importante na determinação da resistência ao acamamento. A suscetibilidade ao acamamento difere entre cultivares com estaturas semelhantes (Ookawa & Ishihara, 1992; Easson, White & Pickles, 1993). Ookawa & Ishihara, 1992 relatam que mais reduções na estatura teriam pouca aplicação futura, como

critério de seleção para resistência ao acamamento, sem sacrificar o potencial de rendimento de plantas.

2.5.2 Colmo

Características que contribuem para maior rigidez do colmo podem ser um alvo mais adequado para obter resistência ao acamamento, do que a própria estatura de planta (Kashiwagi *et al.*, 2006). Em trigo e arroz, um colmo mais rígido, em sua parte inferior, aumenta efetivamente a resistência ao acamamento, pois mantém a planta na posição vertical (Peng *et al.*, 2014; Kashiwagi *et al.*, 2006). Essa resistência pode ser avaliada a partir do diâmetro e resistência do material da parede dos colmos (Berry, Sylvester-Bradley & Berry, 2007). Já, características relacionadas às paredes dos colmos são associadas principalmente aos teores de celulose, hemicelulose, e lignina em trigo (Tripathi *et al.*, 2003; Zhu *et al.*, 2004).

Outros trabalhos sugeriram que paredes do colmo mais espessas (Dunn & Briggs, 1989), bem como o peso do colmo, possam ser úteis no desenvolvimento de novas cultivares resistentes ao acamamento (Zuber *et al.* 1999; Kong *et al.*, 2013) em trigo. O preenchimento do colmo com materiais sólidos também pode proporcionar uma maior resistência ao acamamento. Esta característica pode ser potencialmente importante para a força do caule, devido ao colmo mais espesso e a uma maior quantidade de tecidos de suporte (Kong *et al.*, 2013).

Muitos estudos têm sido conduzidos sobre acamamento e características do colmo em cereais para encontrar critérios para seleção indireta para a resistência ao acamamento. Em trigo, uma grande variação para caracteres de colmo foi encontrada entre diferentes genótipos (Berry *et al.* 2003b). Berry, *et al.*, (2007) comentam que é muito provável que essa variação encontrada não tenha sido explorada adequadamente nos programas de melhoramento, devido à grande dificuldade de avaliá-las de forma rápida.

2.5.3 Estrutura morfológica da planta de aveia

A porção vegetativa de *Avena sativa* é composta pelos colmos e folhas. Os colmos, por sua vez, consistem em uma sucessão de tubos cilíndricos com uma medula oca, de contorno externo ovalado, denominados de entrenós. Nos

entrenós existe a parede do colmo, que varia em espessura, circundando a cavidade oca do colmo. Os entrenós são unidos entre si pelos nós, onde o colmo torna-se sólido e é o local de inserção das folhas (White, 1995; Bonnett, 1961).

Os nós gradualmente se separam dos entrenós devido à divisão celular no meristema intercalar basal e da expansão dessas células, ocorrendo então o alongamento do colmo (White, 1995; Kaufman *et al.*, 1992). Os entrenós basais são relativamente curtos em comprimento e em direção ao topo do colmo os entrenós tornam-se mais alongados, sendo o mais longo aquele que dá suporte à inflorescência da espécie, denominado de pedúnculo. O alongamento dos entrenós, geralmente, começa no quarto entrenó em aveia (Bonnett, 1961; White, 1995).

No início do alongamento de entrenós, prevalece o crescimento por divisão celular. Após esse período, os entrenós de aveia se alongam, predominando o crescimento por alongamento celular, ocorrendo primeiramente na parte basal do entrenó. Já o diâmetro do internódio aumenta primeiro pelas divisões celulares periclinais na periferia do internódio, logo abaixo da epiderme e, posteriormente, pelo aumento da célula (Kaufman *et al.*, 1992; Bonnett, 1961).

Os entrenós sucessivos alongam-se sequencialmente. Um entrenó começa a alongar-se à medida que o internódio anterior termina seu crescimento. O processo de alongamento dos entrenós é regulado por vários hormônios vegetais (Taiz & Zeiger, 2006). Cultivares anãs, de diferentes espécies de cereais, são caracterizadas por uma deficiência ou insensibilidade à giberelina.

O entrenó tem pouca resistência mecânica durante o estágio inicial de alongamento, sendo este mantido ereto pelas bainhas foliares. Ao saírem da bainha foliar, os internódios da aveia se tornam verdes, portanto fotossintéticos. O tecido fotossintético é chamado clorênquima e corresponde ao parênquima cortical, que é ou ainda não se tornou esclerificado (lignificado). À medida que os internódios cessam o alongamento, eles endurecem devido à lignificação e silicificação, especialmente nas regiões externas, iniciando pelo topo do entrenó, perto do nó, e progridem em direção à base (Bonnett, 1961).

2.5.4 Caracteres anatômicos e químicos

Uma das características mais significativas da célula vegetal é a presença da parede. A parede celular é a estrutura que envolve externamente a membrana plasmática e o conteúdo celular (Kraus *et al.*, 2006). Esta difere em espessura, composição e quantidades de camadas presentes conforme órgão e a idade da planta.



FIGURA 1. Entrenós de aveia, da esquerda para a direita primeiro ao quarto entrenó basal expandidos. Barra – 3 cm

2.5.4.1 Parede celular

A parede celular é uma estrutura permeável à água e a várias substâncias. Sua principal função é dar forma e resistência mecânica à célula, porém, desempenha também outras funções muito importantes (Taiz & Zeiger, 2006). É formada nos primeiros estágios do desenvolvimento da célula, iniciando pelo aparecimento da placa celular na telófase da divisão da célula-mãe (Kraus *et al.*, 2006), e passa por modificações durante o crescimento e desenvolvimento da célula, sendo suas propriedades afetadas também pelo ambiente, nutrição e estágio de diferenciação celular (Cutter, 1986).

Em cortes anatômicos de órgãos vegetais, observados sob microscopia, o que se torna mais evidente são as paredes celulares. As paredes celulares dos tecidos parenquimáticos (parênquima fundamental cortical e parênquima medular), em geral, são finas (aproximadamente 100 nm), possuindo poucas

características distintivas. Por outro lado, as células dos tecidos epidérmicos, colênquima, vasos e traqueídes, fibras do floema e outros tipos de células esclerenquimáticas, possuem paredes mais espessas (cerca de 1.000 nm ou mais, podendo ser multicamadas) (Taiz & Zeiger, 2006).

Ainda, as paredes celulares em diferentes lados de uma célula podem diferir em espessura e composição. A parede mais externa da epiderme, por exemplo, é mais espessa que as outras paredes da célula e é revestida externamente com cutina e ceras. Sua composição também pode diferir de outras paredes, sendo que, em gramíneas, a parede das células epidérmicas pode conter uma camada de polímeros de silicato (Taiz & Zeiger, 2006).

As paredes diferem além da espessura, também em composição e propriedades físicas, como será visto a seguir.

2.5.4.2 Estrutura da parede celular

Devido as suas propriedades, a parede celular varia muito em aparência e composição, conforme o tipo de célula. Apesar dessa diversidade, as paredes celulares são usualmente classificadas em primárias e secundárias (Taiz & Zeiger, 2006).

A primeira camada é formada externamente à membrana plasmática, sendo denominada de parede primária. Entre as paredes primárias de duas células contíguas está presente a lamela média. Em muitas células, a parede primária é a única que permanece, já em outras, internamente a ela ocorre a deposição de camadas adicionais, que constituem a parede secundária (Kraus *et al.*, 2006).

A parede primária é mais espessa que a lamela média e, geralmente, é mais fina que a parede secundária (Taiz & Zeiger, 2006). A parede secundária é secretada em células que necessitam de reforço estrutural e, em geral, após a sua deposição a célula para de crescer e morre, formando-se na superfície interna da parede primária durante a diferenciação celular, constituindo-se de camadas mais espessas (Junqueira, 2012).

A estrutura da parede celular primária, em geral, consiste em camadas finas feitas de microfibrilas de celulose, incluídas em uma matriz de polissacarídeos não celulósicos (como pectinas e hemiceluloses) e de uma pequena quantidade de proteínas não enzimáticas. Elas não são estáticas,

podendo mudar durante o desenvolvimento, como resultado de padrões alterados da síntese e pela ação de enzimas que podem retirar cadeias laterais e digerir pectinas e hemiceluloses. Essa estrutura confere uma combinação ideal de flexibilidade e resistência à parede celular em crescimento, que deve possuir tanto extensibilidade como rigidez (Taiz & Zeiger, 2006).

As paredes celulares secundárias são formadas após cessamento da expansão celular, pela deposição de camadas internas da parede celular primária. Em comparação com as parede celular primária, que podem se estender de forma dinâmica, incorporar novos materiais e resistir à força de tração gerada pelo turgor celular, as paredes celular secundárias, devido à presença de lignina, são estruturalmente formadas para resistir às forças geradas pela gravidade, flexão dos órgãos e pelas pressões hidrostáticas negativas surgidas durante a transpiração. Desse modo, podem ser especializadas em estrutura e composição, como aquelas do xilema, floema e células especializadas em sustentação (Taiz & Zeiger, 2006; Junqueira, 2012). A remoção da água da parede, conduzida pela lignina, que é um composto hidrofóbico, torna a parede mais rígida e menos flexível, fortalecendo as paredes celular secundária.

2.5.4.3 Composição da parede celular

As paredes celulares são estáveis mecanicamente, sendo definidas pela sua arquitetura e pelas interações físicas entre os polissacarídeos presentes. Podem conter vários tipos de polissacarídeos de alto peso molecular, unidos uns aos outros por ligações iônicas ou covalentes. Entretanto, são comumente classificados em três grupos principais: celulose, pectinas e hemiceluloses (Kraus *et al.*, 2006; Taiz & Zeiger, 2006).

A celulose, é um composto abundante na parede celular, sendo composta de uma matriz de $\beta(1\rightarrow4)$ glicanos unidos, formando as microfibrilas, denominadas de microfibrilas de celulose, possuindo propriedades hidrofóbicas e alta resistência à tensão. A celulose é o polissacarídeo mais abundante nas Parede celular secundária. Já as pectinas são polissacarídeos hidrofílicos e formadores de gel, compostos por resíduos de açúcares ácidos. Por último, as hemiceluloses são polissacarídeos com cadeias $\beta(1\rightarrow4)$ ligadas à cadeia principal de microfibrilas de celulose. As pectinas e as hemiceluloses também

são denominadas polissacarídeos da matriz. Portanto a formação básica da parede celular vegetal são as microfibrilas de celulose incluídas em uma matriz de polímeros (Guimarães, 2010; Taiz & Zeiger, 2006).

Inicialmente as paredes celulares são constituídas por uma camada fina e permeável denominada de lamela média, a qual é formada por pectina. Posteriormente, no processo de citocinese, as microfibrilas de celulose são emaranhadas entre as células-filhas, formando a parede celular primária. Com o crescimento celular, há o aumento da espessura da parede celular primária pela adição compostos não celulósicos (hemiceluloses, pectinas e proteínas estruturais) sintetizados ou secretados pelas células vizinhas. Em algumas células, ao encerrar o crescimento celular, a parede torna-se mais rígida, pois não necessita mais de expansão, ocorrendo a formação da parede celular secundária pelo espessamento da parede celular primária ou nova deposição de camadas com composição diferenciada, como lignina (Guimarães, 2010; Junqueira, 2012).

A constituição da parede celular varia de acordo com a espécie, o tipo celular e a região da parede celular da planta (Taiz & Zeiger, 2006), sendo que as proporções entre as composições das paredes primárias e secundárias diferem entre espécies. As paredes celulares de coleóptilos de Poáceas, por exemplo, constituem-se de aproximadamente 60 a 70% de hemiceluloses, 20 a 25% de celuloses e apenas cerca de 10% de pectinas, enquanto que as paredes celulares do endosperma de cereais podem conter cerca de 2% de celulose, com a hemicelulose compondo a maior parte da parede (Taiz & Zeiger, 2006).

Como relatado anteriormente, a presença da lignina nas paredes celulares secundárias é importante para a rigidez da parede celular. A deposição de hemiceluloses e pectinas ocorre lentamente antes da lignificação, obtendo uma máxima deposição de celulose após a hemicelulose e de lignina após a celulose (Morrison, 1998). Morrison (1998) em seu estudos relatou que as concentrações de lignina e celulose na parede celular de internódios de milho aumentam progressivamente com a maturidade do entrenó. Já os açúcares não celulósicos, pectinas e hemiceluloses, depositaram-se na lamela média e na parede celular primária do entrenó mais precocemente (Morrison, 1998). Portanto, as proporções de açúcares não celulósicos diminuem nos entrenós

mais antigos, devido à diluição das pectinas e hemiceluloses depositadas durante o desenvolvimento primário da parede celular, para uma maior deposição de celulose e lignina com o desenvolvimento da parede celular secundária (Morrison, 1998).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material vegetal e desenho experimental

Dez genótipos elite de aveia (*Avena sativa*), desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Aveia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), incluindo sete cultivares e três linhagens endogâmicas, foram avaliados na safra de 2017 e 2018. Os genótipos avaliados apresentavam diferentes níveis de resistência ao acamamento e estatura de plantas (Tabela 1). No ano de 2017 os dez genótipos de aveia foram avaliados, de modo a realizar uma triagem dos genótipos a serem utilizados nos estudos do ano posterior. Desta forma, cinco genótipos foram selecionados para serem avaliados em 2018, os quais representavam as classes de variação observadas em 2017, para os caracteres morfológicos relacionados ao colmo.

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental Agronômica (EEA) da UFRGS. A EEA está localizada no município de Eldorado do Sul, na região fisiográfica da Depressão Central do Rio Grande do Sul. A semeadura no ano de 2017 foi realizada no dia 23 de junho. Já no ano de 2018, os experimentos foram conduzidos em duas épocas de semeadura, sendo a primeira no dia 21 de junho e a segunda época no dia 13 de julho.

TABELA 1. Genótipos estudados, estatura, nível de resistência e ano de avaliação.

Genótipo	Estatura	Nível de resistência	2017	2018
UFRGS 127013-1	Média	S	✓	✓
UFRGS 137127-6	Média	S	✓	
URS 21	Alta	MS	✓	✓
URG Tarimba	Média	MS	✓	
URS Charrua	Muito alta	MS	✓	
URS Corona	Média	MS	✓	
URS Brava	Alta	MR	✓	
URS Altiva	Muito Alta	MR	✓	✓
UFRGS 146155-1	Média	R	✓	✓
URS Taura	Baixa	R	✓	✓

S: suscetível; MS: moderadamente suscetível; MR: moderadamente resistente; R: resistente. A sigla URS denomina as cultivares, e a sigla UFRGS denomina as linhagens do Programa de Melhoramento de Aveia da UFRGS. Fonte: Indicações técnicas para a cultura da aveia (2014), e programa de melhoramento de aveia da UFRGS, 2017.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, tendo, no ano de 2017, arranjo em esquema fatorial simples 10 x 3, com dez genótipos e três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²), com quatro repetições. Enquanto em 2018 foi utilizado um esquema fatorial triplo 5 x 3 x 2, tendo cinco genótipos, três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²) e duas épocas de semeadura, com quatro repetições. Cada unidade experimental constituiu-se de uma parcela de 5 linhas com 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,2 m entre linhas e 0,4 m entre parcelas.

A adubação de base foi de 300 kg ha⁻¹ da fórmula 5-30-15 (N-P-K). Foram realizadas duas adubações nitrogenadas em cobertura, próximo à emissão da quarta e da sétima folhas, nas doses de 35 kg ha⁻¹ e 30 kg ha⁻¹ de N, na forma de ureia, em cada aplicação, respectivamente. O controle de plantas invasoras e o controle de moléstias de parte aérea foram realizados com inseticidas e fungicidas nas doses e ingredientes ativos indicados para a cultura, conforme a necessidade.

3.2 Avaliação morfológica

No ano de 2017, o número de filhotes emitidos por planta foi quantificado em 10 plantas por parcela, no estágio de pleno afilhamento, a fim de avaliar a relação de emissão de filhotes com a densidade de semeadura e possível acamamento.

No florescimento, foram coletadas cinco plantas em cada unidade experimental, de forma aleatória, para posterior avaliação no Laboratório de Fisiologia vegetal, pertencente ao Departamento de Plantas de Lavoura da UFRGS. Estas plantas foram coletadas com raízes e solo e mantidas úmidas. Os colmos principais destas plantas foram mensurados quanto: ao comprimento do colmo (CC), correspondendo a distância da base da planta até inserção da panícula; o diâmetro do colmo (DC) e a espessura do colmo (Ec) na porção mediana de cada internódio e comprimento (CE) do primeiro, segundo, terceiro e quarto entrenós basais. Para tais medições, foram retiradas as lâminas e as bainhas foliares. Também foi medido o número de entrenós em cada colmo. Medições de DC, EC e CE foram realizadas com a utilização de paquímetro digital.

No estágio de maturação plena, peso e comprimento da panícula foram mensurados no colmo principal de cinco plantas. As medições foram realizadas com o auxílio de balança de precisão e paquímetro.

Para quantificar o teor de matéria seca, foi coletado 0,5 metro linear de cada parcela, cortando-se as plantas rente à superfície do solo, em duas épocas: florescimento (MSF) e plena maturação (MSC). Para obtenção da matéria seca de parte aérea, as plantas foram acondicionadas em sacos de papel e secas em estufa a 60°C, até obter massa constante, e em seguida foi efetuada pesagem. Os resultados foram expressos em gramas por metro linear e convertidos a quilogramas por hectare (kg ha^{-1}).

No ano de 2018, foram avaliados os mesmos caracteres com exceção do número de afilhos, peso e comprimento de panícula e matéria seca. Enquanto as medidas de colmo restringiram-se aos dois internódios basais

3.3 Avaliações anatômicas

No ano de 2018, foram realizadas avaliações anatômicas para os cinco genótipos conduzidos à campo em duas épocas de semeadura e na densidade normal de cultivo (300 sementes aptas m^{-2}). A cultivar URS Taura e a linhagem UFRGS 127013-1, consideradas genótipos referência de resistência e suscetibilidade ao acamamento, respectivamente, foram avaliadas também em 50% da densidade normal de cultivo (150 sementes m^{-2}) e em 50% a mais da densidade normal de cultivo (450 sementes m^{-2}).

Para determinação dos caracteres anatômicos, foram cortadas, à mão livre, secções transversais de aproximadamente 20 μm na porção média do primeiro entrenó basal. Os entrenós foram coletados no estágio de florescimento e fixados em FAA (Álcool etílico 70% 90% + Ácido acético 5% + formaldeído 5%), e examinadas sob um microscópio de luz, equipado com uma câmera digital, com 10X de aumento.

Para a localização histoquímica de lignina foi utilizada solução de Floroglucinol + HCl. A aparência da cor vermelha indicava a presença de lignina. Já para localização de pectinas ácidas, foi utilizada uma solução de Azul de Astra a 10%. A presença destes componentes foi indicada pela coloração azul. Para Celulose, foi utilizada solução de Calcoflúor e avaliados os cortes sobre microscópio com campo fluorescente. A aparência de coloração azul fluorescente indica a presença de celulose nas paredes celulares. Para as demais análises foram observada as lâminas em campo claro.

As análises foram realizadas no laboratório de Anatomia vegetal do Instituto de Biociências da UFRGS. Cada genótipo foi representado por 10 secções transversais do primeiro entrenó basal.

Os tipos de tecidos foram identificados de acordo com o tipo e a natureza da sua composição (Figura 11). Em um estereomicroscópio com 40x de aumento equipada com câmera digital, o número de camadas de células, dos tecidos identificados, e o número de feixes vasculares totais foi mensurado.

3.4 Avaliações químicas

Análises para determinar os teores de fibras em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e de lignina, presentes na parede celular dos colmos das plantas, foram realizadas em cada um dos dez genótipos avaliados no ano de 2017, nas três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m^{-2}). Objetivou-se identificar se havia mudança na composição da parede celular, alterando o microclima imposto pelos níveis de densidade de semeadura.

Para realizar as análises descritas acima, foram coletadas plantas em um metro linear de cada parcela, na ocasião do florescimento, sendo retiradas as lâminas e bainhas folhares. Posteriormente os colmos foram secados em estufa com ventilação forçada, à temperatura de 65 °C, até obtenção de massa

constante. Os colmos foram moídos para posterior análise no Laboratório de nutrição animal da UFRGS.

No ano de 2018, os cinco genótipos selecionados, com base nos resultados de 2017, foram avaliados, quanto à composição química, em duas épocas de semeadura, na densidade normal de cultivo (300 sementes aptas m⁻²). Desta forma, visou-se identificar se as variações climáticas impostas pela diferentes épocas de semeadura influenciariam nos teores dos componentes estruturais da parede celular. Os procedimentos do ano de 2017 foram repetidos e as amostras foram enviadas para o Centro de Pesquisa em Alimentação (CEPA) da Universidade de Passo Fundo (UPF).

Através dos valores de FDN e FDA, de ambos anos, foram calculadas estimativas para os teores de hemiceluloses e celuloses das paredes celulares dos colmos e aveia conforme Silva & Queiroz (2009) pelas seguintes fórmulas:

$$\text{FDN} - \text{FDA} = \text{Hemiceluloses}$$

$$\text{FDA} - \text{Lignina} = \text{Celulose}$$

3.5 Índice de acamamento e dados climáticos

As informações de temperatura máxima diária, temperatura mínima diária e precipitação pluviométrica, desde a semeadura até a maturação fisiológica, foram utilizadas para identificar possíveis variações ambientais associadas com o acamamento de plantas em aveia. Os dados foram coletados pela estação agrometeorológica de alta precisão, da marca Davis, modelo Vantage Pro2™, pertencente ao Programa de Melhoramento de Aveia da UFRGS, instalada dentro da área experimental, próxima aos experimentos.

Foram avaliados o tipo de acamamento ocorrido, se de colmo ou de raiz. O acamamento foi quantificado ao longo de todo ciclo da cultura visando identificar os estádios de maior suscetibilidade. Para estimar o índice de acamamento, foram avaliadas a porcentagem de plantas acamadas em cada parcela e o ângulo de inclinação das plantas, considerando 0° a posição vertical e 90° plantas completamente acamadas. O índice de acamamento foi realizado através da porcentagem de plantas acamadas na parcela pela fórmula:

$$\left(\frac{\text{ângulo médio das plantas acamadas na parcela}}{90^\circ} \right) \times \text{porcentagem de plantas acamadas na parcela.}$$

No decorrer do experimento foram avaliados os principais estádios fenológicos da cultura como alongamento, florescimento e maturação de colheita, visando verificar a suscetibilidade dos genótipos nestes estádios. O alongamento, quando 50% ou mais das plantas da parcela apresentavam-se com os primeiros nós visíveis acima do solo. Já para o estágio de florescimento, quando 50% das plantas ou mais apresentarem panículas visíveis. Para a maturação de colheita a avaliação foi feita quando as plantas estiverem em fase final de amarelecimento

3.6 Análise estatística

Análises de variância foram realizadas para todos os caracteres avaliados nos anos de 2017 e 2018, através do pacote estatístico SAS 8.0 (SAS Institute. Inc., 2000), através do procedimento “PROC GLM”. A comparação de médias foi realizada pelo teste de comparação múltipla de Duncan, quando não foi detectada interação significativa. Quando houve interação, a comparação de médias foi realizada o teste *t* de Student, comparando médias duas a duas. Ambos testes foram realizados a 5% e 1% de probabilidade de erro. Interações possíveis foram entre genótipos e densidades de semeadura, em 2017, e entre genótipos, densidades de semeadura e épocas de semeadura, em 2018.

Foram realizadas análises de correlações de Spearman afim de avaliar o grau de associação entre o ordenamento obtido dos valores e os caracteres avaliados, utilizando-se o procedimento “PROC CORR”, opção “SPEARMAN” do pacote estatístico SAS 8.0 (SAS Institute. Inc., 2000). Desta forma, procurou-se determinar se havia caracteres que mostravam associação, do ponto de vista de classificação de ordem, nos diferentes genótipos e condições de ambiente avaliados. Os caracteres que apresentaram alta correlação foram submetidos à análise de Regressão.

Visando identificar a possível formação de grupos homogêneos dos genótipos avaliados, quanto aos diferentes caracteres avaliados, foi realizado uma análise de agrupamento, com o uso do pacote estatístico SAS 8.0 (SAS Institute. Inc., 2000), através do procedimento “PROC CLUSTER”, usando o método de Ward (“Wards’s minimun-variance”). Esse é um método multivariado que procura minimizar as variâncias dentro de grupos e maximizá-las entre grupos. Para os dados do ano de 2017, a análise de agrupamento utilizou as

médias de cada genótipo, considerando as três densidades de semeadura, dos seguintes caracteres: número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento dos quatro entrenós basais (CE1, CE2, CE3 e CE4), diâmetro dos quatro entrenós basais (DC1, DC2, DC3 e DC4), espessura do colmo dos quatro entrenós basais (EC1, EC2, EC3 e EC4). Para os dados do ano de 2018, a análise de agrupamento considerou as médias padronizadas de cada genótipo, entre as três densidades de semeadura, dentro de cada época de semeadura, dos caracteres: caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do dois entrenós basais (CE1 e CE2), diâmetro dos dois entrenós basais (DC1 e DC2), espessura do colmo dos dois entrenós basais (EC1 e EC2), teores de lignina (LIG), celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (PFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT).

Além das análises quantitativas descritas acima, foram realizadas análises qualitativas visuais para os cortes anatômicos visando identificar as diferenças entre os genótipos quanto aos teores de lignina, celulose e pectinas.

4 RESULTADOS

Genótipos de aveia foram avaliados neste trabalho quanto a características associadas à suscetibilidade e resistência ao acamamento de plantas. Os resultados obtidos serão apresentados na seguinte ordem: i) avaliação morfológica, ii) avaliação anatômica, iii) avaliação química, iv) análise do acamamento e dados climáticos.

4.1 Análise morfológica

A análise morfológica consistiu em avaliar o comprimento de panícula (CP), peso de panícula (PP), peso de mil grãos (PMG), peso hectolitro (PH), matéria seca na floração (MSF), matéria seca na colheita (MSC), número de entrenós (NE), número de afilhos (NA), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3), e quarto (CE4) entrenós basais expandido, diâmetro do primeiro (DC1), segundo (DC2), terceiro (DC3), e quarto (DC4) entrenós basais expandidos, espessura do colmo primeiro (EC1), segundo (EC2), terceiro (EC3), e quarto (EC4) entrenós basais expandidos, em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

No ano de 2018, foram contabilizados somente o número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenós basais expandidos, diâmetro do primeiro (DC1) e segundo (DC2) entrenós basais expandidos, espessura do colmo do primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenós basais expandidos, em cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura e duas épocas de semeadura.

4.1.1 Análises de variância (ANOVA)

A análise de variância indicou diferenças significativas entre os genótipos para quase todos os caracteres avaliados no ano de 2017 (Tabela 2, 3 e 4). Somente para PP, MSF, MSC e NE não houve diferença entre genótipos. Com exceção do comprimento dos entrenós (CE1, CE2, CE3 e CE4), os demais caracteres de colmo avaliados mostraram-se dependentes da densidade de semeadura. A diferença existente entre os genótipos indica a presença de variabilidade genética para os caracteres de colmo mensurados e que estes podem ser modificados pela influência do ambiente ocasionado pelas densidades de semeadura.

Houve interação entre genótipo x densidade de semeadura somente para o caráter CE4. O teste *t* para comparação das médias desse caráter, levando em consideração a interação significativa, encontra-se no Quadro 1 nos apêndices. As variáveis PP, NA, MSF e MSC não foram significativas para nenhuma causa de variação avaliada na ANOVA (bloco, genótipos, densidade de semeadura, genótipo x densidade de semeadura).

No ano de 2018, nos cinco genótipos avaliados, houve diferença significativa entre genótipos somente para NE, CC, DC1 e EC1 (Tabela 5). Para densidade de semeadura, houve diferença significativa somente para DC1 e EC1. Já a época de semeadura afetou significativamente somente as variáveis CC, CE2 e EC1.

A interação tripla (genótipo x época de semeadura x densidade de semeadura) foi significativa somente para o caráter NE. Enquanto a interação dupla entre genótipo e época de semeadura foi significativa somente para os caracteres EC1 e EC2. As comparações de médias para os caracteres em que foi detectada interação significativa foi realizada através do Teste *t* de Student, sendo apresentadas nos apêndices (Quadros 2, 3 e 4).

TABELA 2. Resumo da análise de variância para os caracteres comprimento de panícula (CP), peso de panícula (PP), peso de mil grãos (PMG), peso hectolitro (PH), matéria seca na floração (MSF), matéria seca na colheita (MSC), número de entrenós (NE) em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

FV	GL	Quadrado médio						
		CP	PP	PMG	PH	MSF	MSC	NE
Bloco	2	12,02 **	0,046 ns	3,13 ns	1,17 ns	973157 ns	1898437 ns	0,32 ns
Genótipo	9	17,66 **	0,55 ns	33,16 **	59,63 **	3910355 ns	2470118 ns	0,47 ns
Densidade	2	0,45 ns	0,88 ns	9,69 ns	0,97 ns	3296330 ns	8555595 **	1,06 **
Genótipo*Densidade	18	1,22 ns	5,91 ns	3,88 ns	0,97 ns	1751463 ns	1581256 ns	0,20 ns
Resíduo	56	1,69	0,46	43,93	1,96	2283364,84	3338173,86	0,09
CV(%)		5,97	24,80	5,80	2,59	22,02	22,47	4,27

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade.

TABELA 3. Resumo da análise de variância para os caracteres), número de afilhos (NA), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3) e quarto entrenó basal expandido (CE4), diâmetro do primeiro entrenó basal expandido (DC1), em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

FV	GL	Quadrado médio						
		NA	CC	CE1	CE2	CE3	CE4	DC1
Bloco	2	0,37 ns	4,21 ns	226,91 ns	7,87 ns	0,04 ns	50,86 ns	0,013 ns
Genótipo	9	0,31 ns	550,38 **	2872,12 **	2241,39 **	912,29 **	1023,81 **	0,733 **
Densidade	2	1,37 ns	87,32 **	272,77 ns	66,76 ns	281,77 ns	14,40 ns	1,66 **
Genótipo*Densidade	18	0,32 ns	13,93 ns	199,69 ns	135,74 ns	121,70 ns	280,41**	0,12 ns
Resíduo	56	0,54	7,93	180,26	1202,14	51,66	72,76	1,28
CV(%)		25,65	3,38	20,64	8,59	4,57	5,10	7,93

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade.

TABELA 4. Resumo da análise de variância para os caracteres diâmetro do segundo (DC2), terceiro (DC3) e quarto (DC4) entrenós basais expandidos, espessura do colmo primeiro (EC1), segundo (EC2), terceiro (EC3) e quarto (EC4) entrenós basais expandidos, em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

FV	GL	Quadrado médio						
		DC2	DC3	DC4	EC1	EC2	EC3	EC4
Bloco	2	0,051 ^{ns}	0,0005 ^{ns}	0,028 ^{ns}	0,0018 ^{ns}	0,00089 ^{ns}	0,006 ^{ns}	0,001 ^{ns}
Genótipo	9	0,82 ^{**}	0,88 ^{**}	0,76 ^{**}	0,15 ^{**}	0,084 ^{**}	0,04 ^{**}	0,02 ^{**}
Densidade	2	1,16 ^{**}	0,85 ^{**}	0,47 [*]	0,10 [*]	0,023 [*]	0,01 ^{**}	0,01 ^{**}
Genótipo*Densidade	18	0,15 ^{ns}	0,098 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,006 ^{ns}	0,003 ^{ns}	0,001 ^{ns}
Resíduo	56	0,11	0,099	0,09	0,008	0,0054	0,004	0,003
CV(%)		6,67	6,32	6,56	11,53	12,20	13,18	12,44

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade.

TABELA 5. Resumo da análise de variância para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenós basais expandidos, diâmetro do primeiro (DC1) e segundo (DC2) entrenós basais expandidos, espessura do colmo do primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenós basais expandidos, em cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura e duas épocas de semeadura, no ano de 2018.

FV	GL	Quadrado médio							
		NE	CC	CE1	CE2	DC1	DC2	EC1	EC2
Bloco	3	0,001 ^{ns}	14,32 ^{ns}	97,14 ^{ns}	79,94 ^{ns}	0,059 ^{ns}	0,124 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,005 ^{ns}
Genótipo	4	3,82 ^{**}	2121,20 ^{**}	854,89 ^{ns}	1520,06 ^{ns}	5,03 ^{**}	8,93 ^{ns}	0,85 [*]	0,30 ^{ns}
Densidade	2	0,315 ^{ns}	381,65 ^{ns}	700,63 ^{ns}	276,94 ^{ns}	2,05 ^{**}	2,59 ^{ns}	0,26 [*]	0,095 ^{ns}
Época	1	0,776 ^{ns}	969,29 [*]	1954,66 ^{ns}	15493,26 [*]	4,82 ^{ns}	3,59 ^{ns}	0,79 [*]	0,41 ^{ns}
Genótipo*Densidade	8	0,16 ^{ns}	25,27 ^{ns}	244,54 ^{ns}	368,56 ^{ns}	0,086 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,006 ^{ns}	0,007 ^{ns}
Densidade*Época	2	0,03 ^{ns}	14,38 ^{ns}	177,32 ^{ns}	278,09 ^{ns}	0,00074 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,025 [*]	0,02 ^{ns}
Genótipo*Época	4	0,08 ^{ns}	59,31 ^{ns}	136,51 ^{ns}	209,09 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,093 ^{**}	0,05 [*]
Genótipo*Densidade*Época	8	0,07 ^{**}	22,63 ^{ns}	49,59 ^{ns}	167,45 ^{ns}	0,095 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,05 ^{ns}	0,011 ^{ns}
Resíduo		0,02	14,60	91,97	132,66	0,005	0,06	0,0042	0,08
CV(%)		3,05	5,08	18,93	10,36	5,33	4,99	18,50	11,02

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade.

4.1.2 Comparação de médias

Visando compreender o comportamento dos genótipos quanto ao caracteres morfológicos, tanto dentro como entre densidades de semeadura, foram realizadas as comparação de médias para os caracteres em que houve interação significativa, tanto para o ano de 2017 como 2018, apresentadas nas Tabelas 6, 7, 8 e 9 a seguir.

Em relação as diferentes densidades empregadas, dentro de cada genótipo, não houve diferença estatística para os caracteres PMG, MSC, MSF e CP. Para PH houve pequenas diferenças para os genótipos URS Taura, URS Tarimba e URS Altiva (Tabela 6). A densidade de 450 sementes por m⁻² foi a única que não apresentou diferenças entre os genótipos avaliados para PP. Houve diferença entre genótipos para as densidades de semeadura, para todos os caracteres avaliados, exceto para MSC, PMG (Tabela 6).

Para os caracteres CC, CE1, CE2, CE3 e CE4 (Tabela 7) apenas pequenas diferenças foram encontradas entre os distintos números de sementes m⁻², dentro de cada genótipo. Comparando os genótipos, dentro de cada densidade, observa-se que os menores valores de CE1, CE2, CE3 e CE4 foram encontrados nos genótipos UFRGS 137127-6, UFRGS 146155-1, URS Taura e URS Tarimba, independente da densidade empregada. Estes genótipos também apresentaram, conseqüentemente, os menores valores de CC. Os maiores valores de CC foram encontrados nos genótipos UFRGS 127013-1, URS Charrua, URS 21 e URS Altiva. O comprimento total do colmo variou de 64 a 98 cm, em média, entre genótipos, nas diferentes densidades (Tabela 7).

Em relação à espessura do colmo, espera-se que o maior grau de preenchimento do colmo seja mais adequado para maior suporte às forças impostas à base do colmo, resultando em maior resistência ao acamamento. EC1 variou entre os genótipos e densidades de 0,5 a 1,3 mm. Os genótipos que apresentaram maior espessura do colmo no primeiro entrenó foram URS Taura, UFRGS 146155-1 e UFRGS 137127-6 (Tabela 6). O mesmo ocorre para EC2, EC3 e EC4, embora nestes entrenós URS Taura nem sempre tenha diferido estatisticamente de outros genótipos avaliados. Em se tratando das diferentes densidades para a espessura do colmo, dentro de um mesmo genótipo, apenas pequenas diferenças foram encontradas, principalmente com o emprego de 450

sementes m^{-2} . O NE expandidos, variou entre os genótipos de 6 a 8. Houve diferença entre genótipos dentro de cada densidade empregada, sendo que UFRGS 137127-6, URS Taura e UFRGS 146155-1 apresentaram o menor número de entrenós expandidos dos genótipos avaliados, independente da densidade empregada. Na densidade de 450 sementes aptas m^{-2} , nenhum genótipo diferiu entre si para NE (Tabela 8).

Pouca diferença foi encontrada no diâmetro dos quatro entrenós basais expandidos e número de afilhos entre densidades, dentro de cada genótipo (Tabela 7). Em relação ao diâmetro do colmo, DC1 variou de 3,7 a 5,9 mm, enquanto DC2 de 4,6 a 6,1 mm. DC3 e DC4 situaram-se em uma faixa de diâmetro similar à DC2. NA variou bastante entre genótipos para uma mesma densidade, apresentando coeficiente de variação elevado (Tabela 3). Quando as plantas estavam amplamente espaçadas, na densidade de 150 sementes aptas m^{-2} , URS Charrua e URS Corona apresentaram os maiores valores para DC1. Para a densidade de 300 sementes aptas m^{-2} , URS 21 e 450 sementes aptas m^{-2} , UFRGS 127013-1 também não diferiram de URS Charrua e URS Corona obtendo os maiores valores para DC1. Já para DC2, URS Taura não diferiu de URS Corona e URS Charrua, nas três densidades de semeadura. URS 21 diferiu dos demais genótipos somente para a densidade de 150 sementes aptas m^{-2} . Um maior diâmetro para DC3 e DC4 também foi encontrado para os mesmos genótipos. Cabe ressaltar ainda que URS Taura, independente da densidade empregada manteve o número de afilhos constante.

Estes resultados podem ser melhores observados através das Figuras 2, 3, 4, e 5.

TABELA 6. Comparação de médias para os caracteres peso de mil grãos (PMG), peso de panícula (PP), peso hectolitro (PH), matéria seca na colheita (MSC), matéria seca na floração (MSF) e comprimento de panícula (CP) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

Dens	Genótipos	PMG		PP		PH		MSC		MSF		CP	
150	UFRGS 127013-1	31,83	D a	2,70	A a	51,63	F a	8873,00	A a	6410,00	AB a	19,90	C b
	UFRGS 137127-6	31,17	D a	2,22	A b	58,33	A a	7827,00	A a	4770,00	B a	20,63	BC a
	URS 21	31,30	D a	2,83	A a	53,43	DE a	8790,00	A a	6440,00	AB a	22,33	B a
	URS Tarimba	35,20	BC a	2,53	A a	54,70	CD a	9603,00	A a	7303,00	AB a	21,93	BC a
	URS Charrua	39,27	A a	2,35	A a	51,97	EF a	10057,00	A a	7677,00	A a	26,16	A a
	URS Corona	32,10	D a	2,71	A a	47,20	G a	7310,00	A a	6413,00	AB a	22,77	B a
	URS Brava	33,80	CD a	2,48	A a	57,10	AB a	7897,00	A a	6537,00	AB a	21,77	BC a
	URS Altiva	37,73	AB a	2,69	A a	57,47	A b	8107,00	A a	8943,00	A a	19,87	C a
	UFRGS 146155-1	38,27	A a	2,35	A b	55,67	BC a	8613,00	A a	6723,00	AB a	17,61	D a
	URS Taura	34,20	CD a	2,46	A a	55,55	BC a	8710,00	A a	6820,00	AB a	20,58	BC a
300	UFRGS 127013-1	31,83	C a	2,73	ABC a	52,13	D a	8367,00	AB a	6320,00	AB a	21,10	BC b
	UFRGS 137127-6	32,10	C a	2,97	AB b	58,97	A a	8773,00	AB a	6057,00	B a	21,10	BC a
	URS 21	32,90	BC a	2,44	BC a	54,40	CD a	10630,00	A a	7790,00	AB a	21,83	BC a
	URS Tarimba	33,73	ABC a	3,49	A a	54,73	BC a	6815,00	B a	7537,00	AB a	21,77	BC a
	URS Charrua	31,93	C a	2,73	ABC a	52,30	D a	9043,00	AB a	6973,00	AB ab	24,07	A a
	URS Corona	35,07	ABC a	2,97	AB a	46,33	E a	7623,00	AB a	6213,00	AB a	23,10	AB a
	URS Brava	33,33	ABC a	2,39	BC a	57,17	AB a	8657,00	AB a	7237,00	AB a	22,17	BC a
	URS Altiva	38,73	A a	2,55	ABC a	58,93	A a	8703,00	AB a	8703,00	AB a	20,33	C a
	UFRGS 146155-1	38,33	AB a	1,93	C b	55,40	BC a	9180,00	AB a	6887,00	AB a	18,07	D a
	URS Taura	32,80	BC a	2,16	BC a	54,87	BC ab	7503,00	AB a	7373,00	AB a	20,93	C a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

Continuação TABELA 6. Comparação de médias para os caracteres peso de mil grãos (PMG), peso de panícula (PP), peso hectolitro (PH), matéria seca na colheita (MSC), matéria seca na floração (MSF) e comprimento de panícula (CP) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

450	UFRGS 127013-1	31,40	BC	a	3,19	ABC	a	51,27	D	a	7823,00	A	a	6130,00	CD	a	23,20	BC	a	
	UFRGS 137127-6	30,77	C	a	4,07	A	a	57,37	A	a	8953,00	A	a	6226,70	BCD	b	21,49	CD	a	
	URS 21	30,87	C	a	2,77	BC	a	51,80	D	a	8493,00	A	a	7443,30	ABC	a	23,40	BC	a	
	URS Tarimba	34,40	AB	a	2,73	BC	a	52,50	CD	b	6543,00	A	a	7346,70	ABC	a	21,55	CD		
	URS Charrua	37,27	A	a	3,26	ABC	a	51,27	D	a	7897,00	A	a	5686,70	D	a	26,33	A	a	
	URS Corona	32,37	BC	a	3,04	ABC	a	47,50	E	a	6930,00	A	a	5773,30	D	a	23,70	B	a	
	URS Brava	33,50	BC	a	2,19	C	a	57,03	A	a	8230,00	A	a	5513,30	D	a	21,28	CD	a	
	URS Altiva	33,87	BC	a	2,77	BC	a	58,63	A	a	7160,00	A	a	7693,30	A	a	21,43	CD	a	
	UFRGS 146155-1	37,40	A	a	3,38	AB	a	54,47	B	a	8140,00	A	a	5906,70	D	a	17,77	E	a	
	URS Taura	34,70	AB	a	3,45	AB	a	54,07	BC	b	8143,00	A	a	7620,00	AB	a	20,50	D	a	

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

TABELA 7. Comparação de médias para os caracteres Comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3), quarto (CE4) entrenó basal e comprimento total do colmo (CC), em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

Dens	Genótipo	CE1		CE2		CE3		CE4		CC								
150	UFRGS 127013-1	84,85	BC	a	142,75	AB	a	169,25	A	a	217,53	A	a	98,07	A	a		
	UFRGS 137127-6	38,88		EF	a	93,60	C	a	142,77	BC	a	160,61	CD	a	64,20	E	a	
	URS 21	98,76	AB		a	137,03	B	a	152,37	B	a	186,62	B	a	91,50	B	a	
	URS Tarimba	27,45		F	b	84,67	C	b	125,71	D	b	147,38	DE	a	73,94	D	b	
	URS Charrua	111,34	A		a	162,01	A	a	180,58	A	a	188,33	B	a	95,58	A	a	
	URS Corona	94,82	ABC		a	127,86	B	a	137,63	CD	a	153,72	CDE	a	74,83	D	b	
	URS Brava	59,62	DE		b	141,45	AB	b	171,35	A	a	182,31	B	a	87,94	BC	a	
	URS Altiva	76,01	CD		a	143,46	AB	a	167,82	A	a	167,00	C	ab	87,17	C	b	
	UFRGS 146155-1	26,72		F	a	92,73	C	a	130,82	CD	a	141,29	E	a	71,33	D	a	
	URS Taura	25,8		F	a	94,42	C	a	133,19	CD	b	150,16	DE	a	66,07	E	a	
300	UFRGS 127013-1	79,887	ABC		a	134,59	CD	a	155,20	BC	b	196,20	A	b	96,17	A	a	
	UFRGS 137127-6	36,853		D	a	98,19		F	a	140,72	CD	a	157,96	CD	a	69,07	D	a
	URS 21	94,36	AB		a	141,67	BC	a	164,30	AB	a	180,60	B	a	92,22	A	a	
	URS Tarimba	34,167		D	b	91,24		F	b	132,75	D	b	147,65	D	a	78,37	C	a
	URS Charrua	99,24	A		a	167,53	A		a	172,47	A	b	171,67	BC	a	95,90	A	a
	URS Corona	91,543	AB		a	135,63	CD	a	149,69	BC	a	155,36	D	a	84,70	B	a	
	URS Brava	74,093	BC		ab	155,21	AB	b	172,62	A	a	185,28	AB	a	91,65	A	ab	
	URS Altiva	62,09	C		a	123,02	DE	ab	155,33	BC	a	161,98	CD	b	93,37	A	a	
	UFRGS 146155-1	38,79		D	a	109,40		EF	a	150,66	BC	a	160,15	CD	a	75,30	C	a
	URS Taura	23,433		D	a	98,01		F	a	138,35	CD	b	154,03	D	a	68,27	D	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

Continuação TABELA 7. Comparação de médias para os caracteres Comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3), quarto (CE4) entrenó basal e comprimento total do colmo (CC), em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

	UFRGS 127013-1	73,03	A	a	134,08	C	a	172,80	B	a	184,20	A	b	98,50	A	a	
	UFRGS 137127-6	41,997	CD	a	103,80		EF	a	141,35	D	a	164,18	B	a	67,11	D	a
	URS 21	81,973	A	a	136,46	BC	a	153,98	C	a	164,92	B	a	94,10	A	a	
	URS Tarimba	50,113	BC	a	112,40		E	a	150,86	CD	a	163,22	B	a	78,80	C	a
	URS Charrua	72,093	A	a	160,32	A	a	175,07	AB	b	164,00	B	a	96,03	A	a	
	URS Corona	70,053	AB	b	147,80	ABC	a	154,23	C	a	146,78	C	b	86,10	B	a	
450	URS Brava	62,957	AB	ab	152,14	AB	a	183,67	A	a	185,37	A	a	94,47	A	b	
	URS Altiva	73,267	A	a	131,66	CD	ab	169,85	B	a	168,87	B	a	88,13	B	b	
	UFRGS 146155-1	27,523	D	a	92,88		F	a	148,38	CD	a	159,71	BC	a	76,43	C	a
	URS Taura	31,847	CD	a	116,30		DE	a	153,19	C	a	157,34	BC	a	69,47	D	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

TABELA 8. Comparação de médias para os caracteres Espessura do colmo do primeiro (EC1), segundo (EC2), terceiro (EC3), quarto (EC4) entrenós basais e número de entrenós (NE) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

Dens	Genótipos	EC1		EC2		EC3		EC4		NE	
150	UFRGS 127013-1	0,697	F a	0,577	CD a	0,447	DE a	0,377	E a	7,667	A a
	UFRGS 137127-6	1,227	AB a	0,957	A a	0,737	A a	0,603	A a	6,000	C a
	URS 21	0,547	G a	0,443	D a	0,417	E a	0,383	DE a	7,000	AB b
	URS Tarimba	0,920	C a	0,610	BC a	0,507	CDE a	0,447	CDE a	6,667	B a
	URS Charrua	0,870	CDE a	0,697	BC a	0,597	BC a	0,480	BCD a	7,000	AB B
	URS Corona	0,737	EF a	0,557	CD a	0,547	BCD a	0,537	ABC a	7,000	AB A
	URS Brava	0,777	DEF a	0,567	CD a	0,417	E a	0,383	DE a	7,000	AB a
	URS Altiva	0,887	CD a	0,657	BC a	0,523	CDE a	0,497	BC a	6,667	B a
	UFRGS 146155-1	1,340	A a	0,920	A a	0,660	AB a	0,600	A a	7,333	AB a
	URS Taura	1,130	B a	0,753	B a	0,610	BC a	0,573	AB a	7,000	AB a
300	UFRGS 127013-1	0,667	CDE a	0,463	E b	0,410	D a	0,353	DE a	7,667	A a
	UFRGS 137127-6	1,087	A ab	0,860	A ab	0,700	A a	0,573	A a	6,667	B a
	URS 21	0,577	E a	0,470	E a	0,427	D a	0,370	DE a	7,333	AB ab
	URS Tarimba	0,793	C ab	0,587	C a	0,443	D ab	0,377	DE a	7,000	AB a
	URS Charrua	0,683	CDE a	0,570	CD a	0,483	CD b	0,447	BCD a	7,333	AB b
	URS Corona	0,723	CD a	0,490	DE a	0,463	D ab	0,440	BCD ab	7,000	AB a
	URS Brava	0,597	DE b	0,463	E b	0,393	D ab	0,333	E a	7,000	AB a
	URS Altiva	0,737	C b	0,597	C a	0,467	D a	0,420	CDE a	6,667	B a
	UFRGS 146155-1	0,923	B b	0,747	B a	0,573	BC a	0,523	AB ab	7,000	AB a
	URS Taura	1,007	AB ab	0,750	B a	0,607	B a	0,513	ABC a	7,000	AB a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

Continuação TABELA 8. Comparação de médias para os caracteres Espessura do colmo do primeiro (EC1), segundo (EC2), terceiro (EC3), quarto (EC4) entrenós basais e número de entrenós (NE) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

	UFRGS 127013-1	0,670	BC	a	0,430	C	b	0,430	CDE	a	0,350	BC	a	8,000	A	a
	UFRGS 137127-6	1,030	A	b	0,837	A	b	0,697	A	a	0,540	A	a	6,000	D	a
	URS 21	0,567	C	a	0,470	BC	a	0,410	DE	a	0,353	BC	a	8,000	A	a
450	URS Tarimba	0,630	BC	b	0,500	BC	a	0,383	DE	b	0,417	BC	a	7,333	BC	a
	URS Charrua	0,663	BC	a	0,567	BC	a	0,457	CD	b	0,447	AB	a	8,000	A	a
	URS Corona	0,687	BC	a	0,453	BC	a	0,383	DE	b	0,410	BC	b	7,000	C	a
	URS Brava	0,643	BC	b	0,433	C	b	0,343	E	b	0,323	C	a	7,667	AB	a
	URS Altiva	0,727	BC	b	0,540	BC	a	0,420	DE	a	0,407	BC	a	7,000	C	a
	UFRGS 146155-1	0,980	A	b	0,770	A	a	0,583	B	a	0,463	AB	b	7,000	C	a
	URS Taura	0,830	AB	b	0,603	B	a	0,520	BC	a	0,443	AB	a	7,000	C	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

TABELA 9. Comparação de médias para os caracteres diâmetro do primeiro (DC1), segundo (DC2), terceiro (DC3), quarto (DC4) entrenó basal e número de afilhos (NA) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

Dens	Genótipos	DC1			DC2			DC3			DC4			NA		
150	UFRGS 127013-1	4,4967	BC	a	4,5433	E	a	4,4	F	a	4,0433	E	a	3,3333	ABC	a
	UFRGS 137127-6	4,1567	C	a	5,0533	CDE	a	5,31	BCDE	a	4,8533	BCD	a	2,8333	C	a
	URS 21	4,8433	B	a	5,0733	CDE	a	4,7533	EF	a	4,5033	CDE	a	3,2667	ABC	a
	URS Tarimba	4,32	BC	a	5,1433	CD	a	5,1333	DE	a	5,11	BC	a	3,0333	BC	a
	URS Charrua	5,7933	A	a	6,16	A	a	5,87	AB	a	5,8567	A	a	3,5	ABC	a
	URS Corona	5,9833	A	a	5,89	AB	a	5,75	ABC	a	5,37	AB	a	3,3333	ABC	a
	URS Brava	4,3467	BC	a	4,75	DE	a	4,3	F	a	4,2933	DE	a	2,3333	C	b
	URS Altiva	4,8633	B	a	5,3633	BC	a	5,2233	CDE	a	5,0933	BC	a	4,1667	AB	a
	UFRGS 146155-1	4,6933	BC	a	5,4033	BC	a	5,6967	ABDC	a	5,4067	AB	a	4,3333	A	a
	URS Taura	4,7967	B	a	6,23	A	a	6,0567	A	a	5,4133	AB	a	3,1333	ABC	a
300	UFRGS 127013-1	3,99	B	b	4,27	E	a	4,13	D	a	3,8633	E	a	2,6667	BD	a
	UFRGS 137127-6	3,8967	B	a	4,67	DE	a	4,9	BC	ab	4,5333	D	a	2,7667	BCD	a
	URS21	4,9367	A	a	5,2167	ABC	a	5,08	AB	a	4,7467	BCD	a	4,1333	A	a
	URS Tarimba	4,1467	B	ab	4,9367	CD	ab	5,1133	AB	a	4,8733	BCD	ab	2,2	BCD	a
	URS Charrua	5,0667	A	b	5,59	A	ab	5,21	AB	a	5,08	AB	b	2,8	BCD	ab
	URS Corona	5,1867	A	b	5,3533	ABC	ab	5,0667	AB	b	4,8933	BC	a	3,5	AB	a
	URS Brava	4,0567	B	a	4,3333	E	ab	4,1267	D	a	4,0633	E	a	2,1333	CD	b
	URS Altiva	3,9	B	b	4,4767	E	b	4,6633	C	ab	4,56	CD	ab	2,8333	BCD	a
	UFRGS 146155-1	4,3133	B	ab	5,08	BCD	ab	5,14	AB	ab	4,7567	BCD	a	1,9667	D	b
	URS Taura	4,0833	B	a	5,44	AB	ab	5,4567	A	ab	5,2533	A	ab	3,3	BAC	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

Continuação TABELA 9. Comparação de médias para os caracteres diâmetro do primeiro (DC1), segundo (DC2), terceiro (DC3), quarto (DC4) entrenó basal e número de afilhos (NA) em dez genótipos de aveia, sob três densidade de semeadura, no ano de 2017.

	UFRGS127013-1	4,29	AB	a	4,45	CD	a	4,1	C	a	3,92	B	a	3,4667	AB	a
	UFRGS137127-6	3,7667	C	a	4,5233	BCD	a	4,84	AB	b	4,5133	A	a	2,1667	B	b
	URS21	4,55	A	a	4,8933	ABC	a	4,7733	B	a	4,66	A	a	2,1333	B	a
	URS Tarimba	4,0667	BC	b	4,7267	BCD	b	5,0333	AB	a	4,62	A	b	3,3333	AB	b
4450	URS Charrua	4,65	A	b	5,3533	A	b	5,2633	A	a	4,8467	A	b	2,2	B	b
	URS Corona	4,6867	A	c	5,1033	AB	b	4,9533	AB	b	4,85	A	a	2,4667	B	a
	URS Brava	4,0567	BC	a	4,5233	BCD	b	4,25	C	a	3,89	B	a	4,2333	A	a
	URS Altiva	3,8467	BC	b	4,2633	D	b	4,2867	C	b	4,3167	AB	b	2,4333	B	a
	UFRGS 146155-1	3,7167	C	b	4,6733	BCD	b	4,9	AB	b	4,8033	A	a	2,6	B	b
	URS Taura	3,9267	BC	a	4,8733	ABCD	b	5,0867	AB	b	4,75	A	b	3,2	AB	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo.

Em todas as densidades empregadas, o menor CC foi para a linhagem UFRGS 137127-6 e o maior para a linhagem UFRGS 127013-1 (Figura 2), ambas suscetíveis ao acamamento de plantas. Ainda, URS Taura e UFRGS 146155-1 apresentaram CC reduzido e são resistentes ao acamamento, enquanto que URS Tarimba também apresentou baixa estatura sendo considerada moderadamente suscetível ao acamamento.

Já em relação ao comprimento dos entrenós avaliados, independente da densidade de semeadura, para CE1 os menores valores foram para os genótipos URS Taura, UFRGS 146155-1, UFRGS 137127-6 e URS Tarimba, independente da densidade de semeadura (Figura 3). Estes mesmos genótipos possuem os menores valores para CC (Figura 2). Além de possuírem os menores valores para CE1, estes genótipos, com exceção de URS Tarimba, possuem também os maiores valores para EC1, também independente da densidade empregada (Figura 4). O primeiro entrenó basal é o que possui o colmo mais espesso, diminuindo gradativamente em direção à inserção da panícula.

Os menores DC foram encontrados para o primeiro entrenó basal expandido. Os maiores valores foram atribuídos para os genótipos URS Charrua, URS Corona, URS Taura e UFRGS 146155-1 (Figura 5). O maior diâmetro do colmo não é acompanhado de uma maior espessura do colmo, o que resulta em colmos com menor grau de preenchimento. Os maiores diâmetros de colmo foram registrados para os genótipos URS Charrua, URS Corona e URS 21, independente do entrenó e densidade de semeadura, sendo que estes genótipos não possuem os maiores valores para EC. Os genótipos que possuem maior relação entre diâmetro do colmo e espessura da parede são UFRGS 146155-1, UFRGS 137127-6, URS Taura e URS Altiva, independente do entrenó e densidade de semeadura (Figura 5).

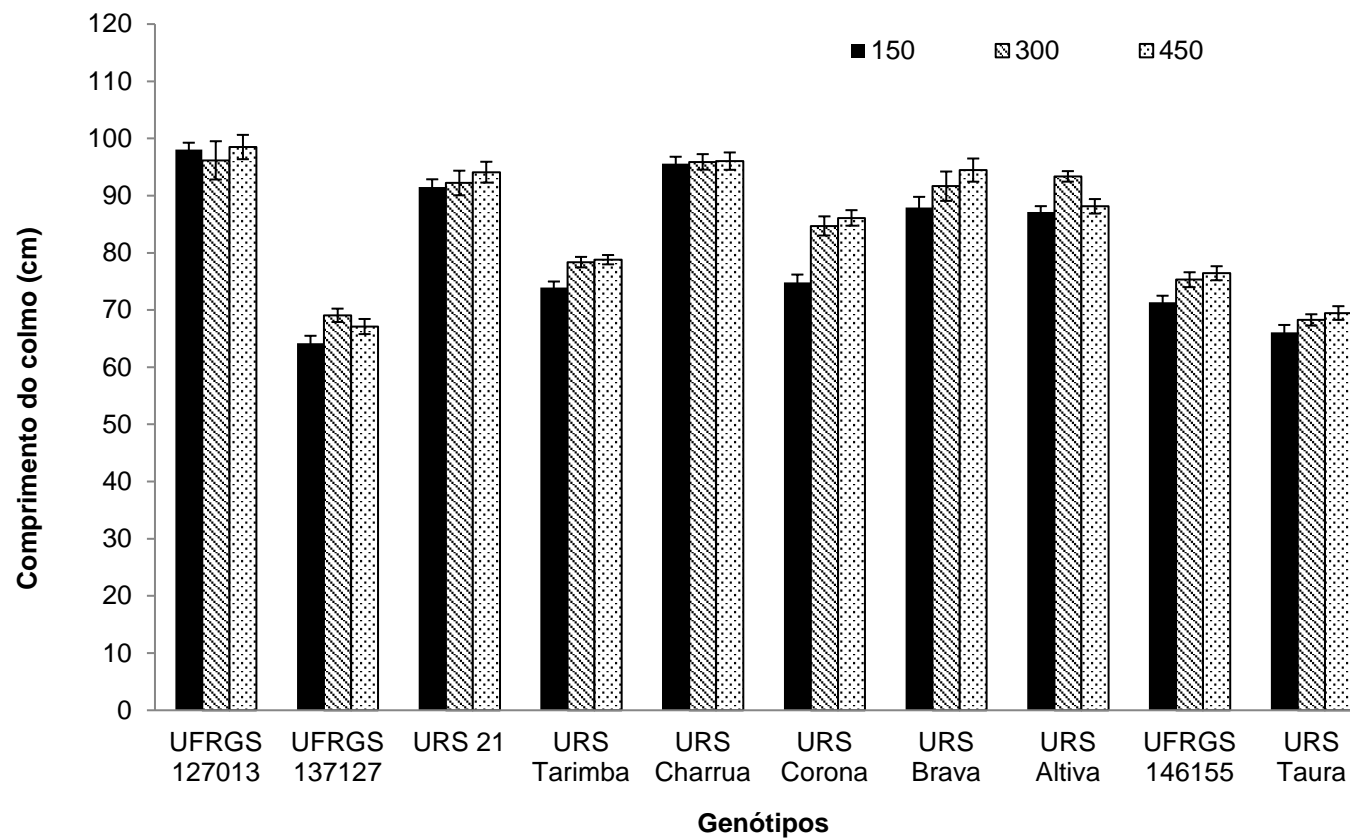


FIGURA 2. Comprimento do colmo de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150, 300 e 450 sementes m^{-2} , no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. $n = 15$.

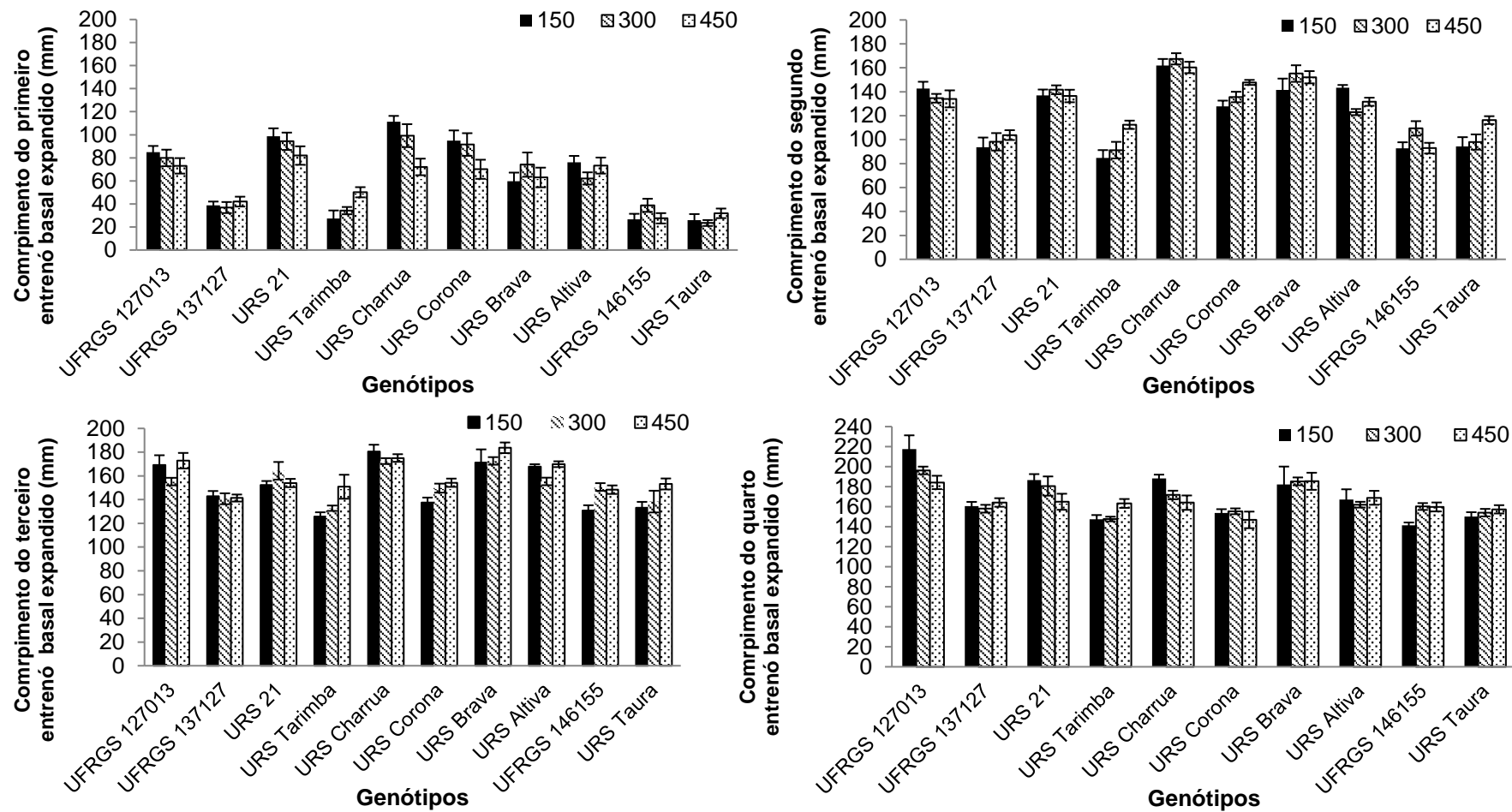


FIGURA 3. Comprimento do primeiro (CE1), segundo (CE2), terceiro (CE3) e quarto (CE4) entrenós basais expandidos de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150 sementes m^{-2} , 300 sementes m^{-2} e 450 sementes m^{-2} , no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. $n = 15$.

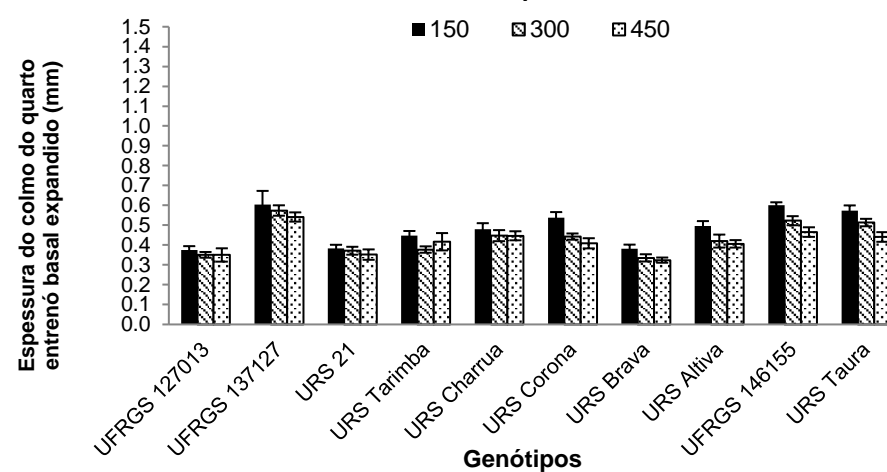
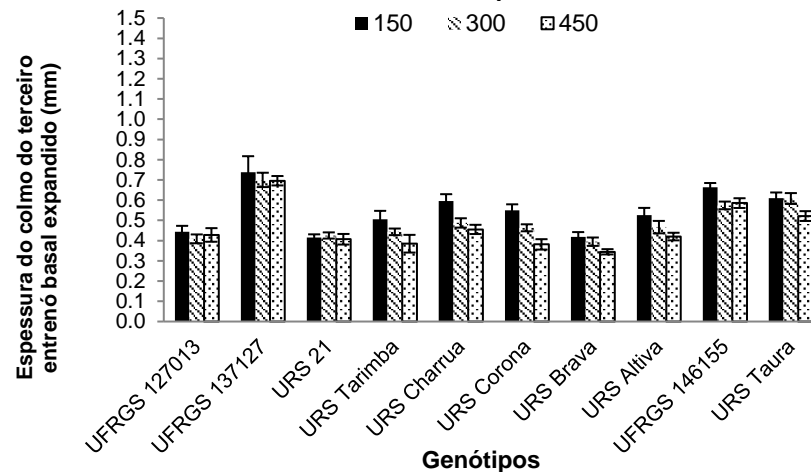
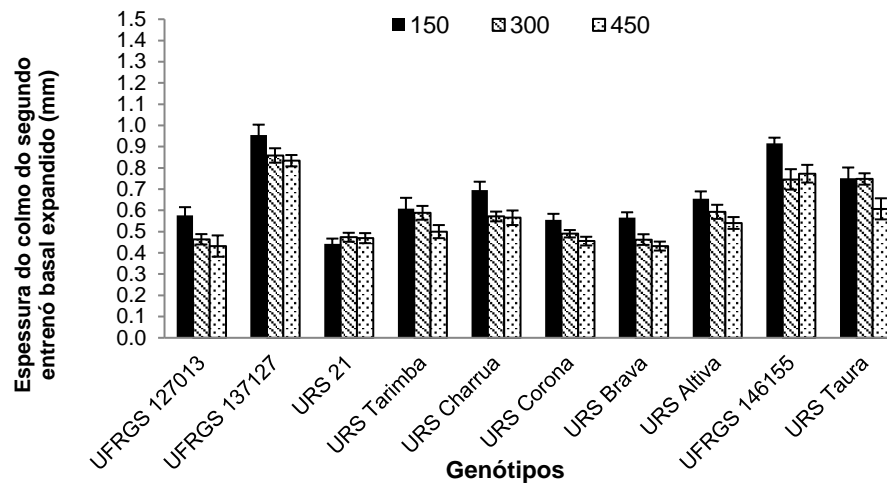
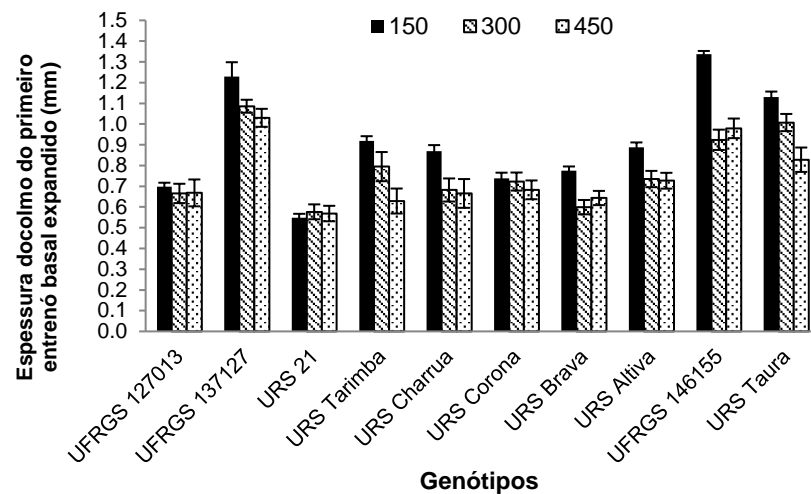


FIGURA 4. Espessura do colmo no primeiro (EP1), segundo (EP2), terceiro (EP3) e quarto (EP4) entrenó de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: A) 150 sementes m⁻²; B) 300 sementes m⁻². C) 450 sementes m⁻², no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. *n*=15.

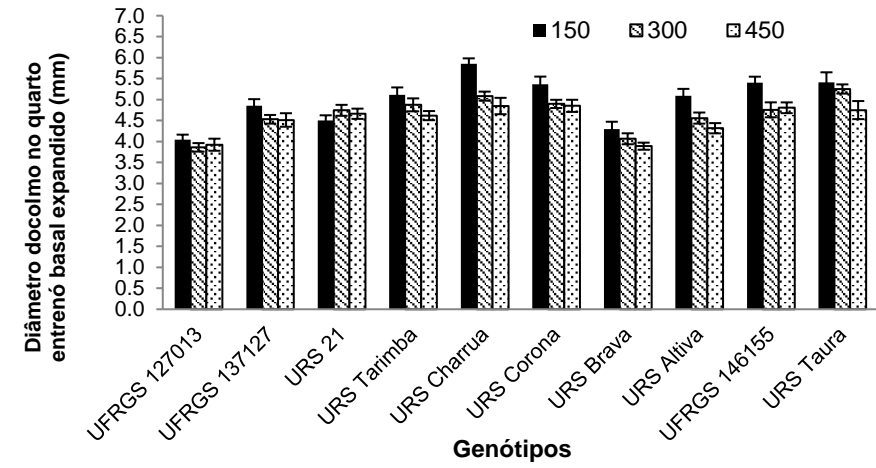
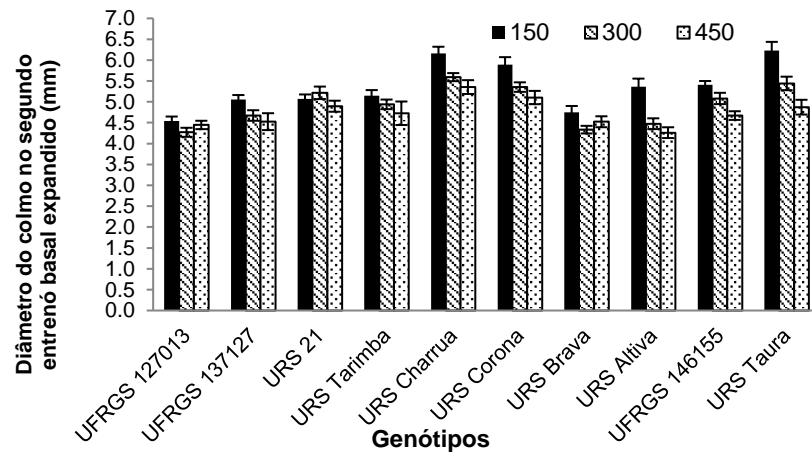
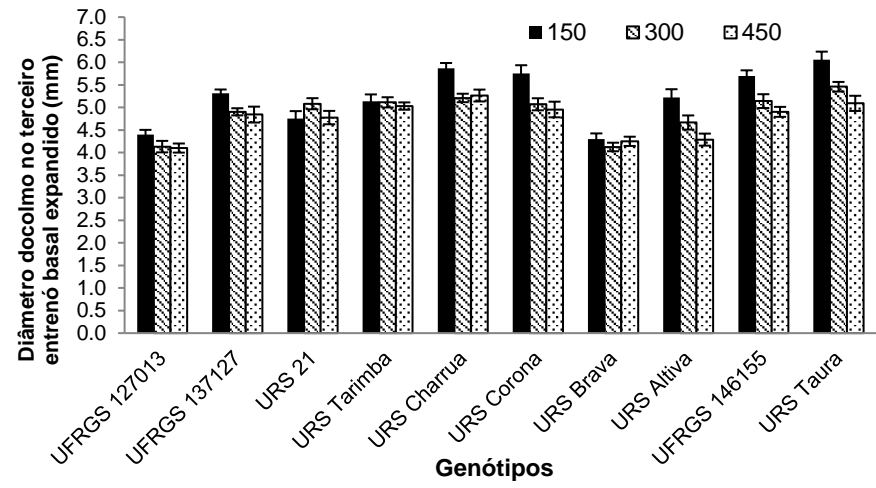
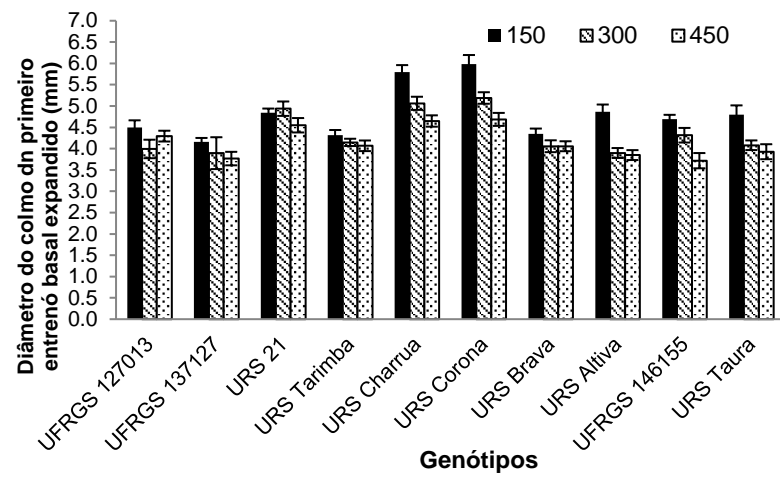


FIGURA 5. Diâmetro do primeiro (DC1), segundo (DC2), terceiro (DC3) e quarto (DC4) entrenó expandido de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: A) 150 sementes m⁻¹; B) 300 sementes m⁻¹. C) 450 sementes m⁻¹, no ano de 2017. Barras indicam erro padrão da média. n=15.

No ano de 2018, em relação ao teste de comparação de médias para NE e CC (Tabela 10), URS Altiva apresentou os maiores valores, com média de 6 entrenós expandidos e uma estatura média de planta de 88,27 cm.

O primeiro entrenó basal expandido, em relação aos demais, apresentou o menor comprimento. Para CE1 os valores encontrados foram de 35,71 a 69,76 mm. Já para CE2 esses valores situaram-se de 82,57 a 134,34 mm. Em relação às diferenças entre genótipos para CE1, dentro da mesma época e densidade de semeadura, as maiores diferenças foram encontradas dentro da segunda época de semeadura e na densidade de 450 sementes aptas m^{-2} (Tabela 10).

No ano de 2018, os maiores valores para DC1 ocorreram para URS Taura e UFRGS 146155-1 tanto para primeira quanto para a segunda época de semeadura, independente da densidade. Já os menores valores encontrados foram para UFRGS 127013-1. O mesmo ocorreu em relação ao DC2. O diâmetro do primeiro entrenó basal expandido normalmente é menor que o segundo. Valores de DC1 situaram-se entre 3,58 a 5,40 mm em média. Já DC2 variou de 3,60 a 6,12 mm (Tabela 10).

Quanto a EC1, para a primeira época de semeadura, na densidade de 450 sementes m^{-2} , não houve diferença entre os genótipos avaliados (Tabela 10). Para a segunda época de semeadura, o único genótipo que não diferiu entre si, para as densidades empregadas, foi UFRGS 127013-1, porém com os menores valores encontrados (Tabela 10). Os valores de EC1 variaram de 0,60 a 1,51 mm entre genótipos para ambas densidades e épocas de semeadura, indicando variabilidade para o caráter.

Para EC2, como esperados os valores encontrados foram menores, situando-se entre 0,57 e 1,09 mm (Tabela 10). A EC2 é menor que EC1. Os genótipos URS Taura e UFRGS 146155-1 foram os que apresentaram os maiores valores. URS Altiva na primeira época não diferiu de URS Taura. Somente URS Altiva e URS 21 apresentaram diferenças entre as densidades de semeadura empregadas, sendo que quanto maior a densidade, menor a EC2. Nos genótipos em que houve diferença significativa entre épocas, a época 2 apresentou menores valores de EC2 comparados a primeira época de semeadura.

De maneira geral pouca diferença estatística foi encontrada entre épocas de semeadura e densidade para ambos os caracteres avaliados dentro de cada genótipo. As maiores diferenças encontradas foram entre genótipos (Tabela 10). Quando encontradas essas diferenças, a segunda época de semeadura e o aumento do número de plantas m^{-2} , em geral diminuíram os valores observados dos dos caracteres avaliados na Tabela 10.

De modo geral, o comprimento do colmo foi maior na primeira época de semeadura, relativo à segunda época, independente da densidade empregada, exceto para UFRGS 146155-1 nas densidades de 300 e 450 sementes aptas m^{-2} (Figura 6). O mesmo padrão, redução na segunda época de semeadura, também ocorreu para o comprimento do primeiro e segundo entrenós basais (Figura 7), assim como para o diâmetro do colmo, nestes mesmos entrenós (Figura 8). Porém, para CE1 na densidade de 450 sementes aptas m^{-2} , houve uma a menor redução na segunda época de semeadura, relativo à primeira época, quando comparado com as menores densidades de semeadura (Figura 7). A espessura do colmo também diminuiu na segunda época de semeadura, relativo à primeira, com exceção dos genótipos URS Taura e UFRGS 146155-1, os quais parecem ser mais estáveis em relação a esse caráter (Figura 9).

TABELA 10. Comparação de médias para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenó basal expandido, diâmetro do primeiro (DC1) e do segundo (DC2) entrenó basal expandido, espessura do colmo do primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenó basal expandido sob três densidades e duas épocas de semeadura no ano de 2018.

Gen	Épo	Dens	NE	CC	CE1	CE2	DC1	DC2	EC1	EC2								
UFRGS 127013-1	1	150	5,07	BC a a	78,10	B b a	56,99	A ab a	124,68	A a a	4,23	C a a	4,51	D a a	1,13	C a a	0,93	B a a
		300	5,10	B a a	77,20	B b a	44,06	B b a	123,92	A a a	3,79	C b a	4,13	C b a	1,06	B a a	0,81	B a a
		450	5,00	C a a	83,55	B a a	62,35	AB a a	139,61	A a a	3,87	C b a	4,19	C b a	1,05	A a a	0,81	BC a a
	2	150	5,00	B a a	72,65	B a a	39,68	AB b a	109,85	A ab a	3,96	C a b	4,54	D a a	0,81	B a b	0,60	D a b
		300	5,00	C a a	69,20	C b b	35,91	C b b	93,30	BC b b	3,58	C b a	4,18	C ab a	0,80	C a a	0,65	C a a
		450	5,00	C a a	72,00	C ab b	60,27	AB a a	127,45	A a a	3,62	D ab a	3,60	B b a	0,68	B a b	0,57	C a a
URS 21	1	150	5,40	B a a	76,40	B a a	48,24	A a a	109,69	A a a	4,42	C a a	4,96	C a a	1,13	BC a a	0,93	B a a
		300	5,74	A a a	84,70	A ab a	58,40	AB a a	122,78	A a a	4,36	B a a	4,83	B a a	1,03	B a a	0,81	B b a
		450	5,80	AB a a	88,15	B b a	50,32	AB a a	117,93	BC a a	3,96	C b a	4,44	C b a	1,00	A a a	0,71	C b a
	2	150	5,00	B c a	72,80	B b a	46,26	AB a a	113,41	A a a	4,19	BC a a	4,90	C a a	0,97	B a a	0,80	BC a b
		300	5,25	B b a	76,70	B ab b	51,21	AB a a	101,45	AB ab a	3,87	BC ab a	4,28	C b b	0,81	C b b	0,67	C b a
		450	5,90	B a a	79,15	B a b	50,76	BC a a	89,60	C b b	3,76	CD b b	4,33	A b a	0,76	B b a	0,71	BC b a
URS Ativa	1	150	6,00	A a a	88,53	A b a	58,24	A a a	126,82	A a a	4,81	B a a	5,42	B a a	1,24	BC a a	1,00	AB a a
		300	6,00	A a a	87,18	A b a	62,27	A a a	127,31	A a b	4,40	B b a	5,01	B b a	1,10	B b a	0,83	B b a
		450	6,00	A a a	94,60	A a a	66,46	A a a	134,34	AB a a	4,50	B b a	5,22	B ab a	1,13	AB ab a	0,89	AB ab a
	2	150	5,80	A a a	83,50	A a a	51,27	A a a	104,96	A a a	4,41	B a b	4,91	C a a	0,97	B a b	0,73	CD ab b
		300	5,90	A a a	87,70	A a a	54,81	A a a	107,85	A a a	4,23	AB ab a	4,71	B ab a	0,94	C a b	0,78	BC a a
		450	6,00	A a a	88,10	A a a	69,76	A a a	109,69	B a a	4,04	BC b b	4,63	A b b	0,76	B b b	0,64	C b b

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo. Letras em negrito indicam comparação de médias entre épocas, dentro de cada genótipo e densidade.

Continuação TABELA 10. Comparação de médias para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenó basal expandido, diâmetro do primeiro (DC1) e do segundo (DC2) entrenó basal expandido, espessura do colmo do primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenó basal expandido sob três densidades e duas épocas de semeadura no ano de 2018.

UFRGS 146155-1	1	150	5,00	C	a	a	66,25	C	a	a	50,80	A	a	a	120,60	A	a	a	5,40	A	a	a	5,89	A	a	a	1,51	A	a	a	1,07	A	a	a
		300	5,00	B	a	a	66,10	C	a	a	50,80	AB	a	a	120,64	A	a	a	5,20	A	ab	a	5,75	A	a	a	1,40	A	ab	a	1,09	A	a	a
		450	5,00	C	a	a	67,80	D	a	a	61,26	AB	a	a	126,14	AB	a	a	5,10	A	b	a	5,63	A	a	a	1,30	A	b	a	0,99	A	a	a
UFRGS 146155-1	2	150	4,95	B	a	a	59,96	C	b	a	35,85	B	a	a	98,49	AB	a	a	5,25	A	a	b	6,03	A	a	a	1,42	A	a	a	1,02	A	ab	a
		300	5,00	C	a	a	67,30	C	a	a	39,77	BC	a	a	84,64	C	a	b	4,58	A	b	a	5,43	A	b	a	1,39	A	a	a	1,04	A	a	b
		450	5,00	C	a	a	69,25	C	a	a	44,14	C	a	a	94,65	BC	a	b	4,46	A	b	b	4,96	A	c	b	1,18	A	b	a	0,91	A	b	a
URS Taura	1	150	5,18	BC	a	a	67,67	B	b	a	49,57	A	a	a	113,14	A	a	a	5,36	A	a	a	6,12	A	a	a	1,29	B	a	a	0,90	B	a	a
		300	5,20	B	a	a	68,65	C	b	a	56,11	AB	a	a	119,17	A	a	a	5,05	A	ab	a	5,71	A	a	a	1,19	B	a	a	0,82	B	a	a
		450	5,55	B	a	a	74,90	C	a	a	44,38	B	a	a	110,94	C	a	a	4,56	B	b	a	5,70	A	a	a	1,15	A	a	a	0,87	AB	a	a
URS Taura	2	150	5,00	B	a	a	57,80	C	b	b	35,71	B	a	a	82,57	B	a	b	4,44	B	a	b	5,42	B	a	b	1,28	A	a	a	0,90	AB	a	a
		300	5,00	C	a	a	61,20	D	ab	b	40,18	BC	a	b	88,54	BC	a	b	4,49	A	a	b	5,45	A	a	a	1,19	B	ab	a	0,87	B	a	a
		450	5,00	C	a	a	67,20	C	a	a	43,58	C	a	a	90,37	C	a	b	4,13	AB	a	a	4,98	A	a	a	1,10	A	b	a	0,82	AB	a	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras maiúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a mesma densidade de semeadura. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre densidades dentro de cada genótipo. Letras em negrito indicam comparação de médias entre épocas, dentro de cada genótipo e densidade.

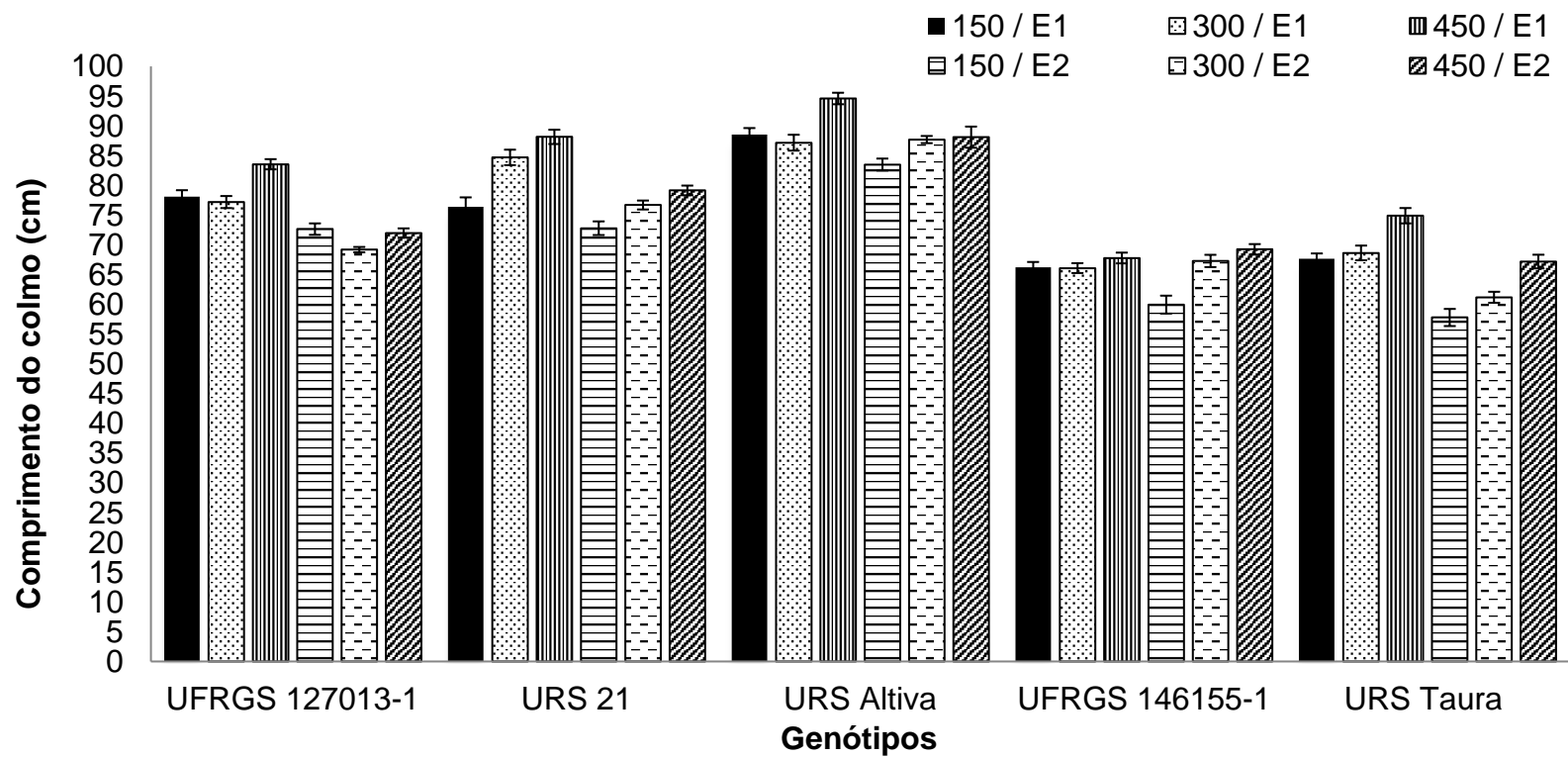


FIGURA 6. Comprimento do colmo de cinco genótipos de aveia , sob três densidades de sementeira: 150, 300 e 450 sementes m^{-2} e duas épocas de sementeira (E1 e E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. $n=20$.

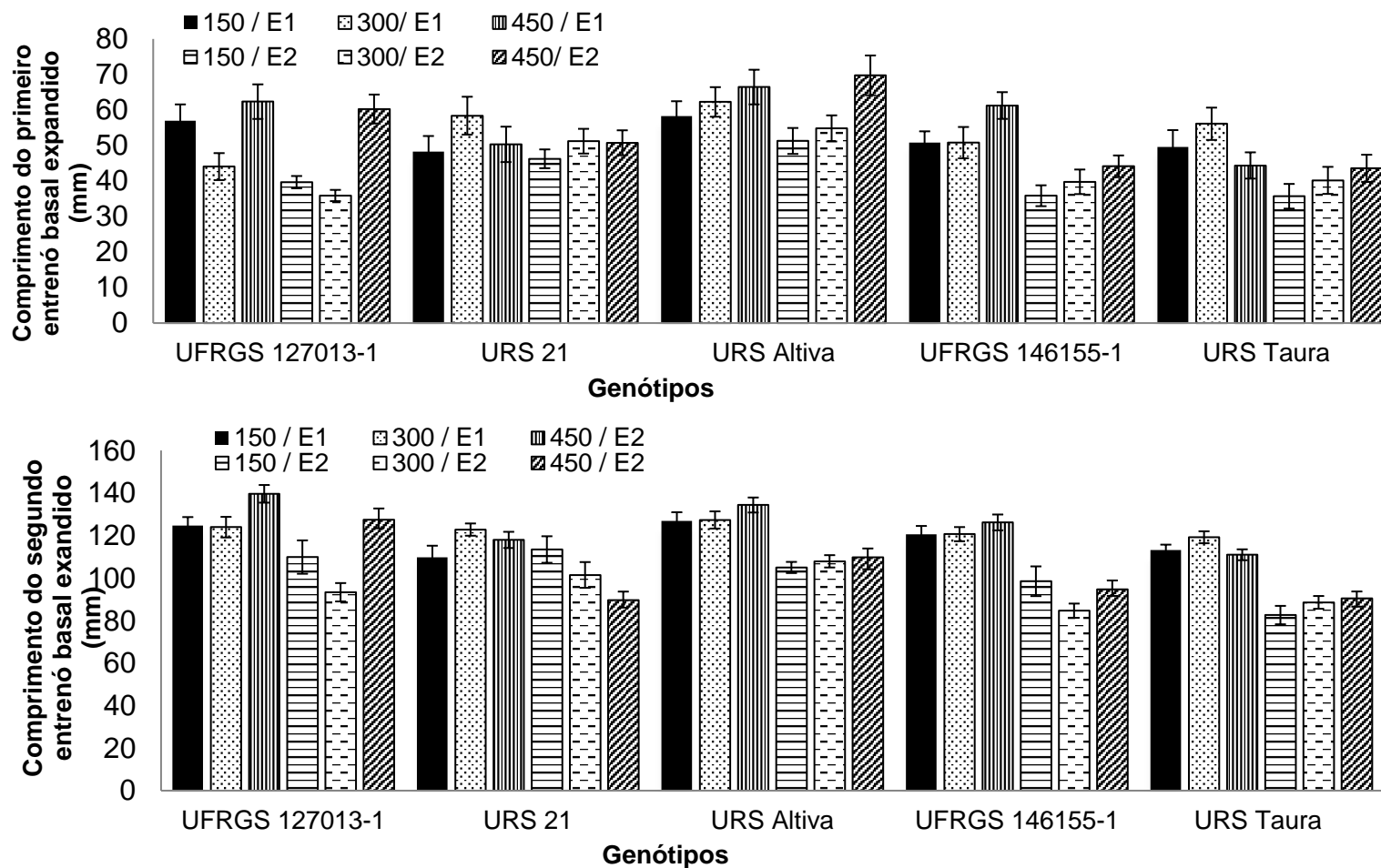


FIGURA 7. Comprimento do primeiro (CE1) e segundo (CE2) entrenós basais expandidos de cinco genótipos de aveia, sob três densidades de sementeira: 150 sementes m⁻¹, 300 sementes m⁻¹ e 450 sementes m⁻¹, e duas épocas (E1, E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. n=20.

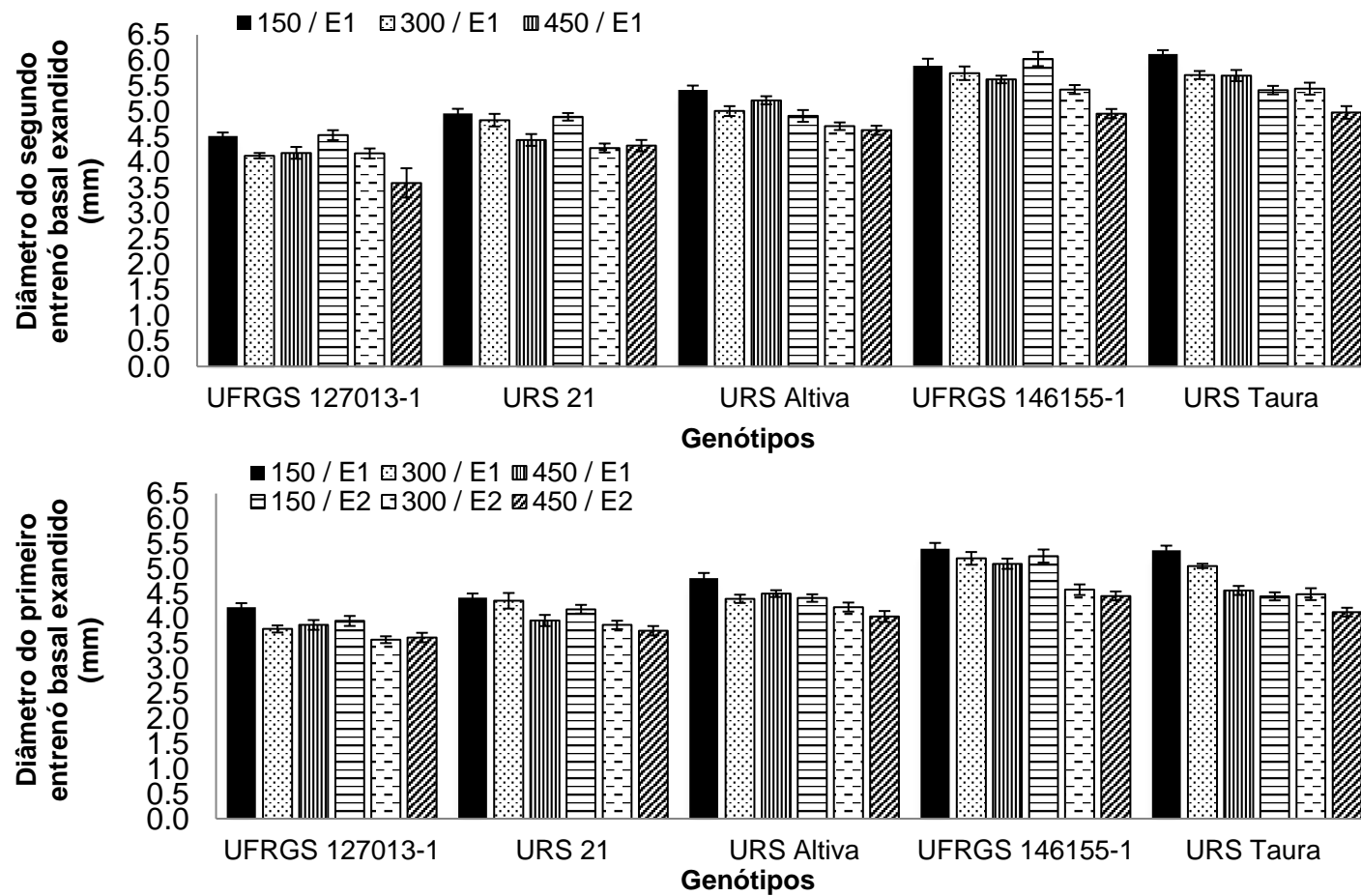


FIGURA 8. Diâmetro do primeiro (DC1) e segundo (DC2) entrenós basais expandidos de cinco genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: 150 sementes m^{-2} , 300 sementes m^{-2} e 450 sementes m^{-2} , e duas épocas (E1, E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. $n=20$.

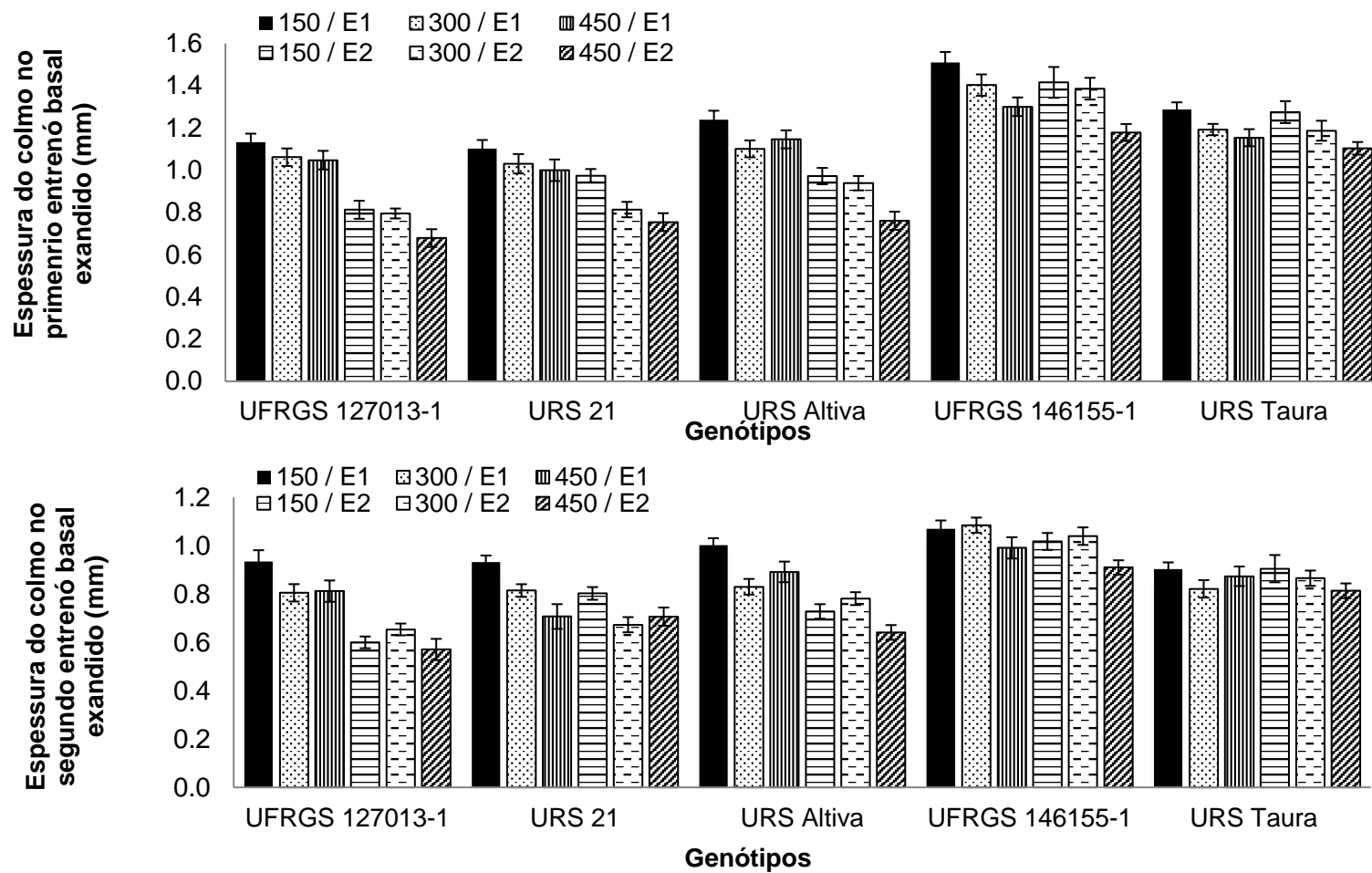


FIGURA 9. Espessura do colmo no primeiro (EC1) e segundo (EC2) entrenós basais expandidos de cinco genótipos de aveia, sob três densidades de sementeira: 150 sementes m⁻¹, 300 sementes m⁻¹ e 450 sementes m⁻¹, e duas épocas (E1, E2) no ano de 2018. Barras indicam erro padrão da média. *n*=20.

4.2 Análise anatômica

O colmo da espécie apresenta uma medula oca, com contorno externo circular (Figura 1), semelhante ao colmo de plantas do gênero *Triticum*. Em uma seção de colmo cortada transversalmente, do sentido externo para o interno, os colmos são divididos nas seguintes regiões: a epiderme, um parênquima fundamental subdérmico, uma camada de tecido esclerenquimático denominada de anel de esclerênquima e um parênquima fundamental com gradientes de espessura de parede e tamanho celular. Como as Poáceas não possuem a divisão do parênquima fundamental em medula e córtex e visando facilitar a compreensão das diferenças entre os tipos celulares, o parênquima fundamental foi assim dividido: parênquima fundamental cortical (PFC) e parênquima fundamental medular (PFM) conforme o tamanho e espessura da parede celular (Figura 10).

A epiderme apresenta células irregulares, poliédricas, com paredes celulares espessas e lignificadas. Logo abaixo da epiderme há uma camada de células denominada de parênquima fundamental subdérmico. Esta camada pode estar ausente, como observado no genótipo suscetível ao acamamento UFRGS 127013-1, ou presente na forma de 1 a 3 camadas de células (demais genótipos avaliados). Quando presente essa camada caracteriza-se por células de tecido parenquimático, podendo ficar mais espessas e lignificadas, como observado em reação ao Floroglucinol + HCl (Figuras 11, 12 e 13), e com celulose, em reação ao Calcoflúor (Figuras 17 e 18).

Uma camada de esclerênquima, consistindo de células com paredes espessadas e lignificadas, é encontrada ao redor da circunferência do caule. A localização desta camada nos internódios é apresentada na Figura 10. Essa camada de esclerênquima foi denominada de anel esclerenquimático e possui mais de três camadas de células com paredes altamente espessadas. Muitos feixes de pequeno e médio porte estão incluídos nesse anel, onde a bainha esclerenquimática dos feixes se junta ao tecido do anel.

Os feixes vasculares são do tipo colateral fechado, estando o floema voltado para a periferia do colmo e o xilema em oposição, apresentando-se em duas disposições: feixes menores, dispostos no anel de esclerênquima, os quais são traços foliares, e feixes maiores dispostos no parênquima (Figura 10). Os

feixes vasculares possuem altas concentrações de lignina no xilema e também na bainha de esclerênquima que circunda os feixes (Figuras 11, 11 e 13). No floema, os feixes possuem presença de celulose (Figuras 17 e 18) e pectinas (Figuras 14, 15 e 16).

As células do parênquima fundamental possuem formato poliédrico e apresentam espaços intercelulares. As paredes desse tecido parenquimático possuem gradiente de tamanho e espessura celular em direção ao centro do colmo, podendo ficarem espessas e lignificadas (Figura 11, 11 e 13). A lignificação desse tecido ocorre principalmente nas células localizadas entre os grandes feixes vasculares, parênquima fundamental subdérmico e o anel de esclerênquima. As paredes são mais espessas e altamente lignificadas do anel de esclerênquima (PFC) e tornam-se progressivamente mais finas e menos lignificadas em direção ao interior do colmo (PFM). O PFM no centro do colmo, torna-se um tecido primário e de preenchimento, possuindo presença de celulose em diferentes concentrações (Figuras 17 e 18).

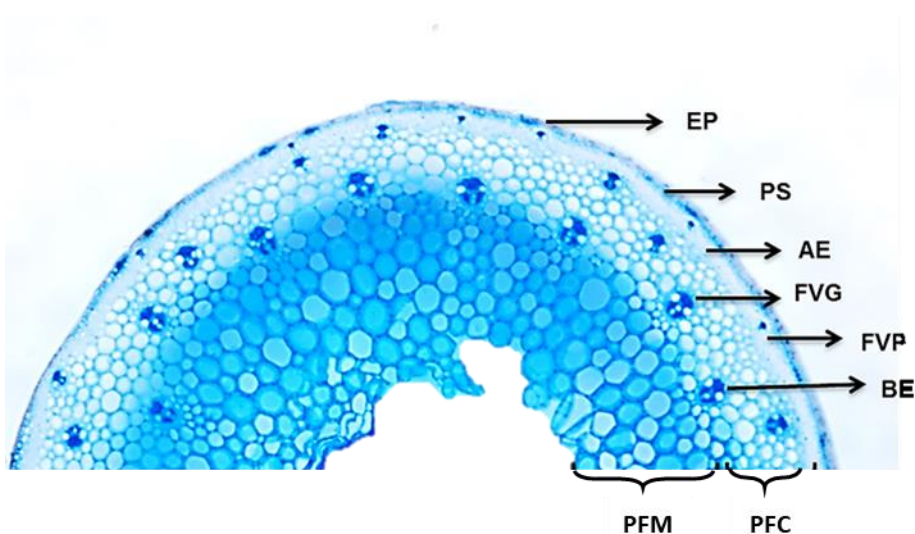


FIGURA 10. Ilustração de uma seção transversal do colmo de aveia com seus respectivos tecidos: epiderme (EP), parênquima fundamental subdérmico (PS), anel de esclerênquima (AE), feixes vasculares pequenos (FVP), feixes vasculares grandes (FVG), bainha de esclerênquima (BE), parênquima fundamental medular (PFM), parênquima fundamental cortical (PFC).

4.2.1 Análise de variância

O resumo da análise de variância para os caracteres número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT) para os cinco genótipos avaliados no ano de 2018, sob a densidade normal de semeadura (300 sementes aptas m⁻²), encontram-se apresentados na Tabela 11.

A análise de variância indicou efeito significativo para interação genótipo x época de semeadura para as características NCFM, NFVT e NCT. Para os demais caracteres houve efeito significativo para genótipo. Já NCAE e NCFC apresentaram significância também quanto a época de semeadura empregada. Para os caracteres em que houve interação entre fatores, foi aplicado teste *t* de Student. Os resultados encontram-se nos apêndices (Quadros 7-12).

Quando são comparados os genótipos de referência para suscetibilidade (UFRGS 127013-1) e para resistência ao acamamento (URS Taura), nas três densidades de semeadura empregadas, observou-se interação significativa entre genótipo x densidade de semeadura para quase todas as características, exceto NCAE e NCFC. Somente o NFVT não diferiu entre os genótipos avaliados (Tabela 12).

TABELA 11. Resumo da análise de variância para os caracteres número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais em cinco genótipos de aveia , sob densidade de 300 sementes aptas por m⁻², em duas épocas de semeadura, 2018.

FV	GL	Quadrado médio					
		NCPS	NCAE	NCFC	NCFM	NFVT	NCT
Repetição	4	0,22 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,62 ^{ns}	0,62 ^{ns}	10,17 ^{ns}	4,43 ^{ns}
Genótipo	4	11,72 ^{**}	2,05 ^{**}	2,37 ^{**}	4,02 ^{**}	45,32 [*]	5,63 [*]
Época	1	0,08 ^{ns}	8,00 ^{**}	7,22 ^{**}	10,58 ^{**}	21,78 ^{ns}	0,50 ^{ns}
Genótipo*Época	4	0,28 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,97 ^{ns}	4,58 ^{**}	92,78 ^{**}	6,65 ^{**}
Resíduo	36	0,18	0,37	0,43	0,72	15,79	1,36
CV (%)		22,50	11,73	11,35	12,44	7,47	5,97

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade; CV: coeficiente de variação.

TABELA 12. Resumo da análise de variância para os caracteres número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT) em dois genótipos de aveia , sob as densidades de 150, 300 e 450 sementes aptas m⁻², na primeira época de semeadura de 2018.

FV	GL	Quadrado médio					
		NCPS	NCAE	NCFC	NCFM	NFVT	NCT
Repetição	4	0,16 ^{ns}	0,75 ^{ns}	0,38 ^{ns}	0,20 ^{ns}	5,16 ^{ns}	1,88 ^{ns}
Genótipo	1	22,53 ^{**}	2,70 [*]	14,70 ^{**}	16,13 ^{**}	14,70 ^{ns}	8,53 ^{**}
Densidade	2	3,63 ^{**}	0,93 ^{ns}	3,33 [*]	4,80 ^{**}	108,03 ^{**}	4,86 ^{ns}
Genótipo*densidade	2	3,63 ^{**}	0,40 ^{ns}	2,80 ^{ns}	21,73 ^{**}	66,90 ^{**}	46,23 ^{**}
Resíduo		0,08	0,59	0,94	0,20	9,84	1,28
CV(%)		29,43	13,16	16,84	12,65	6,42	5,83

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente; ns = não significativo; GL: graus de liberdade. FV: fonte de variação.

4.2.2 Comparação de médias

Para NCPS o único genótipo que diferiu dos demais foi a linhagem UFRGS 127013-1, que não apresentou camadas de células nesse tecido. Esse genótipo caracteriza-se por possuir suscetibilidade ao acamamento, portanto, é um diferencial anatômico de grande importância.

Observa-se que para NCAE os genótipos UFRGS 127013-1 (suscetível) e URS Taura (resistente) não diferiram entre si na primeira época de semeadura, enquanto UFRGS 127013-1 foi superior à URS Taura na segunda época. Desta forma, apesar do anel do esclerênquima dar suporte mecânico, o NCAE parece não estar diretamente associado às diferenças de resistência ao acamamento, uma vez que não se diferenciou entre esses genótipos contrastantes (Tabelas 13).

Na média das duas épocas de semeadura, o genótipo UFRGS 127013-1 possuiu menos camadas de células do Parenquima Fundamental Cortical (NCFC) que os demais genótipos, porém não diferindo de URS 21, a qual é moderadamente suscetível ao acamamento (Tabela 13). Apesar da análise de variância não detectar interação entre época de semeadura e genótipo (Tabela 11), observou-se que, na primeira época de semeadura, NCFC de UFRGS 127013-1, além de não diferir de URS 21, também não foi estatisticamente diferente do observado em URS Taura e URS Altiva, demonstrando haver dependência da época na expressão do caráter NCFC, para alguns genótipos.

Já para as características NCAE e NCFC a época 1 apresentou maiores médias em relação à época 2 (Tabela 13).

Na Tabela 14 encontram-se os valores das médias em cada densidade de semeadura para os genótipos UFRGS 127013-1 e URS Taura. Somente NCT diferiu para o genótipo UFRGS 127013-1 dentro das densidades empregadas, enquanto que para URS Taura houve diferença entre as densidades para todos caracteres, exceto para NCFC. UFRGS 127013-1 possuiu mais camadas de tecido esclerenquimático (NCAE), e menos camadas de tecido de parênquima fundamental cortical (NCFC) em relação ao genótipo URS Taura.

As densidades de 150 e 300 sementes aptas m^{-2} não diferiram entre si, para o caractere NCFC (Tabela 14). Apenas a densidade de 450 sementes aptas

m⁻² apresentou uma diminuição no número de NCFC em relação às demais densidades de semeadura empregadas.

TABELA 13. Médias do número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), do anel de esclerênquima (NCAE), do parênquima fundamental cortical (NCFC), do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT), em cinco genótipos de aveia, sob densidade de 300 sementes aptas por m⁻², em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	NCPS	NCAE	NCFC	NCFM	NFVT	NCT
UFRGS 127013-1	1	0,0 b	6,0 a	5,6 b	6,6 a	52,0 b	18,2 b
	2	0,0 b	5,8 a	4,4 b	8,6 a	54,4 b	18,8 b
URS 21	1	2,2 a	5,2 a	5,6 b	6,0 a	55,2 ab	19,0 ab
	2	2,6 a	4,4 b	5,6 a	6,4 b	50,8 bc	19,0 b
URS Altiva	1	2,2 a	5,4 a	6,2 ab	7,0 a	51,8 b	20,8 a
	2	2,6 a	4,4 b	6,0 a	6,0 b	59,0 a	19,0 b
UFRGS 146155-1	1	2,6 a	5,6 a	6,8 a	6,0 a	58,6 a	21,0 a
	2	2,6 a	4,4 b	5,4 a	6,8 b	50,4 bc	19,2 b
URS Taura	1	2,0 a	5,8 a	6,6 ab	6,2 a	51,6 b	19,2 ab
	2	2,2 a	5,0 b	5,6 a	8,6 a	48,0 c	21,2 a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos dentro de cada época de semeadura.

TABELA 14. Médias do número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais em dois genótipos de aveia em três densidades de semeadura, 2018.

Dens	Genótipo	NCPS	NCAE	NCFC	NCFM	NFV	NCT
150	UFRGS 127013-1	0 b	6 a	4,8 a	6 a	47,8 a	16,9 b
	URS Taura	3 a	5 b	7,4 a	6,8 a	51 a	22,2 a
300	UFRGS 127013-1	0 b	6 a	5,6 a	6 a	52 a	18,2 b
	URS Taura	0,6 b	5,8 a	6,6 a	6,2 a	51,6 a	21 a
450	UFRGS 127013-1	0 b	6,4 a	4,8 a	10 a	48,8 a	21,2 a
	URS Taura	1,6 b	5,8 a	5,4 a	6,2 b	41,8 b	18 b

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos para a primeira época de semeadura dentro de cada densidade.

4.2.3 Componentes estruturais da parede celular

Foram realizados cortes transversais no primeiro entrenó basal expandido de aveia, buscando identificar a localização histoquímica dos principais compostos que compõem a parede celular das plantas.

4.2.3.1 Lignina

As reações com lignina nos cortes transversais realizados caracterizaram-se, principalmente, pela distribuição nos tecidos com paredes celulares mais espessas. A deposição de lignina ocorre em tecidos parenquimáticos com parede celular espessada, além do tecido esclerenquimático encontrado no anel e bainha de esclerênquima (Figuras 11, 12 e 13). Observa-se que há lignina presente tanto no parênquima fundamental subdérmico, quanto no parênquima fundamental cortical, com menores teores neste último. No parênquima fundamental cortical a lignina parece mascarar a presença de pectinas (Figuras 14, 15, e 16).

Foi observado que os genótipos UFRGS 127013-1, URS Altiva e URS Taura apresentaram paredes celulares mais espessas na epiderme, no anel de esclerênquima, e também na bainha de esclerênquima circundando os feixes

vasculares. UFRGS 146155-1 apresentou paredes celulares um pouco mais espessas que URS 21, que possuiu as paredes celulares mais delgadas do que os demais genótipos avaliados (Figuras 11 e 12).

Porém, esse padrão de espessamento da parede não acompanhou as concentrações de lignina observadas. UFRGS 127013-1 aparentou ter menores valores de lignina, seguido de URS Altiva. Já URS Taura, UFRGS 146155-1 e URS 21 apresentaram as maiores reações à lignina observadas em todas as repetições de cortes realizados (Figuras 11 e 12).

Outro fator importante de se ressaltar é a presença de lignina no tecido fundamental subdérmico, enquanto que no genótipo UFRGS 127013-1 não há a presença desta camada de parênquima.

Aparentemente, na segunda época de cultivo os genótipos apresentaram maiores concentrações de lignina em relação à época 1 (Figuras 11 e 12).

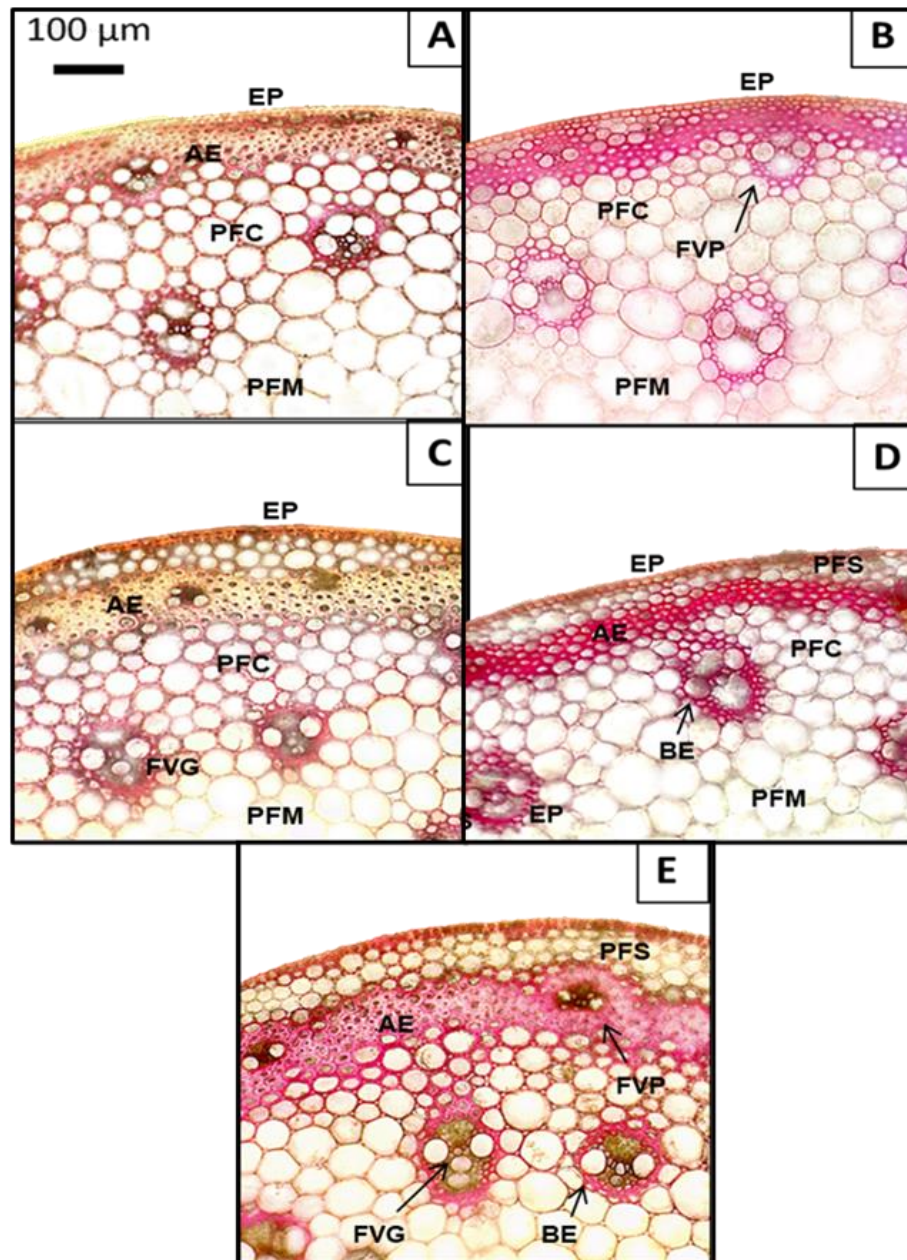


FIGURA 11. Características anatômicas e deposição de lignina (coloração avermelhada) em diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia, na primeira época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m^{-2} . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Floroglucinol + HCl, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

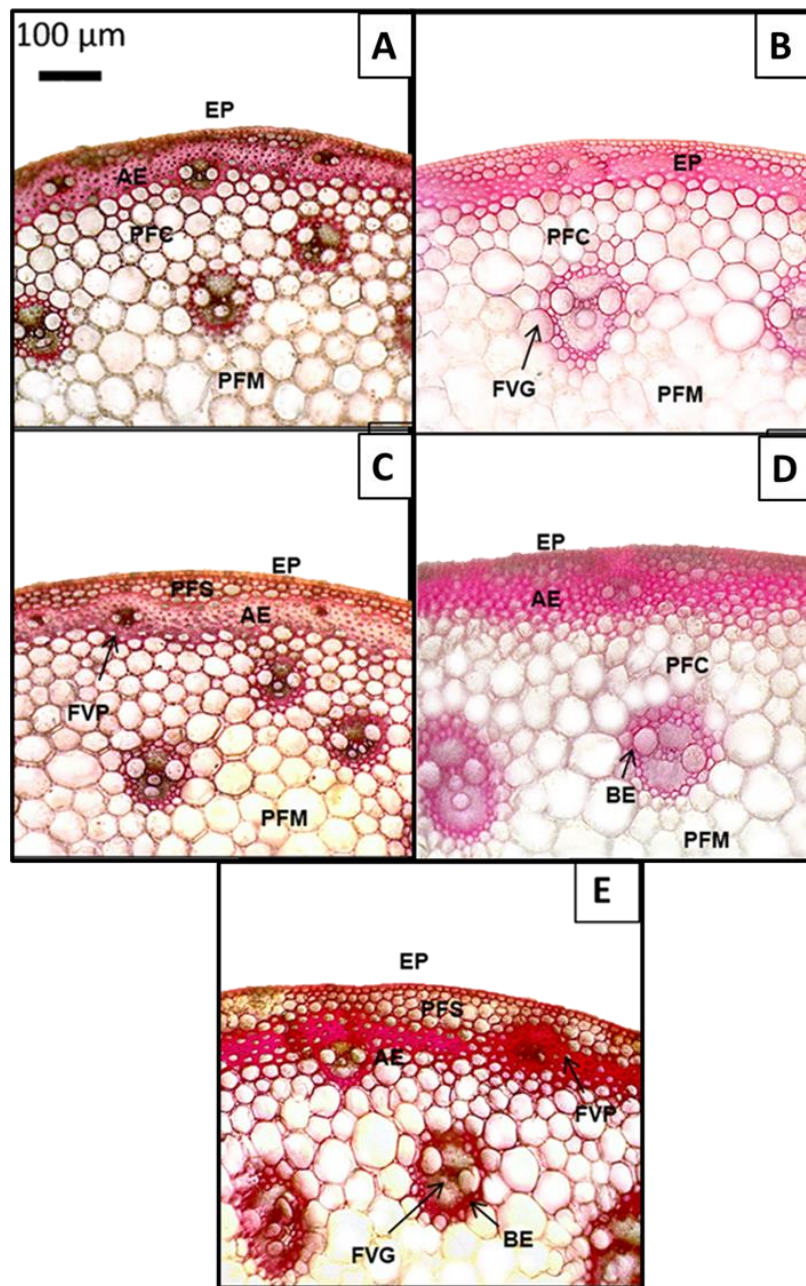


FIGURA 12. Características anatômicas e deposição de lignina (coloração avermelhada) em diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia, na segunda época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m^{-2} . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Floroglucinol + HCl, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

Em se tratando das condições microambientais decorridas das densidades de cultivo, observou-se que quanto maior a densidade empregada, menores são os teores de lignina acumulados nos tecidos do colmo de UFRGS 127013-1. URS Taura aparentemente parece conter mais lignina na densidade de 450 sementes aptas m^{-2} , em relação à densidade normal de cultivo (300 sementes aptas m^{-2}).

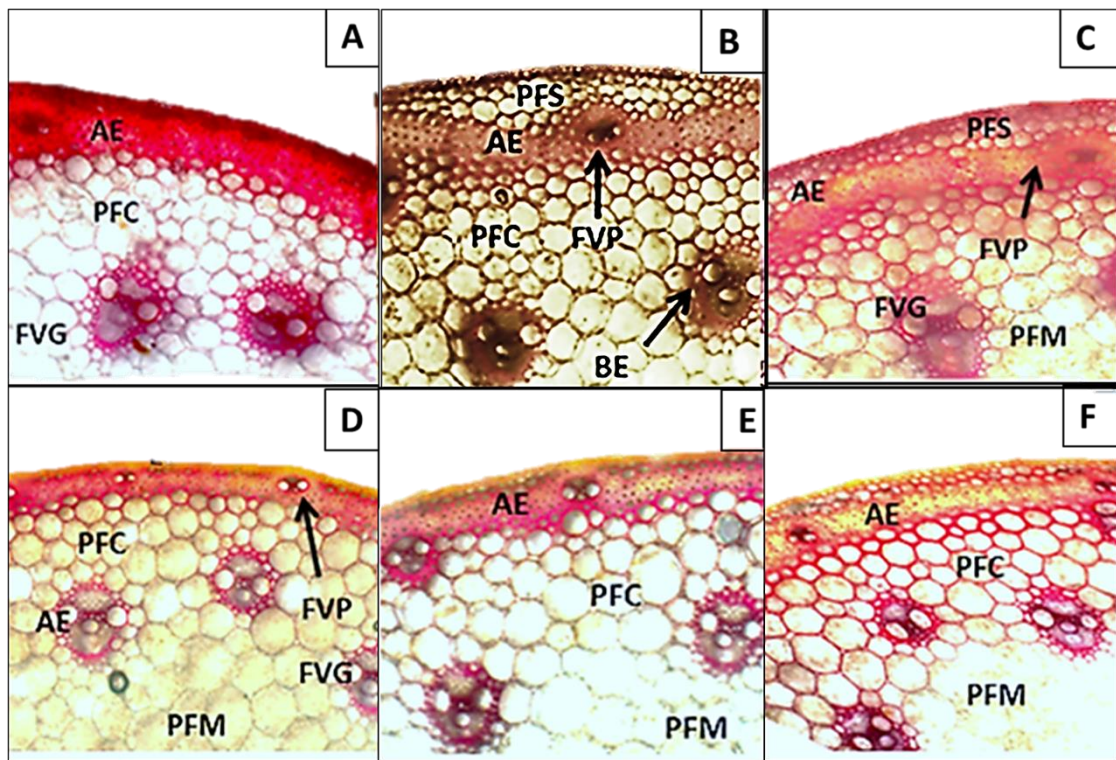


FIGURA 13. Características anatômicas e deposição de lignina (coloração avermelhada) em diferentes tecidos de dois genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, na primeira época de cultivo de 2018. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Floroglucinol + HCl, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: URS Taura, 150 sementes aptas m^{-2} ; B: URS Taura, 300 sementes aptas m^{-2} ; C: URS Taura, 450 sementes aptas m^{-2} ; D: UFRGS 127013-1, 150 sementes aptas m^{-2} ; E: UFRGS 127013-1, 300 sementes aptas m^{-2} ; F: UFRGS 127013-1, 450 sementes aptas m^{-2} . EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: Parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

4.2.3.2 Pectinas

Nas reações com Azul de astra, visando identificar a presença de pectinas ácidas nas lamelas médias, foi constatado padrão similar de distribuição entre os genótipos avaliados. Esses polissacarídeos estruturais encontraram-se principalmente nos tecidos com paredes celulares mais delgadas, como parênquima fundamental medular e no floema, onde sobressaem-se elementos de parede primária (Figuras 14, 15 e 16). Foi encontrada uma reação maior no parênquima fundamental subdérmico de URS Taura, que é um genótipo em que essa camada de tecido se encontra mais desenvolvida.

O mesmo padrão de distribuição foi encontrado para a segunda época de cultivo, indicando que anatomicamente não houve diferença desse composto em resposta a diferença de ambiente produzida por época de semeadura (Figuras 14 e 15). A época de semeadura pareceu não afetar o padrão de distribuição de pectinas (Figura 14 e 15), havendo um aumento da concentração desse açúcar estrutural com o incremento da densidade de semeadura (Figura 16).

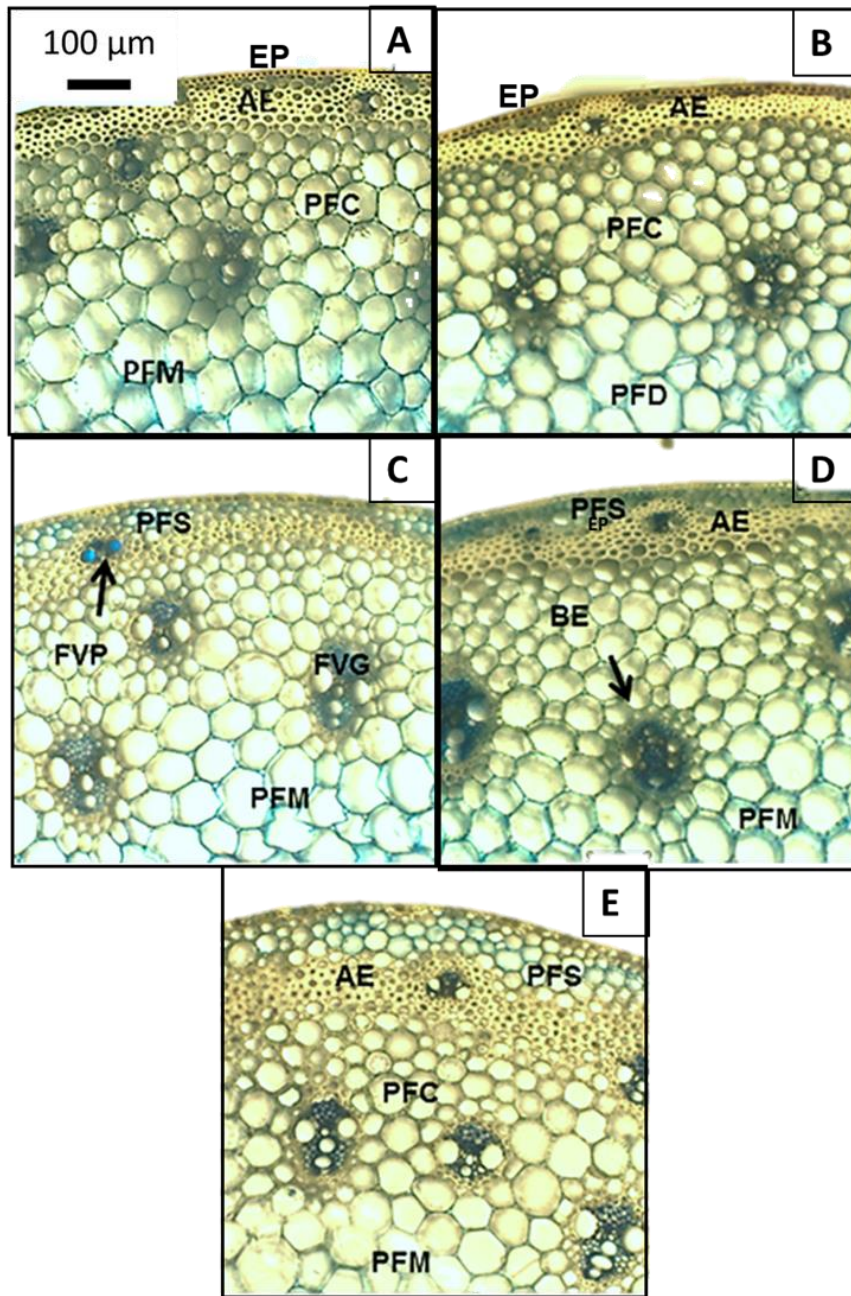


FIGURA 14. Características anatômicas e deposição de pectinas (coloração azulada) nas paredes das células de diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia, na primeira época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m^{-2} . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Azul de Astra, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-6; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: Parênquima medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

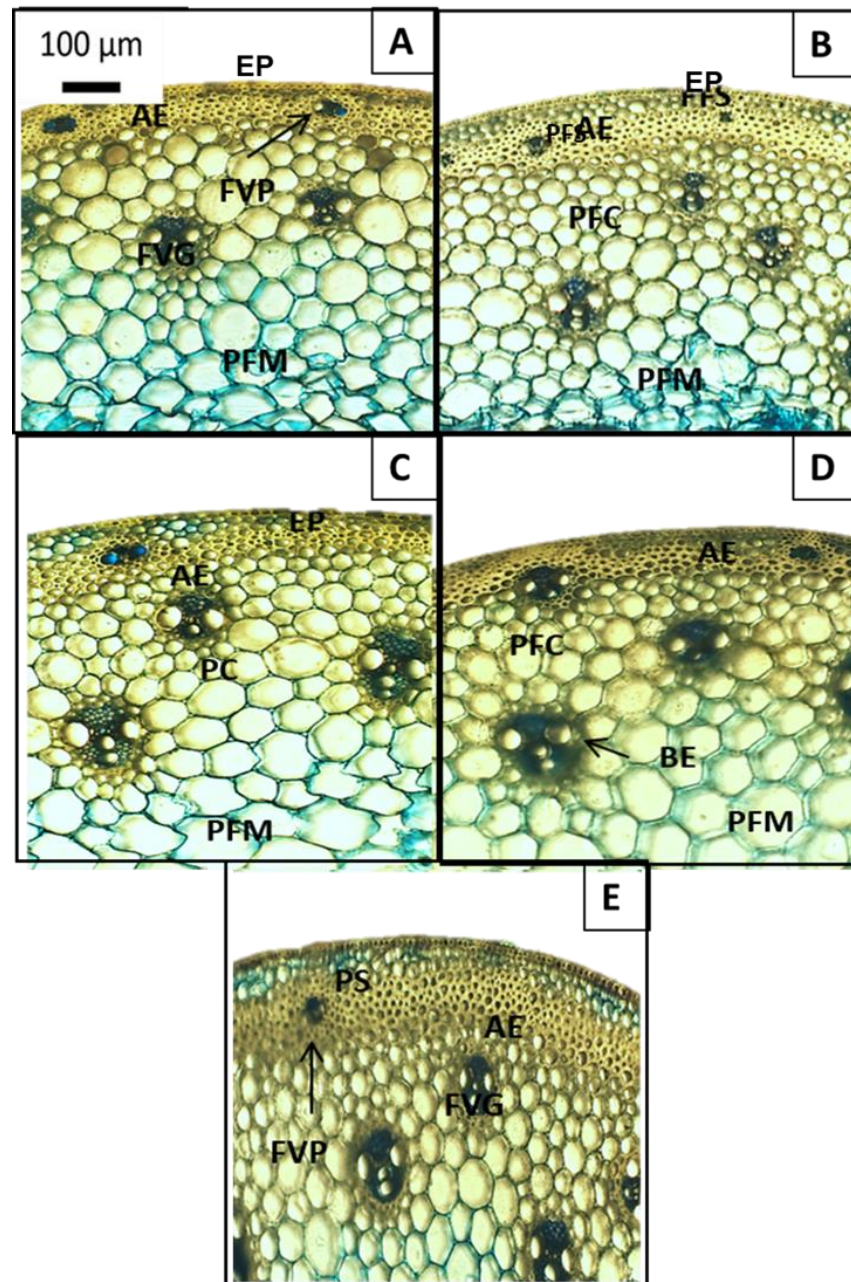


FIGURA 15. Características anatômicas e deposição de pectinas (coloração azulada) nas paredes das células de diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia, na segunda época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m^{-2} . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Azul de Astra, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

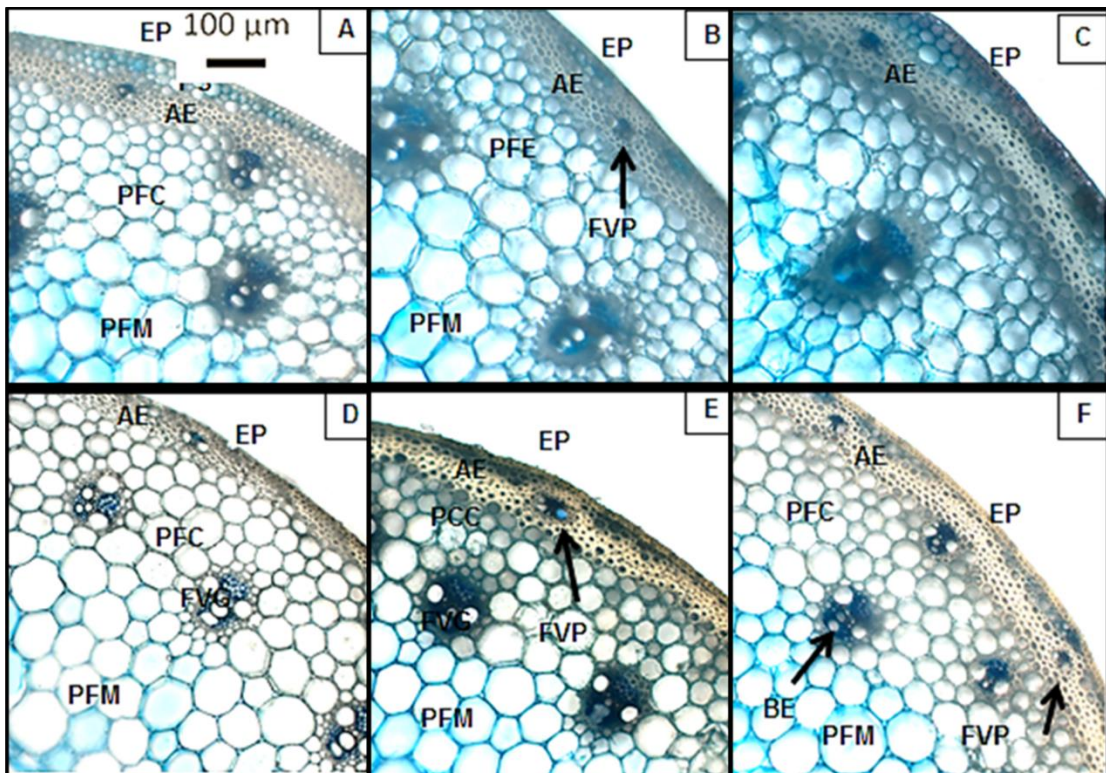


FIGURA 16. Características anatômicas e deposição de pectina (coloração azulada) na parede celular de diferentes tecidos de dois genótipos de aveia, na primeira época de cultivo de 2018, sob três densidade de semeadura. Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Azul de Astra, sob microscopia óptica com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: URS Taura, 150 sementes aptas m^{-2} ; B: URS Taura, 300 sementes aptas m^{-2} ; C: URS Taura, 450 sementes aptas m^{-2} ; D: UFRGS 127013-1, 150 sementes aptas m^{-2} ; E: UFRGS 127013-1, 300 sementes aptas m^{-2} ; F: UFRGS 127013-1, 450 sementes aptas m^{-2} . EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

4.2.3.3 Celuloses

A Celulose foi o único composto estrutural avaliado que apresentou diferenças anatômicas quanto ao padrão de sua distribuição. Esse composto estrutural, assim como as pectinas, encontrou-se de maneira mascarada, principalmente no anel de esclerênquima, devido à deposição conjunta de lignina (Figuras 11 e 12). Sua presença estava mais concentrada, principalmente, no parênquima fundamental medular, feixes vasculares e parênquima fundamental subdérmico, quando presente.

Contudo, o genótipo URS Taura diferiu na estrutura anatômica quanto aos padrões de distribuição de celulose, apresentando uma distribuição mais ampla, abrangendo também o parênquima fundamental, com mais intensidade do que os demais genótipos (Figuras 17 e 18).

Na segunda época de cultivo, além de URS Taura, os genótipos UFRGS 146155-6 e UFRGS 127013-1 aumentaram as concentrações de celulose, expandindo sua deposição para o PFC (Figura 18).

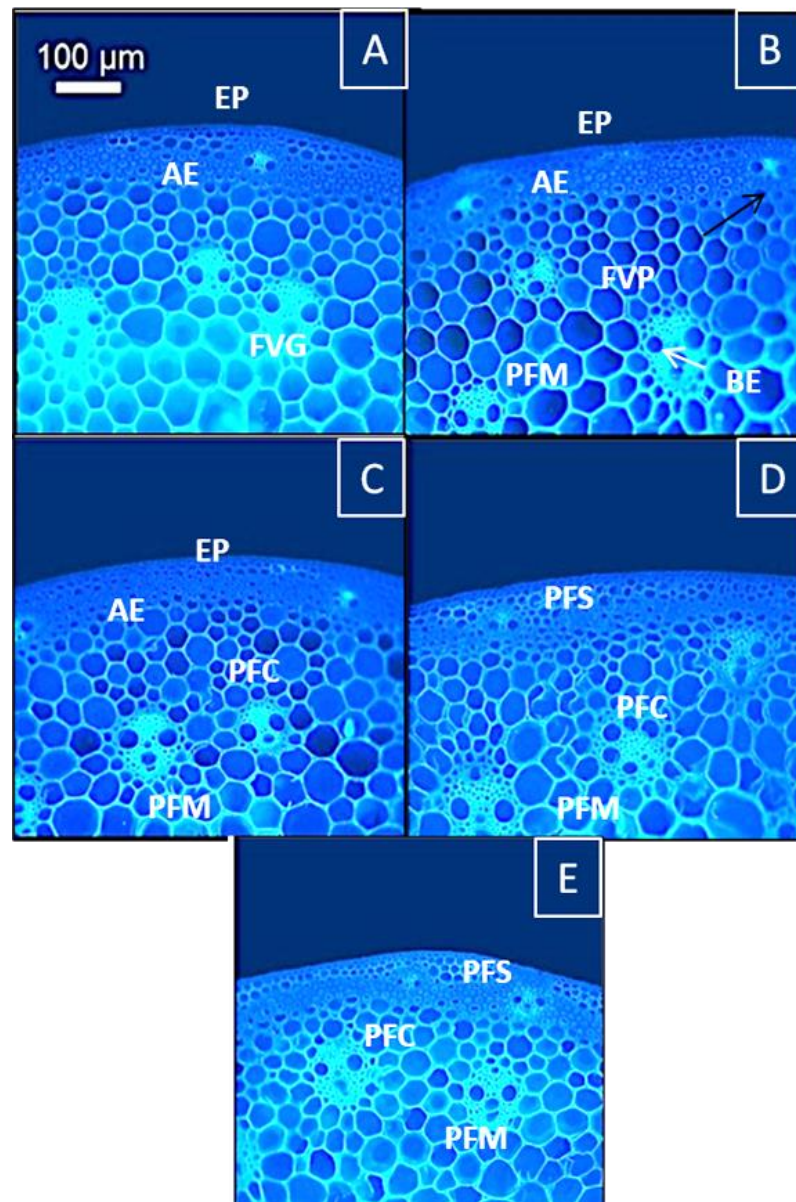


FIGURA 17. Características anatômicas e deposição de celulose na parede celular (fluorescência) em diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia, na primeira época de cultivo de 2018, sob densidade de 300 sementes aptas m⁻². Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Calcoflúor, sob microscopia óptica em campo fluorescente com 10X de aumento (Escala 100 µm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

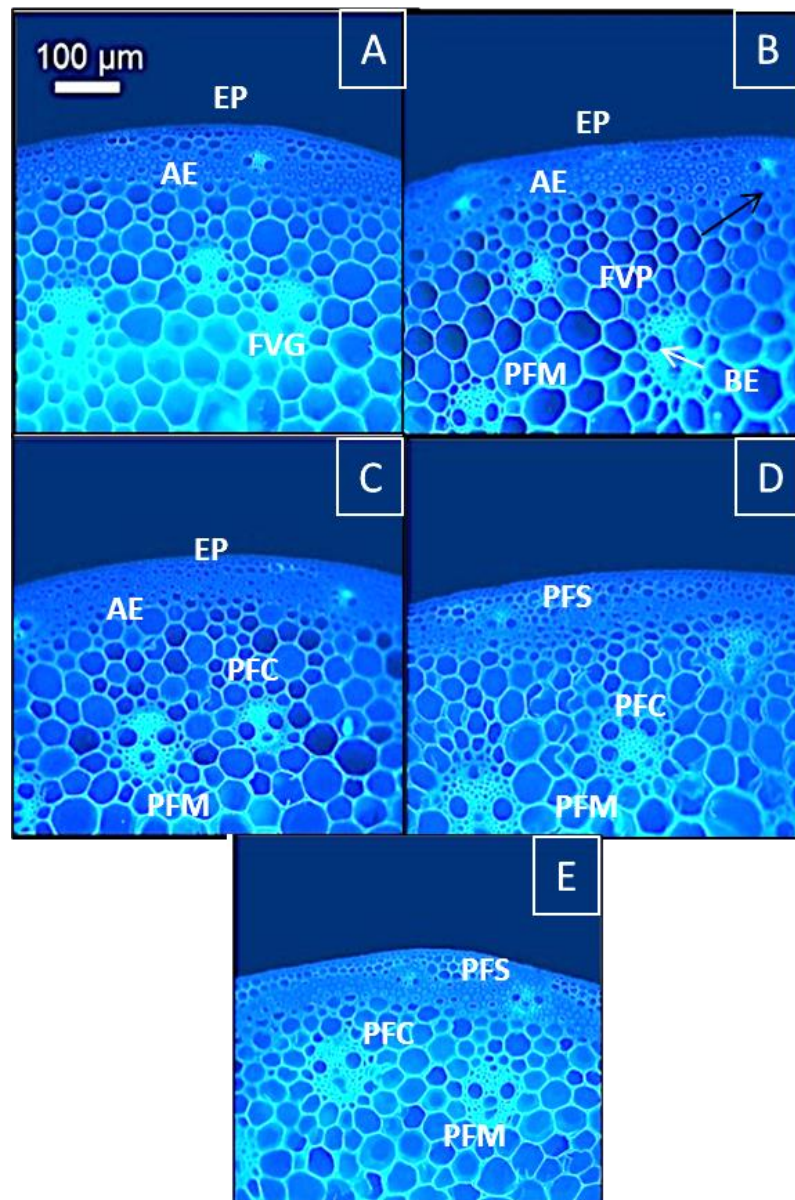


FIGURA 18. Características anatômicas e deposição de celulose na parede celular de diferentes tecidos de cinco genótipos de aveia , na segunda época de cultivo, sob densidade de 300 sementes aptas m^{-2} . Seções transversais do primeiro internódio expandido, reagidas com Calcoflúor, sob microscopia óptica em campo fluorescente com 10X de aumento (Escala 100 μm). A: UFRGS 127013-1; B: URS Altiva; C: URS 21; D: UFRGS 146155-1; E: URS Taura. EP: epiderme; PS: parênquima fundamental subdérmico; AE: anel de esclerênquima; PFC: parênquima fundamental cortical; PFM: parênquima fundamental medular; FVP: feixes vasculares pequenos; FVG: feixes vasculares grandes; BE: bainha de esclerênquima.

4.3 Análise química

No ano de 2017 foram avaliados os teores de lignina, celulose e hemicelulose em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, visando identificar se as condições impostas pela densidade de semeadura mudariam a composição química do colmo de aveia. No ano de 2017 não houve diferenças significativas entre as densidades empregadas, para as características teor de lignina, teor de celulose e teor de hemicelulose (Tabela 15 e 17). Portanto, em 2018, nos cinco genótipos avaliados (Tabela 1), a análise química foi realizada somente na densidade normal de cultivo (300 sementes aptas m⁻²), em diferentes épocas de semeadura.

4.3.1 Análise de variância

A análise de variância indicou diferenças significativas entre os genótipos, para a composição química dos colmos de aveia quanto aos teores de lignina, celulose e hemicelulose, além de interação genótipo x densidade para teores de lignina e celulose. Nenhum dos caracteres químicos avaliados apresentou diferenças significativas entre as densidades empregadas (Tabela 15), indicando que a produção desses açúcares estruturais é dependente da condição genética e do manejo empregado (interação genótipo x densidade). As diferenças observadas entre os genótipos sugerem a existência de variabilidade genética para composição da parede celular, quanto aos açúcares estruturais que a compõe.

Para os caracteres teor de lignina e teor de celulose, em que houve interação entre genótipo e densidade de semeadura, foi realizada a comparação de médias duas a duas, pelo Teste *t* de Student. Esses dados encontram-se na Quadro 13 dos apêndices.

Para o ano de 2018, a análise de variância indicou diferenças significativas entre os genótipos somente para os teores de lignina, enquanto que a época de semeadura influenciou somente os teores de hemicelulose (Tabela 16). Não houve interação genótipo x época de semeadura para nenhum dos compostos estruturais de parede avaliados. Novamente, como no ano anterior, os teores de lignina apresentaram variabilidade entre os genótipos.

Porém, o que chamou a atenção foram os teores de hemicelulose, que apresentaram diferenças significativas entre as épocas de semeadura empregadas, tendo sido, portanto, influenciadas pela velocidade de crescimento da planta ou pelas condições de ambiente, como fotoperíodo, temperatura, precipitação e/ou disponibilidade de luz.

TABELA 15. Resumo da análise de variância para os caracteres teor de lignina (LIG), teor de hemicelulose (HEM) e teor de celulose (CEL) de colmos de dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas por m⁻²), no ano de 2017.

FV	GL	Quadrado médio		
		LIG	HEM	CEL
Repetição	2	3,85 ^{ns}	2,76 ^{ns}	2,02 ^{ns}
Genótipo	9	19,23 ^{**}	9,45 ^{**}	11,20 ^{**}
Densidade	2	1,08 ^{ns}	4,98 ^{ns}	9,05 ^{ns}
Genótipo*densidade	18	12,52 ^{**}	5,90 ^{ns}	8,93 [*]
Resíduo		4,36	3,61	4,52
CV(%)		29,43	7,94	5,48

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade.

TABELA 16. Resumo da análise de variância para os caracteres teor de lignina (LIG), teor de hemicelulose (HEM) e teor de celulose (CEL) de colmos de cinco genótipos de aveia , sob densidade de 300 sementes aptas por m⁻², em duas épocas de semeadura no ano de 2018.

FV	GL	Quadrado médio		
		LIG	HEM	CEL
Repetição	1	5,64 ^{ns}	17,97 ^{ns}	43,74 ^{ns}
Genótipo	4	38,43 [*]	45,08 ^{ns}	11,28 ^{ns}
Época	1	8,43 ^{ns}	142,36 ^{**}	6,21 ^{ns}
Genótipo*Época	4	9,01 ^{ns}	3,49 ^{ns}	9,96 ^{ns}
Resíduo		9,19	13,16	15,87
CV (%)		18,84	4,18	13,39

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente; ns = não significativo; FV: fonte de variação; GL: Grau de liberdade; CV: coeficiente de variação.

4.3.2 Comparação de médias

Quando comparados as densidades de semeaduras, na média de todos os 10 genótipos avaliados, não houve diferença estatística para os três caracteres avaliados (dados não apresentados).

URS Taura e UFRGS 127013-1, genótipos resistente e suscetível ao acamamento, respectivamente, não apresentaram diferença estatística nos teores de lignina, nas três densidades empregadas, no ano de 2017 (Tabela 17). URS 21 apresentou o maior teor de lignina apenas na densidade de 300 sementes aptas m⁻².

A comparação entre as médias dos genótipos para teor de lignina, considerando os valores obtidos nas duas épocas de semeadura, são apresentados na Tabela 18. O genótipo URS 21 apresentou os maiores teores de lignina, não diferindo estatisticamente de URS Taura. URS Taura por sua vez não diferiu dos demais genótipos avaliados. URS Taura e UFRGS 127013-1 diferiram somente para a segunda época de semeadura (Tabela 18).

Diferença significativa para teor de lignina, foi encontrada em três dos cinco genótipos avaliados nas duas épocas de semeadura (Tabela 18). Quanto ao teor de hemicelulose, na primeira época de semeadura houve um menor acúmulo em relação à segunda época (Tabela 18); porém, a diferença entre épocas não foi significativa para URS Taura (Tabela 18).

Para hemicelulose e celulose não houve diferença significativa entre genótipos resistentes e suscetíveis nos dois anos de avaliação (Tabela 17 e 18).

TABELA 17. Médias do teor de lignina (LIG), hemicelulose (HEM) e celulose (CEL) de colmos de dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas por m⁻²), no ano de 2017.

Genótipos	Densidade	LIG		HEM		CEL	
UFRS 127013-1	150	7,85	ab	22,64	ab	39,43	a
	300	5,39	bc	24,28	abc	38,97	abc
	450	6,94	abc	24,81	ab	39,15	a
UFRS 137127-6	150	3,6	b	24,78	ab	35,42	b
	300	3,7	c	25,13	ab	37,98	abc
	450	5,21	c	25,14	ab	37,3	a
URS 21	150	7,04	ab	22,49	b	40,46	a
	300	13,59	a	21,25	c	34,51	b
	450	8,23	a	24,02	ab	39,18	a
URS Tarimba	150	10,32	a	21,85	b	35,53	b
	300	4,47	bc	24,48	abc	40,26	ab
	450	6,57	abc	25,54	ab	37,05	a
URS Charrua	150	9,82	a	22,91	ab	37,7	ab
	300	8,14	bc	22,33	bc	41,05	ab
	450	8,17	a	24,07	ab	39,84	a
URS Corona	150	6,5	ab	26,33	a	40,51	a
	300	7,45	bc	23,62	abc	39,98	ab
	450	7,84	ab	22,51	b	40,24	a
URS Brava	150	7,89	ab	21,87	b	38,25	ab
	300	7,31	bc	23,44	abc	38,52	abc
	450	8,06	a	22,07	b	39,89	a
URS Altiva	150	7,25	ab	25,07	ab	38,41	ab
	300	4,89	bc	24,64	abc	42,36	a
	450	8,19	a	27,28	a	38,58	a
UFRS 146155-1	150	7,95	ab	23,83	ab	38,05	ab
	300	4,59	bc	26,25	a	41,07	ab
	450	5,99	bc	23,89	ab	39,88	a
URS Taura	150	3,87	b	24,94	ab	37,54	ab
	300	9,27	b	21,67	bc	36,68	bc
	450	6,87	abc	24,61	ab	38,98	a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras minúsculas indicam a comparação de médias dentro de cada densidade de semeadura entre os genótipos.

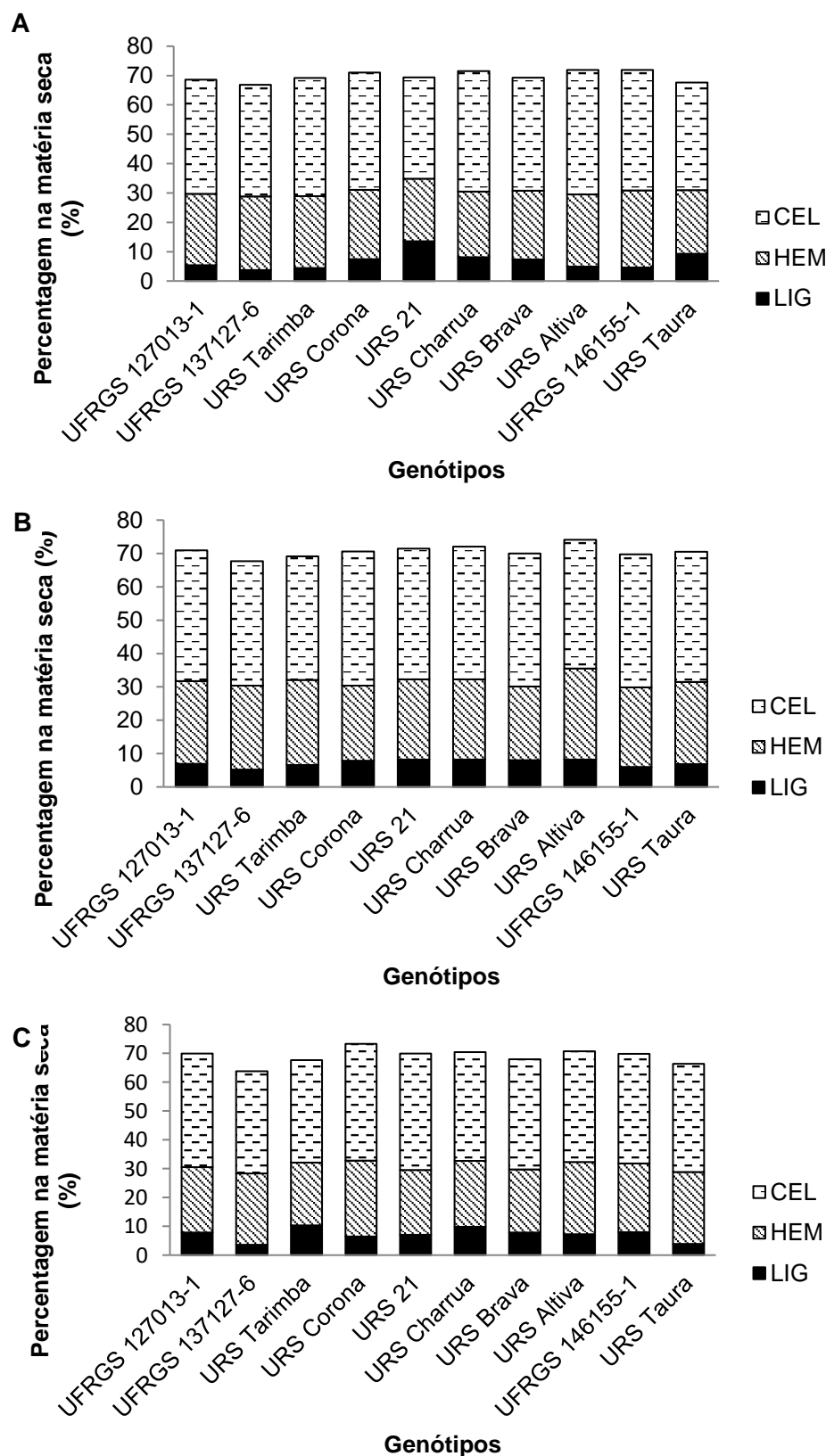


FIGURA 19. Teor dos principais componentes de parede celular em dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura: A) 150 sementes m^{-2} ; B) 300 sementes m^{-2} ; C) 450 sementes m^{-2} , no ano de 2017.

TABELA 18. Média do teor de lignina (LIG), hemicelulose (HEM) e celulose (CEL), em cinco genótipos de aveia , em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	LIG	HEM	CEL
UFRGS 127013-1	1	12.85 a	29.28 a	45.72 a
	2	14.23 b	33.13 ab	41.56 a
URS 21	1	18.99 a	23.98 a	42.08 a
	2	21.80 a	27.35 b	38.58 a
URS Altiva	1	15.78 a	24.52 a	39.64 a
	2	13.11 b	30.98 ab	39.76 a
UFRGS 146155-1	1	13.86 a	26.89 a	38.75 a
	2	13.60 b	34.80 ab	42.44 a
URS Taura	1	15.73 a	31.81 a	40.32 a
	2	20.97 a	36.91 a	38.62 a

Médias seguidas pelas mesmas letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Duncan, P=0,05. Letras minúsculas indicam a comparação de médias entre genótipos dentro de cada época de semeadura.

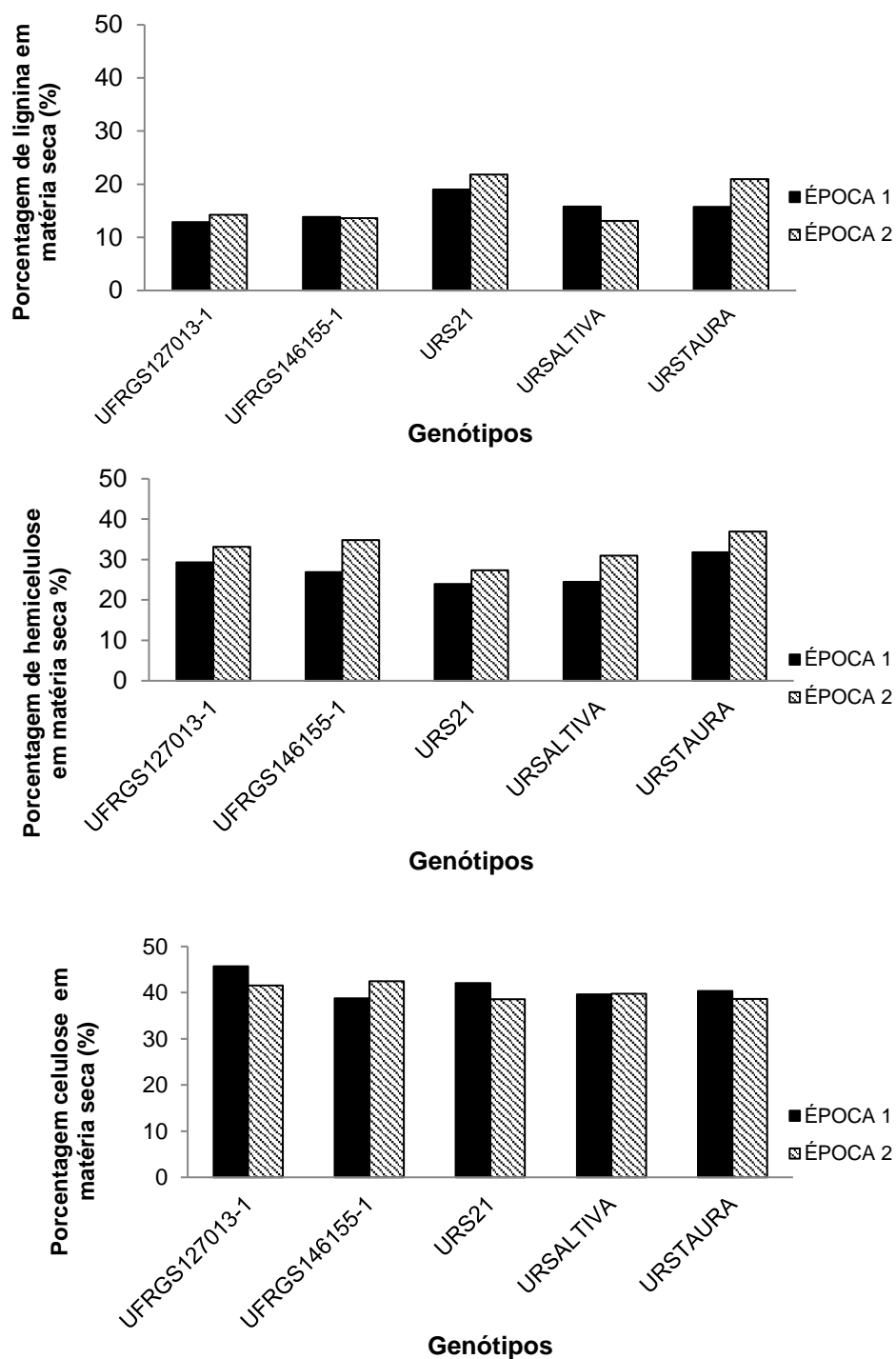


FIGURA 20. Teor dos principais componentes de parede celular em dez genótipos de aveia, em duas épocas de semeadura no ano de 2018.

4.4 Análise de correlação entre caracteres morfológicos, anatômicos e químicos do colmo de genótipos de aveia

Análise de correlação de Spearman foi realizada visando identificar o grau de associação linear entre os caracteres morfológicos e químicos, em 2017, e entre esses caracteres e caracteres anatômicos do colmo de aveia, em 2018.

No ano de 2017 foi encontrada uma correlação forte e negativa entre as medidas de espessura do colmo e comprimento do entrenó, para todos os quatro entrenós avaliados (Apendice 1). O CC também apresentou correlação elevada porém positiva com o comprimento de cada entrenó (CE1, CE2, CE3 e CE4), indicando, como esperado, que o comprimento total do colmo é associado da expansão desses entrenós basais. Houve ainda correlação forte e positiva entre as espessuras do colmo dos entrenós avaliados, bem como entre os diâmetros dos diferentes entrenós. O NE também apresentou correlação moderada negativa com a EC1, EC2, EC3 e EC4 ($r=-0,62$, $-0,57$, $-0,54$ e $-0,55$ respectivamente). Para os caracteres químicos, entre os dez genótipos avaliados, os teores de LIG apresentaram correlação positiva com (CE2, CE3, DC1 e CE1), e CEL com CC. Ainda HEM e LIG apresentaram correlação negativa entre si.

No ano de 2018 (Quadro 2) houve correlação forte e positiva entre NE e CC ($r=0,89$), NE e CE1 ($r=0,73$). Também a correlação foi forte entre DC1 com EC1 ($r=0,94$ e DC2 com EC2 ($r=0,79$), apesar de no ano de 2017 esses caracteres terem apresentado correlação não significativa. No ano de 2018 houve correlação negativa entre DC1 e DC2 com CC ($r=-0,37$ e $-0,47$, respectivamente), e EC1 e EC2 com CC ($r=-0,54$ e $-0,39$, respectivamente).

Quanto aos caracteres anatômicos, observou-se que NCPS foi correlacionado positivamente com os teores de LIG, uma vez que nestes tecidos, houve a presença desse composto nas paredes celulares. Valores negativos foram encontrados entre NCAE com DC1 ($r=-0,80$), EC1 ($r=-0,77$) e NCPS ($r=-0,66$), portanto não é o número de camadas de células neste tecido que compõe o diâmetro e espessura dos colmos dos genótipos de aveia avaliados (Quadro 2). Observa-se que ocorre uma compensação entre os tecidos em aveia, uma vez que quanto maior o número de camadas em um tecido menor em outro. Ainda, correlação negativa entre NCFM e NFV é esperada, uma vez que no

parênquima fundamental medular de aveia não ocorrem feixes vasculares (Quadro 2).

QUADRO 1. Coeficientes de correlação de Spearman para os caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro entrenó basal (CE1) comprimento do segundo entrenó basal (CE2), comprimento do terceiro entrenó basal (CE3), comprimento do quarto entrenó basal (CE4), diâmetro do primeiro entrenó basal (DC1), diâmetro do segundo entrenó basal (DC2), diâmetro do terceiro entrenó basal (DC3), diâmetro do quarto entrenó basal (DC4), espessura da parede do primeiro entrenó basal (EC1), espessura da parede do segundo entrenó basal (EC2), espessura da parede do terceiro entrenó basal (EC3), espessura da parede do quarto entrenó basal (EC4), teores de lignina (LIG),celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), em dez genótipos de aveia , sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

	CE1	CE2	CE3	CE4	EC1	EC2	EC3	EC4	DC1	DC2	DC3	DC4	CC	NE	NA	LIG	HEM	CEL
CE1		0,79**	0,60**	0,65**	-0,67**	-0,60**	-0,42**	-0,42**	0,53**	ns	ns	ns	0,70**	ns	ns	ns	ns	ns
CE2			0,87**	0,66**	-0,66**	-0,60**	-0,52**	-0,49**	0,41*	ns	ns	ns	0,75**	0,42*	ns	0,47*	ns	ns
CE3				0,78**	-0,60**	-0,55**	-0,53**	-0,59**	ns	ns	-0,45**	-0,47**	0,82**	0,45*	ns	0,40*	ns	ns
CE4					-0,57**	-0,47**	-0,44*	-0,58**	ns	-0,43*	-0,56**	-0,65**	0,74**	0,37*	ns	ns	ns	ns
EC1						0,92**	0,88**	0,84**	ns	ns	0,55**	0,52**	-0,75**	-0,62**	ns	-0,36*	ns	-ns
EC2							0,91**	0,85**	ns	ns	0,60**	0,52**	-0,69**	-0,57**	ns	ns	ns	ns
EC3								0,90**	ns	0,43**	0,66**	0,58**	-0,64**	-0,54**	ns	ns	ns	ns
EC4									ns	0,56**	0,77**	0,69**	-0,73**	-0,55**	ns	ns	0,37*	ns
DC1										0,79**	0,52**	0,55**	ns	ns	0,42*	0,37*	ns	ns
DC2											0,90**	0,90**	ns	ns	ns	ns	ns	ns
DC3												0,93**	-0,50**	ns	ns	ns	ns	ns
DC4													-0,46**	ns	ns	ns	ns	ns
CC														0,67**	ns	ns	ns	0,38*
LIG																	-0,65**	ns
HEM																		ns

QUADRO 2. Coeficientes de correlação de Spearman para os caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro entrenó basal (CE1), comprimento do segundo entrenó basal (CE2), diâmetro do primeiro entrenó basal (DC1), diâmetro do segundo entrenó basal (DC2), espessura da parede do primeiro entrenó basal (EC1), espessura da parede do segundo entrenó basal (EC2), teor de lignina (LIG), teor de celulose (CEL), teor de hemicelulose (HEM), número de camadas de células do parênquima fundamental subdérnico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT), em cinco genótipos de aveia , na densidade de 300 sementes aptas em, duas épocas de semeadura, no ano de 2018.

	CC	NE	CE1	CE2	DC1	DC2	EC1	EC2	LIG	HEM	CEL	NCPS	NCAE	NCFC	NCFM	NFV	NCT
CC		0,89**	0,82**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	-0,68*	ns	-0,60*	0,65*	ns	ns	ns	ns
NE			0,73*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	-0,66*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
CE1				0,79**	ns	ns	ns	ns	ns	-0,71*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
CE2					ns	ns	ns	ns	ns	-0,73**	ns	-	-	-	-	-	-
DC1						0,95**	0,94**	0,90**	ns	ns	ns	ns	-0,80*	ns	ns	ns	ns
DC2							0,88**	0,79**	ns	ns	ns	-	-	-	-	-	-
EC1								0,95**	ns	ns	ns	ns	-0,77**	ns	ns	ns	ns
EC2									ns	ns	ns	-	-	-	-	-	-
LIG										ns	-0,64*	0,62*	ns	ns	ns	ns	ns
HEM											ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
CEL												ns	ns	ns	ns	ns	ns
NCPS													-0,66*	ns	ns	ns	ns
NCAE														ns	ns	ns	ns
NCFC															ns	ns	ns
NCFM																-0,63*	ns
NFVT																	ns
NCT																	

4.5 Análise de regressão entre caracteres morfológicos, anatômicos e químicos do colmo de genótipos de aveia

Análise de regressão foi realizada para os caracteres em que houve correlação elevada e significativa (item 4.4), em ambos anos de condução dos estudos.

No ano de 2017, o comprimento do colmo apresentou um R^2 elevado com os comprimentos de cada um dos entrenós avaliados (CE1, CE2, CE3, CE4) (Figura 21). Já CE1 e EC1, bem como CE2 com EC2 apresentaram uma relação inversa, ou seja, quanto maior o comprimento desses entrenós, menor é a espessura do colmo nestes. O mesmo ocorreu para os teores de LIG e HEM em matéria seca. Quanto maior a percentagem de LIG menor onde quanto maior o teor de HEM.

Em 2018 nos genótipos avaliados, nas duas épocas de semeadura e nas densidades empregadas, o CE1 contribuiu para o aumento do comprimento total do colmo (CC) (R^2 0,70). Por outro lado, os teores de HEM diminuíem quando maior o aumento de CE1 e CE2 (Figura 22). O NCAE também correlacionou-se negativamente com EC1 e DC1, o que indica que não é este tecido que participa da formação de um maior diâmetro e maior espessura do colmo nos entrenós avaliados.

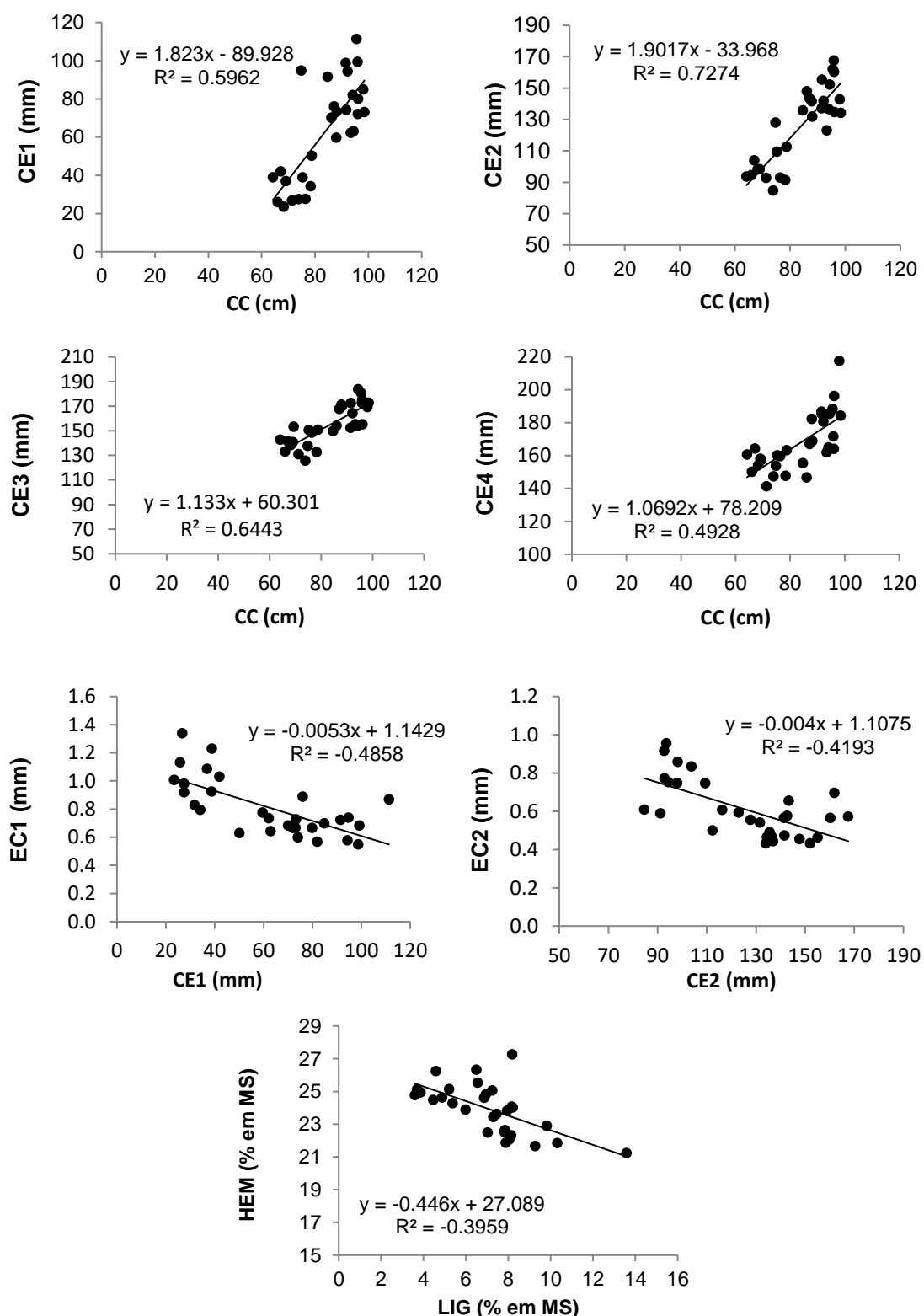


FIGURA 21. Análise de regressão baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento dos quatro entrenós basal expandidos (CE1, CE2, CE3 e CE4), espessura do colmo no primeiro e segundo entrenós basais expandidos (EC1, EC2), teor de hemicelulose (HEM) e lignina (LIG) em dez genótipos de aveia, em três densidades de semeadura, no ano de 2017.

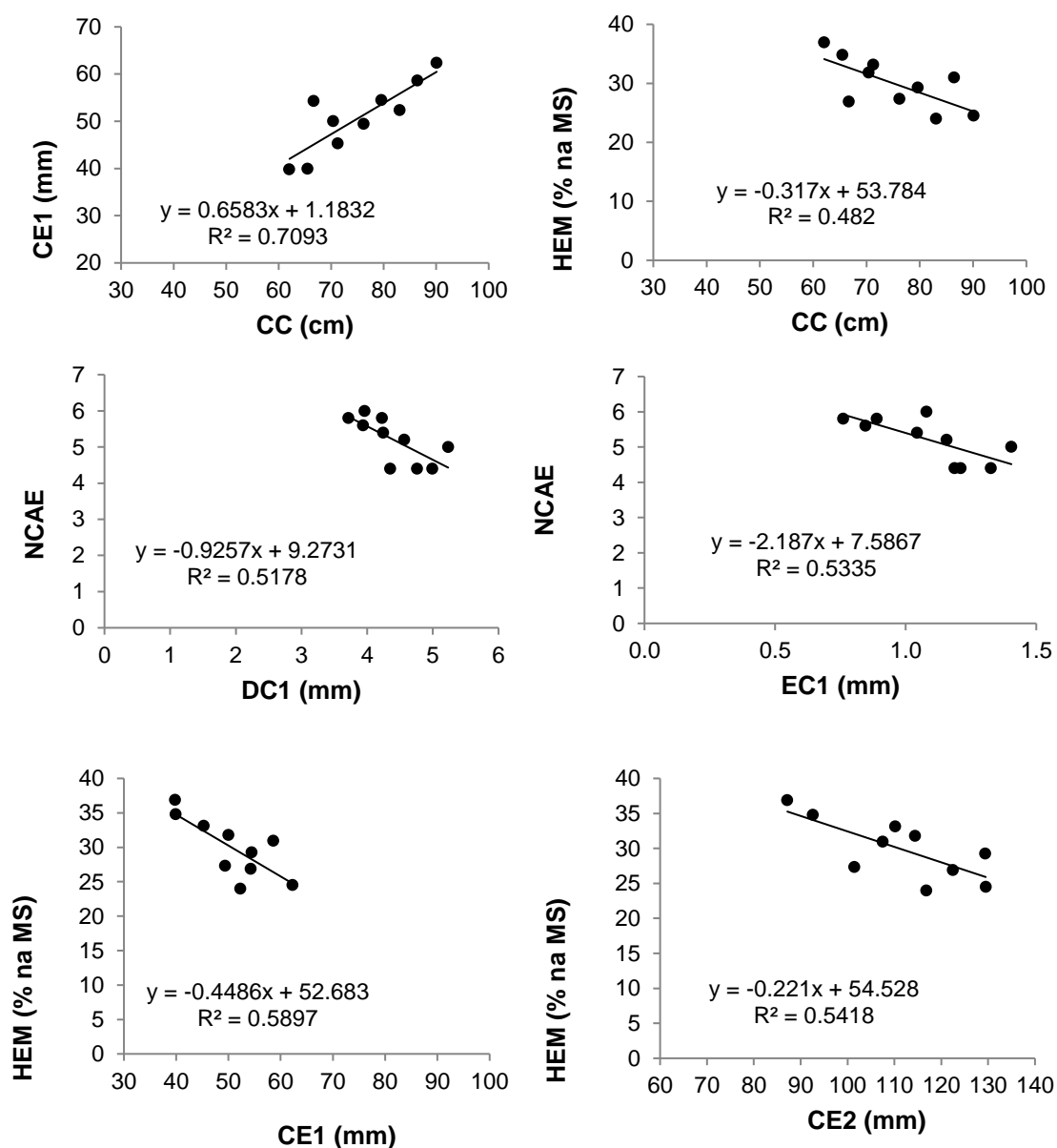


FIGURA 22. Análise de regressão baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro entrenó basal expandido (CE1), diâmetro do primeiro entrenó basal expandido (DC1) espessura do colmo no primeiro entrenó basal expandido (EC1), teor de hemicelulose (HEM) e número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE) em cinco genótipos de aveia, na densidade de 300 sementes aptas em, duas épocas de semeadura, no ano de 2018.

4.6 Análise de agrupamento de caracteres morfológicos, anatômicos e químicos em genótipos de aveia

Na primeira análise de agrupamento, foram reunidos todos os caracteres morfológicos avaliados no ano de 2017, exceto CP, PH, PMG, MSF e MSF, pois não diferiram entre genótipos. Para essa análise foi utilizada a média das três densidades de semeadura, para cada genótipo. Os dez genótipos foram agrupados em dois grandes grupos, sendo o primeiro composto somente por quatro genótipos: URS Tarimba, URS Taura, UFRGS 146155-1 e 137127-6. O segundo grupo continha os demais genótipos. No primeiro grupo, UFRGS 137127-6 considerado suscetível e URS Tarimba moderadamente suscetível foram agrupadas com dois genótipos resistentes (URS Taura e UFRGS 146155-1) (Figura 23).

Também foi testada a análise de agrupamento avaliando além dos caracteres morfológicos, os caracteres de composição da parede celular do colmo (LIG, HEM e CEL) das plantas de aveia, em 2017. Não houve diferença no agrupamento dos genótipos em relação ao agrupamento realizado somente com os caracteres morfológicos (Figura 24).

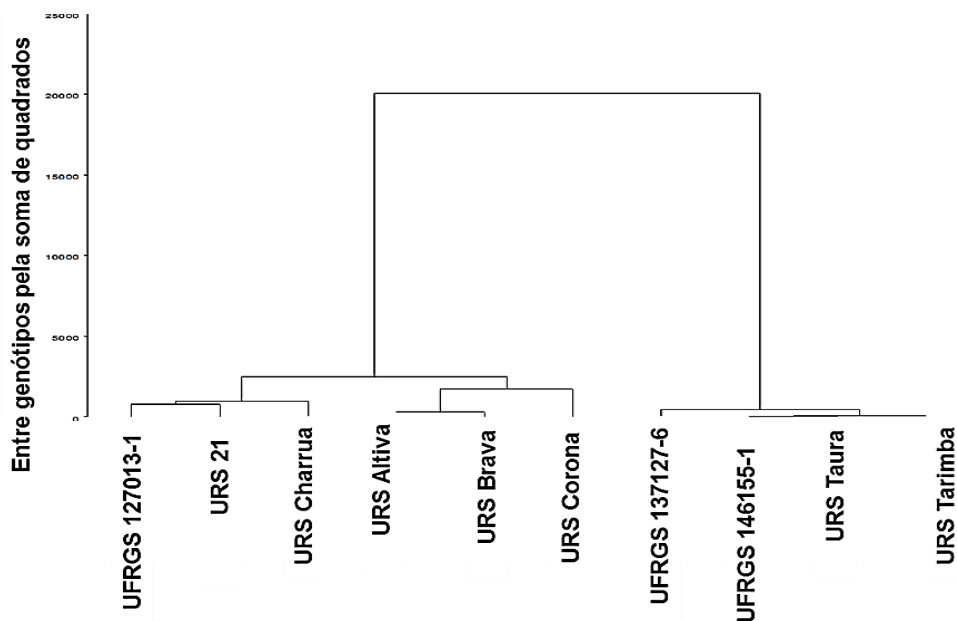


FIGURA 23. Análise de agrupamento baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento do quatro entrenós basais (CE1, CE2, CE3 e CE4), diâmetro dos quatro entrenós basais (DC1, DC2, DC3 e DC4), espessura da parede do quatro entrenós basais (EC1, EC2, EC3 e EC4), de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

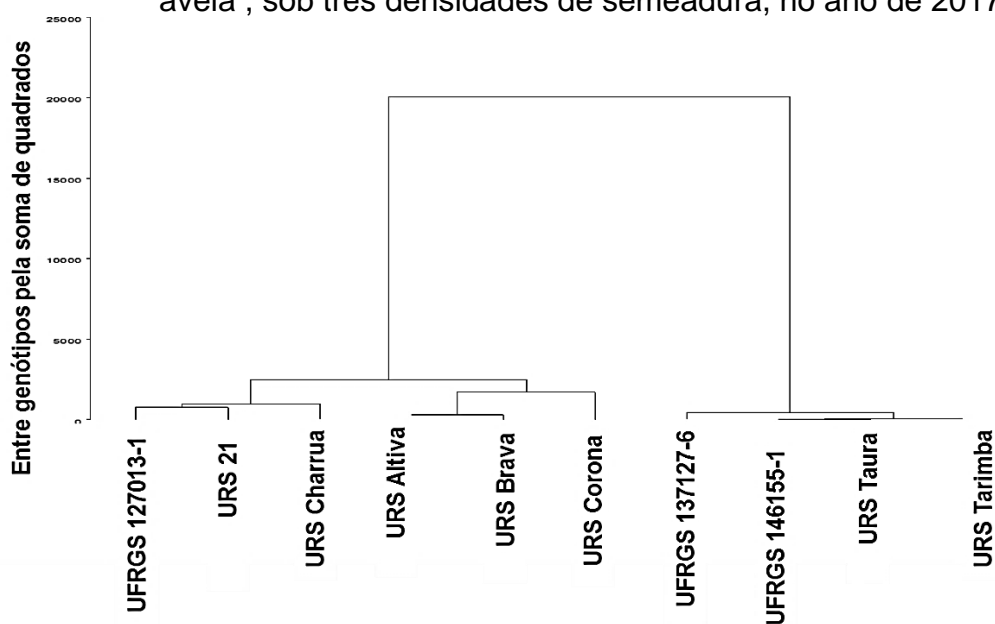


FIGURA 24. Análise de agrupamento baseada nas médias dos caracteres comprimento do colmo (CC), comprimento dos quatro entrenós basais (CE1, CE2, CE3 e CE4), diâmetro dos quatro entrenós basais (DC1, DC2, DC3 e DC4), espessura da parede dos quatro entrenós basais (EC1, EC2, EC3 e EC4), teores de lignina (LIG), hemicelulose (HEM) e celulose (CEL), de dez genótipos de aveia, sob três densidades de semeadura, no ano de 2017.

No ano de 2018, foi realizada análise de agrupamento com os cinco genótipos selecionados para o estudo. Primeiramente foi realizada análise somente com os dados coletados sobre a morfologia, como em 2017, utilizando-se as médias de cada genótipo em cada época de semeadura, incluindo as três densidades de semeadura em cada média. A análise de agrupamento formou dois grandes grupos, onde URS Taura e UFRGS 146155-1, em ambas as épocas de semeadura, permaneceram no mesmo grupo. O segundo grupo foi formado pelos genótipos URS 21, URS Altiva e UFRGS 127013-1. Esse segundo grande grupo foi formado por dois subgrupos, onde um subgrupo foi formado por URS 21 e URS Altiva, enquanto o segundo subgrupo foi formado apenas pelo genótipo UFRGS 127013-1. No subgrupo de URS 21 e URS Altiva, formou-se um grupo ainda menor que incluiu ambas cultivares na época 1 de semeadura, o qual foi mais próximo de URS Altiva na segunda época, enquanto URS 21 manteve-se mais distante nesse subgrupo (Figura 25).

Para realizar a análise de agrupamento incluindo as médias dos caracteres anatômicos, além dos caracteres morfofisiológicos, foi utilizada somente a densidade de 300 sementes m^{-2} , pois os dados de caracteres anatômicos foram coletados somente nesta densidade. Nesta análise, novamente, formaram-se dois grandes grupos, porém URS Taura e UFRGS 146155-1 permaneceram isolados dos demais genótipos somente na segunda época de cultivo (Figura 28). Cabe ressaltar que URS Taura e UFRGS 146155-1, na primeira época de cultivo, apresentaram maior similaridade com UFRGS 127013-1 na segunda época de semeadura (Figura 26).

Quando foi realizada a análise baseada nas médias gerais de genótipos de 2018, ou seja, nas médias das densidades e épocas de semeadura, para os caracteres morfofisiológicos e químicos, formaram-se dois grandes grupos. Um grupo incluiu URS Taura e UFRGS 146155-1, bastante similares entre si, e outro grupo foi formado por URS Altiva, URS 21 e UFRGS 127013-1, sendo que URS Altiva foi mais dissimilar aos outros dois genótipos, desse subgrupo (Figura 27). O mesmo padrão de agrupamento foi alcançado quando a análise foi realizada somente na densidade de 300 sementes m^{-2} e adicionando os caracteres anatômicos avaliados, na média das duas épocas de semeadura (Figura 28).

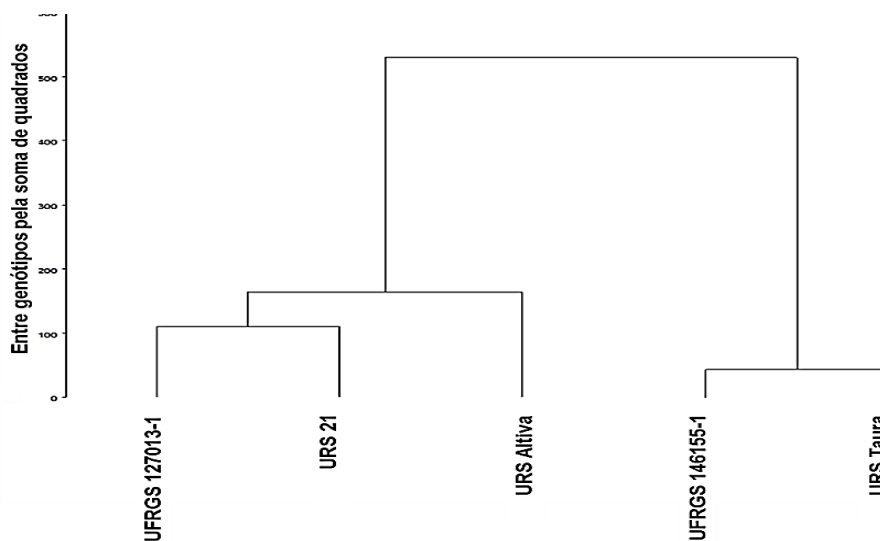


FIGURA 25. Análise de agrupamento, de cinco genótipos de aveia , baseada na média gerais dos caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo entrenós basais (CE2), diâmetro do primeiro (DC1) e segundo entrenós basais (DC2), espessura da parede do primeiro (EC1) e segundo entrenós basais (EC2) sob três densidades e duas épocas de semeadura, no ano de 2018.

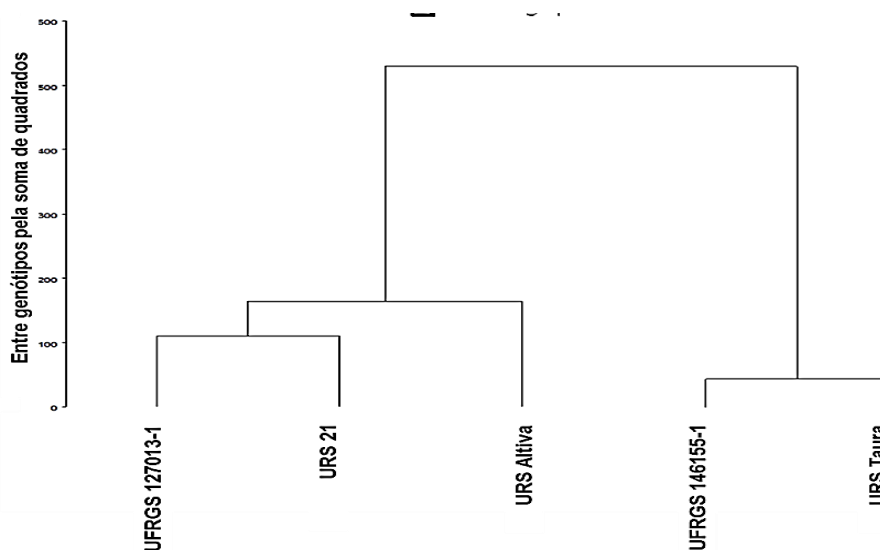


FIGURA 26. Análise de agrupamento, de cinco genótipos de aveia , baseada na média gerais dos caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo entrenós basais (CE2), diâmetro do primeiro (DC1) e segundo entrenós basais (DC2), espessura da parede do primeiro (EC1) e segundo entrenós basais (EC2), teores de lignina (LIG), celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), sob três densidades e duas épocas de semeadura, no ano de 2018.

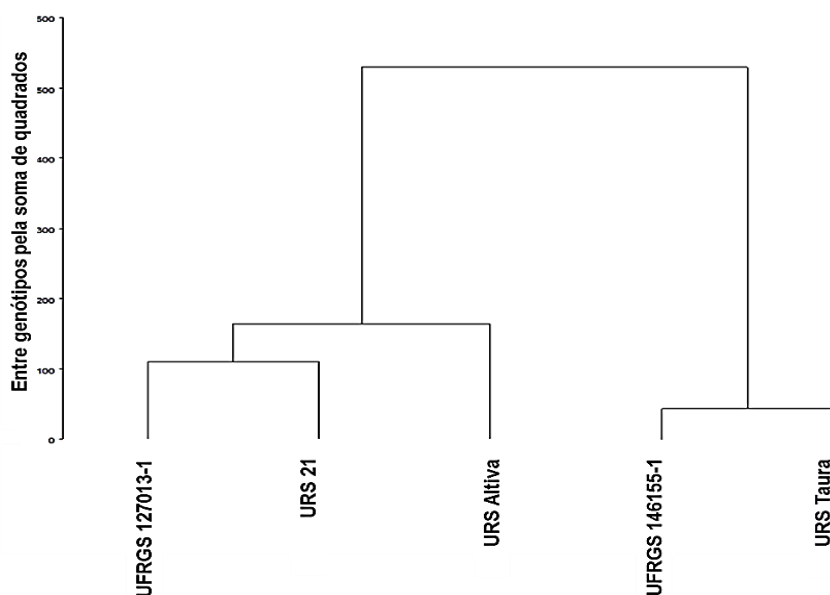


FIGURA 27. Análise de agrupamento, de cinco genótipos de aveia , baseada nas médias gerais dos caracteres número de entrenós (NE), comprimento do colmo (CC), comprimento do primeiro (CE1) e segundo entrenós basais (CE2), diâmetro do primeiro (DC1) e segundo entrenós basais (DC2), espessura da parede do primeiro (EC1) e segundo entrenós basais (EC2), teores de lignina (LIG), celulose (CEL) e hemicelulose (HEM), número de camadas de células do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), número de camadas de células do anel de esclerênquima (NCAE), número de camadas de células do parênquima fundamental cortical (NCFC), número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), número de feixes vasculares totais (NFVT) e número de camadas de células totais (NCT), na densidade de 300 sementes aptas e em duas épocas de semeadura, no ano de 2018.

4.7 Análise do acamamento de plantas e dados climatológicos

No ano de 2017, o acamamento de plantas após o florescimento pleno foi acompanhado nas parcelas a campo. Após a segunda avaliação de acamamento, devido a dois temporais com rajadas de vento com velocidades próximas a 100 km h^{-1} e precipitação intensa, houve perda dos dados experimentais, pois os dosséis estavam completamente acamados. No ano de 2018, a primeira vez que se observou acamamento foi em torno de 10 a 12 dias após o florescimento pleno dos genótipos, correspondendo a data da primeira avaliação (29/09/2018), para a primeira época de semeadura. Já as avaliações na segunda época de semeadura iniciaram 10 dias após a primeira época, a qual correspondia ao florescimento pleno desta. As avaliações foram realizadas a cada 10 dias, quando foi anotado o ângulo de inclinação das plantas (AA), em relação a uma linha perpendicular ao solo, e a porcentagem da parcela que continha plantas acamadas (PA). Esses dados foram convertidos para um índice de acamamento (IA), conforme descrito no item 3.5. Os dados encontram-se nas Tabelas 17, 18, 19, 20 e 21. As avaliações seguiram até dia 01 de novembro, quando as plantas encontravam-se no estágio de maturação plena, logo antes da colheita, em ambas as épocas de semeadura.

O acamamento de plantas, não é algo uniforme na comunidade de plantas. Ocorre em diferentes intensidades dentro de uma mesma área, por isso cada genótipo foi avaliado em quatro repetições, dentro da mesma densidade de semeadura, e em cada época de semeadura. Na segunda época de semeadura, as plantas acamaram menos em relação à primeira época. Em ambas as épocas, UFRGS 127013-1 foi o genótipo que apresentou os maiores índices de acamamento nas avaliações realizadas até a colheita (Tabela 17), independente da densidade e repetição avaliada, seguido de URS Altiva e URS 21 (Tabelas 18 e 19). URS Taura e UFRGS 146155-1 apresentaram baixos índices de acamamento, sendo observado acamamento em poucas parcelas avaliadas (Tabelas 20 e 21).

TABELA 19. Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia UFRGS 127013-1, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.

Gen	Dens	Epo	Rep	Data de avaliação												
				29/09/2018			09/10/2018			25/10/2018			01/11/2018			
				PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	
UFRGS 127013-1	150	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	45	15
			2	5	70	1	40	40	22	60	40	33	90	50	40	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	60	33
			4	0	0	0	2	30	1	5	30	3	90	60	30	
UFRGS 127013-1	300	1	1	0	0	0	0	0	0	30	20	23	90	70	20	
			2	0	0	0	0	0	5	60	2	60	60	20		
			3	20	30	13	30	25	22	50	20	39	50	20	39	
			4	0	0	0	0	0	0	10	30	7	80	70	18	
UFRGS 127013-1	450	1	1	0	0	0	0	0	5	40	3	100	60	33		
			2	10	30	7	30	30	20	40	15	33	40	15	33	
			3	50	20	39	60	20	47	70	20	54	80	45	40	
			4	5	30	3	10	30	7	30	30	20	30	12	26	
UFRGS 127013-1	150	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	45	15	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	90	50	40	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	60	33	
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	90	60	30	
UFRGS 127013-1	300	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	90	70	20		
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	60	60	20		
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	80	70	18		
UFRGS 127013-1	450	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	60	33	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	80	45	40		
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		

TABELA 20. Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia URS 21, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.

Gen	Den	Epo	Rep	Data de avaliação												
				29/09/2018			09/10/2018			25/10/2018			01/11/2018			
				PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	
URS 21	150	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	45	10
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	90	60	30
			3	5	45	3	20	30	13	30	30	20	30	70	7	
			4	0	0	0	5	45	3	4	40	2	0	0	0	
URS 21	300	1	1	0	0	0	2	30	1	10	30	7	30	70	7	
			2	0	0	0	2	30	1	5	45	3	5	45	3	
			3	0	0	0	5	45	3	10	30	7	30	4	29	
			4	0	0	0	10	60	3	5	40	3	40	1	39	
URS 21	450	1	1	0	0	0	20	40	11	50	30	33	30	60	10	
			2	0	0	0	10	30	7	30	40	17	30	40	17	
			3	2	45	1	10	30	7	30	30	20	30	70	7	
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
URS 21	150	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	45	10
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	90	60	30
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS 21	300	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	70	7
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	70	7
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS 21	450	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	60	10
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	70	7
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

TABELA 21. Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia URS Altiva, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.

Gen	Den	Epo	Rep	Data de avaliação											
				29/09/2018			09/10/2018			25/10/2018			01/11/2018		
				PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA
URS Altiva	150	1	1	0	0	0	5	30	3	10	45	5	100	70	22
			2	0	0	0	0	0	5	70	1	80	45	40	
			3	5	30	3	10	40	6	10	30	7	50	50	22
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Altiva	300	1	1	0	0	0	5	45	3	5	60	2	5	60	2
			2	15	30	10	30	40	17	30	40	17	30	40	17
			3	0	0	0	20	30	13	20	30	13	20	30	13
			4	15	45	8	20	60	7	20	60	7	20	60	7
URS Altiva	450	1	1	0	0	0	30	40	17	30	30	20	30	30	20
			2	0	0	0	20	40	11	20	30	13	20	30	13
			3	10	45	5	30	45	15	50	40	28	40	14	34
			4	0	0	0	10	30	7	10	30	7	0	0	0
URS Altiva	150	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	70	22
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	80	45	40
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50	50	22
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Altiva	300	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Altiva	450	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

TABELA 22. Porcentagem de plantas acamadas (PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia UFRGS 146155-1, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.

Gen	Dens	Epo	Rep	Data de avaliação													
				29/09/2018			09/10/2018			25/10/2018			01/11/2018				
				PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA		
UFRGS 146155-1	150	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UFRGS 146155-1	300	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UFRGS 146155-1	450	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UFRGS 146155-1	150	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	70	80	8	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UFRGS 146155-1	300	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
UFRGS 146155-1	450	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	70	4	

TABELA 23. Porcentagem de plantas acamadas(PA), ângulo de acamamento (AA) e índice de acamamento (IA) do genótipo de aveia URS Taura, sob três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.

Gen	Dens	Epo	Rep	Data de avaliação													
				29/09/2018			09/10/2018			25/10/2018			01/11/2018				
				PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA	PA (%)	AA (°)	IA		
URS Taura	150	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Taura	300	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Taura	450	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	60	10	
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Taura	150	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Taura	300	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
URS Taura	450	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
			3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	60	10	
			4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Na Figura 28 são apresentados os dados climáticos relacionados às velocidades de vento após o florescimento das plantas no experimento de 2018. Observa-se que no dia 11 de setembro houve a maior velocidade média de vento registrada durante a condução dos experimentos. Neste dia, não houve registro de acamamento nas parcelas. Uma hipótese é que nesta data as plantas ainda não se encontravam na fase de florescimento, portanto possuindo menor suscetibilidade. A primeira avaliação ocorreu após dois dias de velocidade média de 20 km h^{-1} , resultando nas primeiras plantas acamadas no experimento. Na segunda avaliação não foram registradas médias elevadas de vento. A terceira avaliação ocorreu após a incidência de ventos com mais de 20 km h^{-1} , e a quarta, e última, com ventos de mais de 15 km h^{-1} , em média. Desse modo, aumentou a porcentagem e o ângulo de plantas acamadas, principalmente no genótipo suscetível UFRGS 127013-1 (Tabela 17).

A média de temperatura durante os meses de condução do experimento foi de 16°C , e a precipitação acumulada nos meses de setembro, quando iniciou o florescimento, até a colheita foi de 262 mm. Mais detalhes podem ser observados na Figura 29. Houve registro de precipitação de mais de 40 mm nos dias anteriores à primeira avaliação, fato que pode ter contribuído para dar início ao acamamento das plantas, aliado ao estágio de desenvolvimento, mais suscetível à ocorrência do fenômeno.

Visando associar o acamamento de plantas com os dados climáticos, nos dias em que a precipitação e a velocidade do vento foram intensas, foram observados os dados de hora em hora para avaliar o que ocorreu nesses dias. Foram encontradas, nos dias 23 e 24 de setembro, rajadas de vento de mais de 50 km h^{-1} , demonstrando que estas podem ter auxiliado no acamamento das plantas no experimento. Já no dia 31 de outubro houve ventos com intensidade de cerca de 40 km h^{-1} (Apêndices 15 e 16). Esses fatores associados com a aproximação da época da colheita, em que as plantas perdem sua flexibilidade, podem ter ocasionado os índices de acamamento avaliados no experimento, principalmente no genótipo suscetível. Não foi observado efeito direto da precipitação no acamamento de plantas, uma vez que chuvas intensas não foram registradas em um curto período de tempo.

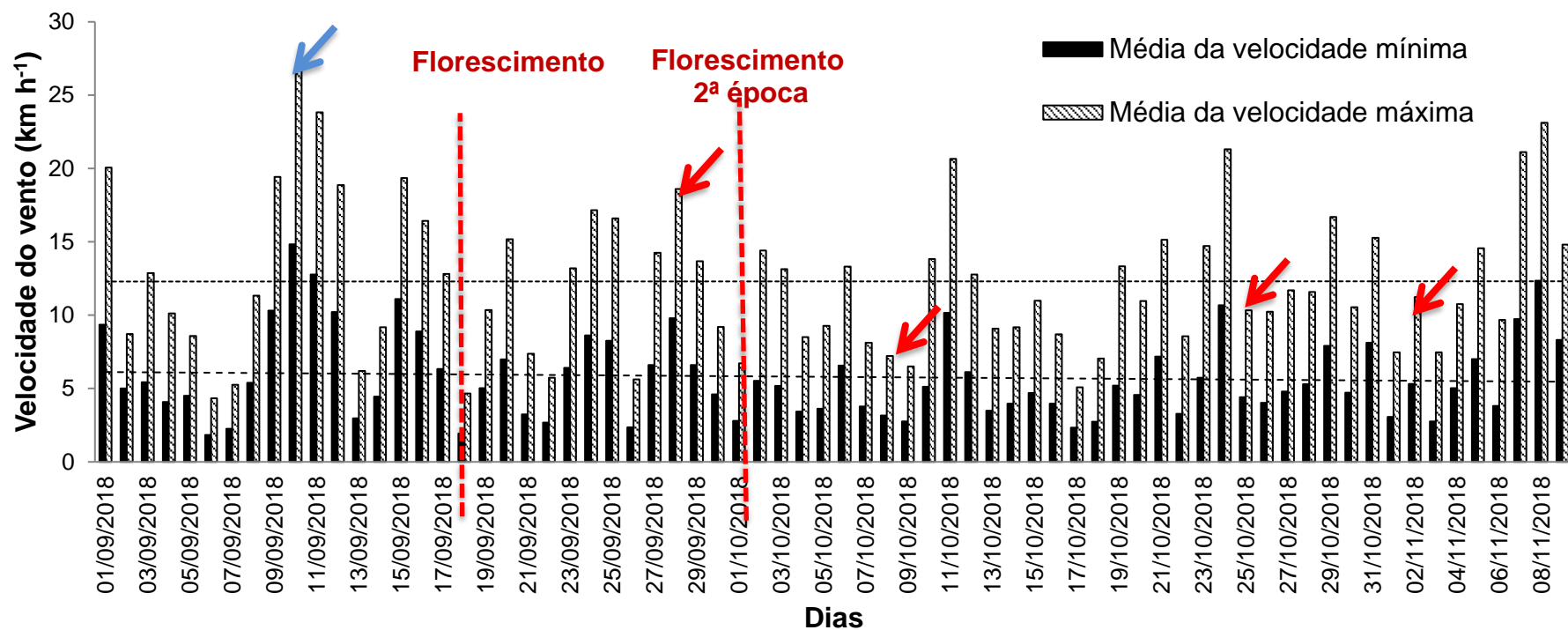


FIGURA 28. Velocidades diárias médias das máximas e mínimas do vento, registradas no experimento do estádio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Seta em azul representa a velocidade máxima de vento ocorrida. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Linhas pretas pontilhadas indicam as médias das mínimas e máximas. Eldorado do Sul, 2018.

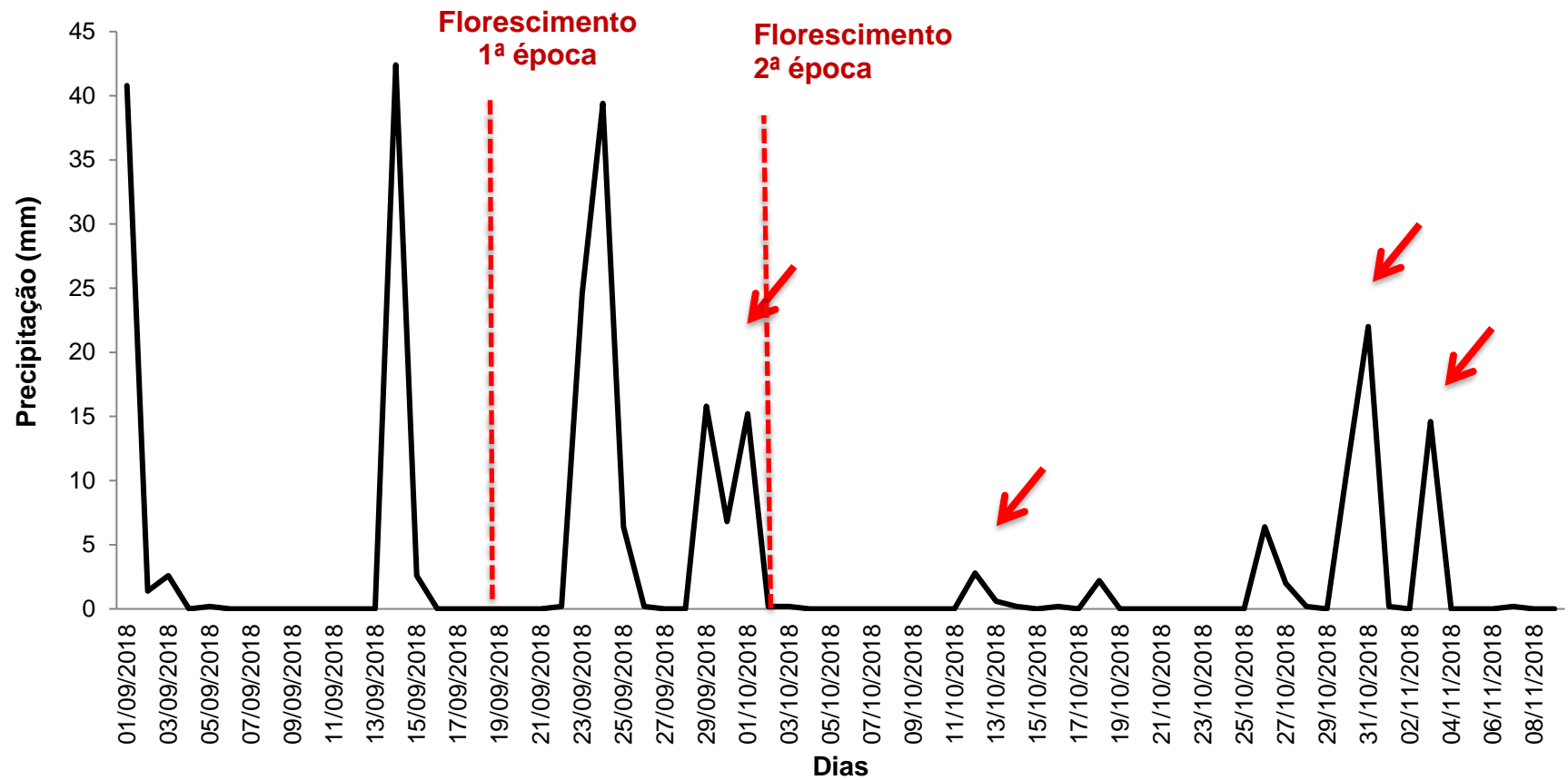


FIGURA 29. Precipitação registrada no experimento do estágio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Eldorado do Sul, 2018.

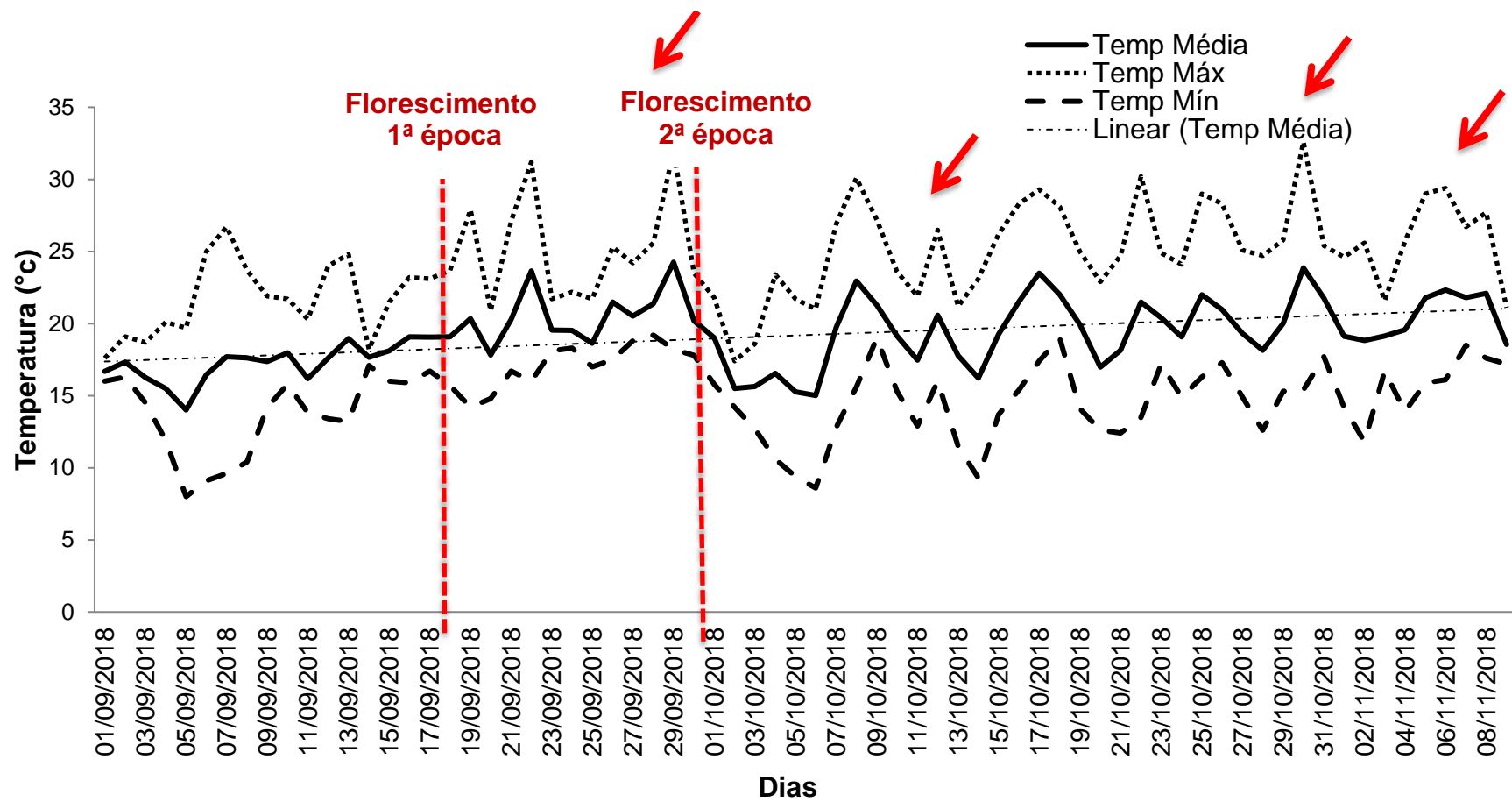


FIGURA 30. Temperaturas máximas, médias e mínimas diárias, do estágio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Eldorado do Sul, 2018.

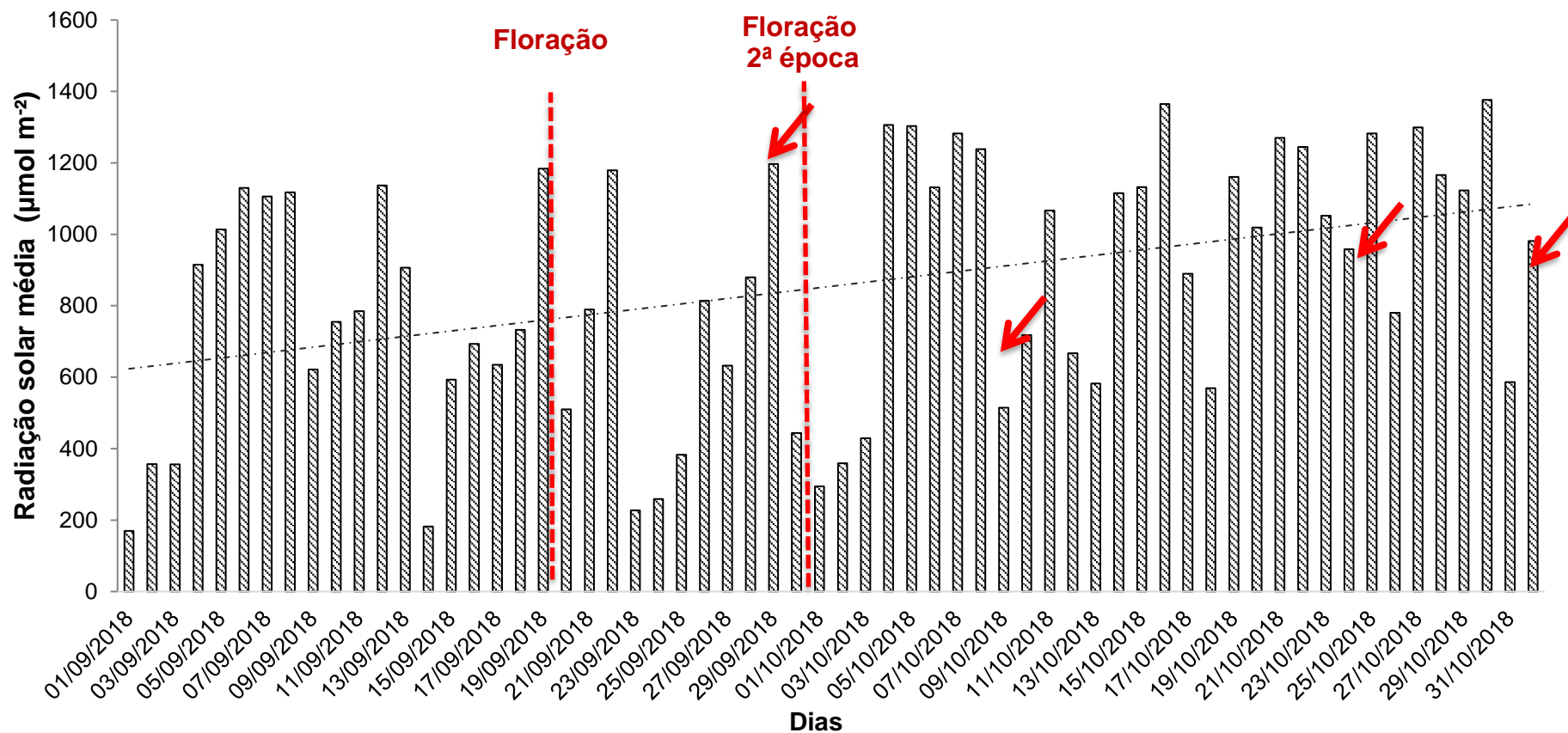


FIGURA 31. Radiação solar média diária registrada no experimento do estágio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Linha vermelha pontilhada indica o florescimento. Linha pontilhada em preto representa a média da radiação solar. Eldorado do Sul, 2018.

5 DISCUSSÃO

A análise morfológica demonstrou que a estatura da planta é formada pela soma dos entrenós expandidos. URS 21, URS Charrua e UFRGS 127013-1 apresentaram os maiores valores de CC no ano de 2017 (maior que 90 cm), não diferindo estatisticamente entre si (Tabela 5). Esses genótipos variam entre moderadamente suscetível (URS 21 e URS Charrua) à suscetível ao acamamento (UFRGS 127013-1). Porém, URS Altiva e URS Brava, que são moderadamente resistentes ao acamamento, também tiveram comprimento de colmo elevado em 2017, cerca de 87 cm (Tabela 5), demonstrando que estatura, sozinha, não é capaz de predizer a resistência ao acamamento. Do mesmo modo, UFRGS 137127-6 teve o menor comprimento do colmo em 2017 (Tabela 5), sendo suscetível ao acamamento, embora o seu acamamento seja do tipo acamamento de raiz, e não relacionado ao colmo. Genótipos com maior estatura de planta podem ser mais suscetíveis ao acamamento (Li *et al.*, 2016).

URS Tarimba, URS Taura, UFRGS 146155-1, UFRGS 137127-6 apresentaram os menores comprimentos de entrenós, tanto para o primeiro quanto para o segundo entrenó basal, independente da densidade empregada, no ano de 2017 (Tabela 5). No ano de 2018 os genótipos avaliados não apresentaram diferenças entre si, dentro de cada densidade de semeadura, principalmente na primeira época de semeadura e independente da densidade empregada (Tabela 8). No ano de 2018, os genótipos em geral cresceram menos que no ano de 2017, possivelmente devido à influência do ambiente sob esta característica, o que pode resultar em entrenós basais com menor comprimento. UFRGS 127013-1 apresentou uma redução significativa para CE1 do ano 2017 para 2018, sendo que neste último ano não diferiu de URS Taura que é resistente

ao acamamento. Outros estudos também relatam um efeito significativo de entrenós mais curtos em genótipos resistentes ao acamamento, principalmente do primeiro entrenó basal (Dunn; Briggs 1989; Zuber *et al.*, 1999; Shah *et al.*, 2017).

Em 2017, A maioria dos genótipos, não diferiu quanto ao número de entrenós expandidos (Tabela 6), indicando que o comprimento do colmo e, conseqüentemente, a estatura de planta são dependentes do comprimento dos entrenós. As exceções foram os genótipos UFRGS 137127-6 e URS Altiva, que apresentaram cerca de um entrenó a menos que os demais genótipos em 2017. Entretanto, UFRGS 137127-6 é de estatura baixa enquanto URS Altiva tem estatura elevada, o que reforça a importância maior do comprimento dos entrenós para a formação da estatura da planta. No ano de 2018, URS Altiva apresentou o maior CC e também um maior número de entrenós expandidos.

Berry, Sylvester-Bradley e Berry (2007) relataram que a estatura ideal de plantas em trigo, visando um ideotipo resistente ao acamamento, situava-se entre 0,7 e 1,0 m. Alguns genótipos como UFRGS 127013-1, URS 21, URS Charrua, URS Brava, URS Altiva URS Corona apresentam maior estatura de planta quando somado CC ao CP (dados não apresentados). No entanto, alguns estudos não encontraram relação entre estatura e maior resistência ao acamamento (Mukherjee *et al.*, 1980; Zuber *et al.*, 1999). Contudo, Kashiwagi *et al.* (2005) afirmaram que, sob presença de vento e chuva, estaturas mais elevadas podem levar mais facilmente ao acamamento das plantas, sendo portanto a baixa estatura uma característica que deve ser selecionada para resistência.

Em relação a espessura do colmo nos diferentes entrenós avaliados, os maiores valores no ano de 2017, foram encontradas nos genótipos URS Taura, UFRGS 146155-1 e UFRGS 137127-6, esse último suscetível ao acamamento (Tabela 6). Segundo informações do programa de melhoramento da UFRGS (dados não apresentados), a linhagem UFRGS 137127-6 possui acamamento de raiz, sendo portanto sua suscetibilidade ao acamamento não relacionada ao colmo. No entanto esse genótipo, quando avaliado no ano de 2017 quanto aos

teores de lignina, apresentou os menores valores desse composto estrutural entre os dez genótipos avaliados (Tabela 17). No ano de 2018, URS Taura e UFRGS 146155-1 também apresentaram os maiores valores de EC1 (Tabela 8). UFRGS 146155-1, obteve EC2 superior, nas duas épocas de semeadura, em 2018 (Tabela 8). Além disso, em 2018, URS Altiva e URS Taura, depois de 146155-1, apresentaram as maiores espessuras do colmo no segundo entrenó basal expandido. Analisando esse conjunto de resultados, há um forte indício de que EC é importante para maior resistência ao acamamento neste conjunto de genótipos. Bonett (1961) relata que o fato do parênquima fundamental na região cortical se tornar mais estreito a partir do segundo entrenó (Tabela 6 e 8), reforça a hipótese dos entrenós basais possuírem maior papel na resistência ao acamamento e no suporte da planta.

Os nossos dados reforçam a importância da espessura colmo nos entrenós basais com a relação de resistência ao acamamento, relatada em estudos com outras espécies, como trigo e arroz (Kong *et al.*, 2013; Dunn; Briggs, 1989; Shah *et al.*, 2017). Conforme proposto por Kong *et al.*, (2013), a espessura colmo deve estar associada ao diâmetro do colmo, o que resulta em maior preenchimento dos entrenós basais. Contudo, Berry *et al.* (2003b) relataram que devido à baixa correlação positiva entre o diâmetro do colmo e a espessura do colmo, há dificuldade na incorporação desses dois caracteres em um único genótipo. Ao avaliar correlações entre 10 genótipos entre diâmetro e espessura da parede, foram encontradas correlações fracas ou não significativas no ano de 2017 (Quadro 1). Porém, essas correlações aumentaram significativamente no ano de 2018, ao avaliar um menor número de genótipos (Quadro 2).

Em relação ao diâmetro do colmo, independente da densidade empregada, os maiores valores para diâmetro do primeiro entrenó (DC1) não foram atribuídos aos genótipos com maiores resistências ao acamamento de plantas no ano de 2017. URS Charrua, URS Corona e URS 21 apresentaram os maiores valores para DC1, sendo estas moderadamente suscetíveis ao acamamento. Não houve diferença estatística entre os genótipos suscetíveis e

resistentes (Tabela 7). Já no ano de 2018 ocorreu o inverso, URS Taura e UFRGS 146155-1 (resistentes) apresentaram os maiores valores para DC1 independente da densidade empregada (Tabela 8). Esses resultados vão de encontro à ideia de que um maior diâmetro do colmo é necessário para uma maior resistência ao acamamento. Kelbert *et al.* (2004) e Dunn; Briggs (1989) não encontraram associação entre diâmetro do colmo e resistência ao acamamento em genótipos e trigo trigo. Em contrapartida, vários estudos relataram correlação positiva entre o diâmetro do colmo e a resistência ao acamamento em diferentes culturas (Norden; Frey 1959; Jellum, 1962; Zuber *et al.*, 1999; Kashiwagi; Ishimaru, 2004; Shah *et al.*, 2017). Desse modo, seleção com base no diâmetro do colmo não deve ser a única forma de avaliar a resistência ao acamamento. O caráter diâmetro do colmo é instável entre anos, como observado em nosso estudo. Portanto, somente um ano de avaliação não é suficiente para afirmar se este caráter é realmente confiável para seleção para resistência.

Em relação aos coeficientes de variação encontrados em nosso estudo, revelam a natureza da variação das características avaliadas (Tabelas 2, 3 4 e 5). Medidas em milímetros cuja amplitude é pequena, como por exemplo CE (1 e 2) e EC (1, 2 3 e 4), a variação se torna maior, do que medidas de amplitude maior (CC, CE3, CE4, NE). Já os dados avaliados em que dependem diretamente da condução dos experimentos, como MSF, MSC, PP, NA apresentaram um CV(%) elevado devido a influencia do ambiente.

Berry *et al.* (2003b) relataram que em trigo foram encontradas grandes variações para os caracteres de colmo. Contudo, essas características carecem de mais estudos para maior entendimento entre a relação desses caracteres entre si e com o acamamento. Em aveia a situação torna-se ainda mais complicada, pois há poucos trabalhos publicados, quando comparado a outros cereais de maior importância econômica. Isso dificulta ainda mais a reunião de informações sobre como o acamamento ocorre na espécie.

Embora as concentrações de lignina, através da histologia em aveia, tenham sido relacionadas com a resistência ao acamamento (Figuras 15, 16 e

17), dados quantitativos tomados isoladamente não conseguem explicar a resistência dos genótipos (Tabela 17 e 18). Não foram encontradas relações entre níveis de resistência ao acamamento e teores de lignina em ambos os anos de avaliação. URS Taura e UFRGS 127013-1, genótipos resistente e suscetível ao acamamento, respectivamente, não apresentaram diferença nos teores de lignina, nas três densidades empregadas, no ano de 2017 (Tabela 18). No ano de 2018, URS Taura e UFRGS 127013-1 diferiram somente para a segunda época de semeadura (Tabela 18). URS 21 apresentou os maiores teores de lignina dos genótipos avaliados no ano de 2018, em ambas as épocas, enquanto que no ano de 2017 apresentou o maior teor de lignina apenas na densidade de 300 sementes aptas m⁻². Esse genótipo é considerado moderadamente suscetível, e apresentou acamamento no ano de 2018 (Tabela 20).

Para hemiceluloses e celulose não houve diferença significativa entre genótipos resistentes e suscetíveis nos dois anos de avaliação (2017 e 2018) (Tabela 18 e 19). Estes resultados indicam que em aveia, separadamente, essas características não explicam os níveis de resistência entre os genótipos, corroborando os resultados encontrados nas análises de agrupamento de dados, nas Figuras 23, 24, 25, 26 e 27 do item 4.6. Não houve diferença na formação dos grupos de genótipos, adicionando ou não os dados dos componentes químicos na análise 2017 e 2018. Alguns autores também não encontraram relação desses componentes estruturais com resistência ao acamamento em outras culturas, como arroz (Kashiwagi *et al.*, 2006) e trigo (Kong *et al.*, 2013). Cabe ressaltar que o corante Azul de Astra utilizado neste estudo identifica somente pectinas ácidas. Outros tipos de pectinas podem possuir relação com resistência ao acamamento. Da mesma forma, hemiceluloses podem ser importantes componentes para a resistência, porém não foi possível identificá-los através de técnicas de histologia básica com auxílio de corantes e reagentes como neste estudo. Uma técnica adequada para a localização desses compostos é a imunolocalização.

Em alguns estudos, a curvatura do colmo foi correlacionada positivamente com os teores de celulose e lignina em arroz (Zhang *et al.*, 2010),

e lignina em trigo (Sterling *et al.*, 2003; Peng *et al.*, 2014). Em milho, Li *et al.* (2016) encontraram baixa correlação do teor de hemicelulose com teores de lignina (0,24) e de celulose (0,26), enquanto que celulose se correlacionou positivamente com lignina (0,85). No presente estudo foram encontradas correlações significativas entre os teores de lignina e hemicelulose (-0,65) no ano de 2017 (Quadro 1) e lignina e celulose (-0,64) no ano de 2018 (Quadro 2).

Cabe ressaltar que a determinação química da lignina possui uma série de dificuldades e, muitas vezes, os resultados são mascarados por artefatos na técnica de extração. Como observado por Lacerda (2001), diferentes métodos de extração de lignina em genótipos de aveia resultaram em resultados diferentes. Embora em ambos os anos e laboratórios, o método utilizado tenha sido igual (Silva & Queiroz, 2009), as diferenças entre genótipos com relação aos valores de um laboratório para o outro foram elevadas, o que pode ter influenciado no resultado dos dados obtidos neste estudo.

Em arroz, Zhang *et al.* (2010), ao avaliar a média de dois anos, em dois locais distintos, concluíram que o maior acúmulo de carboidratos estruturais, principalmente lignina resultou em uma maior resistência ao acamamento.

A anatomia da planta de aveia consiste na epiderme externa, parênquima fundamental cortical, dois anéis de feixes vasculares e parênquima fundamental medular. Essa estrutura anatômica está descrita no item 4.2 e também é ilustrada por Bonett (1961) e Esau (1973).

Nos cortes histológicos realizados neste estudo foi encontrada a presença de camadas de célula de parênquima subdérmico nos genótipos resistentes e moderadamente resistentes. O genótipo UFRGS 127013-1 não apresentou parênquima fundamental subdérmico desenvolvido (Figura 11 a 18). Esse genótipo caracteriza-se por possuir suscetibilidade ao acamamento, sendo, portanto, um diferencial anatômico de importância para a resistência. Kong *et al.* (2013) e Kelbert *et al.* (2004) também encontraram diferenças significativas entre genótipos de trigo nos tecidos parenquimáticos. Genótipos que continham colmo sólido e resistência ao acamamento apresentaram parênquima fundamental subdérmico. Dunn e Briggs (1989) relatam que a estabilidade do colmo aumenta

com a espessura da camada do parênquima e que os efeitos mecânicos dos fatores ambientais, como vento e chuva, podem ser absorvidos por esse tecido, sem que ocorram danos.

Além disso, foi encontrada a presença de lignina nas células do parênquima fundamental subdérmico, quando presente, e no parênquima fundamental cortical (Figuras 11 a 14). Esse composto estrutural pode ajudar a reforçar as paredes celulares desses tecidos do colmo, resultando em maior resistência a danos mecânicos. Ao avaliar anatomicamente colmos de festuca (*Festuca arundinacea*), Akin *et al.* (1987) verificaram que, na maturação, os tecidos parenquimáticos podem tornar-se lignificados. Genótipos de sorgo também apresentaram lignina em células de parênquima, porém com níveis mais baixos, em comparação com células de epiderme, esclerênquima e feixes vasculares (Wilson; Mertens; Hatfield, 1993). Bonett (1961) afirma que camadas de parênquima, com células mais espessas e lignificadas, podem ocorrer entre os grandes feixes vasculares, tecido esclerenquimático e nas células entre os grandes feixes vasculares. Resultados similares foram encontrados em nossos estudos de localização histoquímica, onde maiores concentrações de lignina foram observadas nos feixes vasculares e no anel de esclerênquima.

Foram encontradas diferenças entre os genótipos quanto à observação de lignina (Figuras 11 a 14). Os genótipos resistente URS Taura e UFRS 146155-1 apresentaram, visualmente, maiores concentrações de lignina em relação aos demais genótipos, sendo que UFRGS 127013-1 apresentou a menor intensidade de coloração. No entanto, convém salientar que em trigo, esse não parece ser um fator determinante para o acamamento, uma vez que genótipos com diferentes níveis de resistência apresentam similar intensidade de coloração para lignina (Kong *et al.* (2013). Cabe ressaltar que o método utilizado Floroglucinol + HCl não necessariamente identifica tipos específicos de lignina. O que se sabe sobre este reagente é que ele abrange, principalmente, tipos de lignina dos grupos Guaiacil e Coniferil. Ainda, a presença de ligninas espessando a parede celular no parênquima fundamental cortical e tecidos esclerenquimáticos pode ter mascarado a presença de pectinas nesses tecidos (Figuras 11 a 16).

O número de células do anel esclerenquimático (NCAE) nos genótipos UFRGS 127013-1 (suscetível) e URS Taura (resistente) não diferiu, exceto para a segunda época de semeadura (Tabela 13). Desse modo, pode-se inferir que o NCAE não determina a resistência ao acamamento nos genótipos avaliados. A espessura desse tecido, difere com o genótipo, condições de crescimento (Guimarães., 2010), avanço da idade, incremento da temperatura (Bauer *et al.*, 2008), espaçamento entre plantas (Bonett, 1961), e tem sido relacionado com o aumento da resistência ao acamamento em trigo (Dunn; Briggs, 1989; Kelbert *et al.*, 2004; Kong *et al.*, 2013).

Na avaliação qualitativa, através de análise histoquímica, também não foi observada mudança da espessura da parede celular das células do anel de esclerênquima entre os genótipos de aveia, nas diferentes densidades de semeadura (Figura 13). Entretanto, foi observada uma diminuição da concentração de lignina com o aumento da densidade empregada, principalmente no anel de esclerênquima (Figura 13). Porém, diferenças quantitativas em relação aos conteúdos de lignina não foram encontradas entre os dez genótipos observados, nas três densidades de semeadura, no ano de 2017 (Tabela 17). Com o aumento da densidade, pode ser que outros compostos estruturais prevaleçam, mascarando a presença de lignina, os quais podem estar em associações com hemiceluloses (Xilanos). Isso pode ser justificado pelo fato de ter havido aumento no teor de hemiceluloses na segunda época de semeadura, quando comparada com a primeira época de 2018, enquanto que a lignina não diferiu entre as épocas. Todavia, a falta de afinidade do Azul de astra com hemiceluloses como xilanos, pode ser o motivo da coloração azulada não ter se tornado aparente no anel de esclerênquima (Figura 14, 15 e 16).

O genótipo URS Taura apresentou um maior número médio de camadas de células totais (NCT=19,8), quando comparado ao genótipo UFRS 127013-1 (18,73). O maior NCT em URS Taura foi devido ao parênquima fundamental subdérmico, o qual estava presente nesse genótipo e praticamente ausente em UFRGS 127013-1. Dessa forma, as diferenças na espessura do colmo se dão

provavelmente pelo aumento do volume celular e não pela quantidade de camadas de células (Tabelas 6, 8 e 10).

Em aveia, não foi encontrada relação entre número de feixes vasculares e resistência ao acamamento (Tabela 10). Nossos dados corroboram o encontrado por Dunn e Briggs (1989), Kelbert *et al.* (2004) e Kong *et al.* (2013). Dunn e Briggs (1989) ainda sugeriram que o número de feixes vasculares é instável ao longo dos anos, assim como pode variar com as condições de crescimento (Kelbert *et al.*, 2004), portanto não é um indicador adequado da resistência ao acamamento. A contribuição do maior número de feixes vasculares para aumentar a resistência ao acamamento já foi relatada em trigo (Berry *et al.*, 2013) e cevada (Stanca *et al.*, 1979).

O parênquima fundamental medular é um tecido primário e de preenchimento, portanto, assim como o parênquima fundamental cortical descrito anteriormente, desempenha um papel importante na redução do risco de acamamento (Kong *et al.*, 2013). Bonnett (1961) descreve que no parênquima fundamental medular de aveia é onde há presença acentuada de pectinas, sendo estas últimas típicas de paredes celulares primárias. Em nossas avaliações, para NCFM, os genótipos diferiram somente na segunda época de semeadura, em 2018 (Tabela 13).

A análise de acamamento demonstrou que a velocidade do vento associada à precipitação são condições climáticas ideais para que ocorra o acamamento de plantas em genótipos suscetíveis de aveia (Figura 28 e 29). Vários estudos têm relatado as condições climáticas em que pode ocorrer o acamamento de plantas. Berry, Sylvester-Bradley e Berry, (2007) afirmam que o curvamento do colmo, induzido pela velocidade do vento, ocorre quando este ultrapassa a força estrutural suportada pela base do mesmo. Desse modo, colmos curtos e rígidos podem resistir mais a força do vento (Crook; Ennos, 1994; Kelbert *et al.*, 2004). Em relação às chuvas, Baker *et al.* (1998) mencionam que o acamamento se encontra mais associado à ocorrência de precipitação, do que a quantidade de chuva. Modelos propostos por Berry; Sylvester-Bradley e Berry, (2007), no Reino Unido, indicam que genótipos resistentes de trigo

suportam a ocorrência de precipitação diária de 25 mm e de rajadas de vento de 18 m s^{-1} ($64,8 \text{ km h}^{-1}$). No presente estudo, as condições para acamamento propostas acima, ocorreram nos dias 23 e 24 de setembro e 31 de outubro de 2018. Em ambas as datas, os genótipos encontravam-se no florescimento ou na fase final de maturação, fases estas em que a predisposição ao acamamento aumenta ocorrendo desse modo acamamento nos genótipos mais suscetíveis (Crook; Ennos, 1994).

Técnicas de manejo, como época de semeadura e população de plantas, influem no acamamento de plantas (Berry, 2013). Em trigo (Berry *et al.*, 2000) e cevada (Pinthus, 1973), o adiamento da semeadura proporcionou maior resistência ao acamamento. No presente estudo, a primeira época de semeadura apresentou maiores índices de acamamento em relação à segunda época no ano de 2018 (Tabelas 17, 18, 19, 20 e 21). Isso pode ser devido ao fato das plantas na segunda época terem apresentado menor CC e CE comparadas à primeira época de semeadura (Figuras 6 e 7). Esses dados concordam com Shah *et al.* (2017), os quais afirmaram que a semeadura precoce em arroz resultou em entrenós mais longos. Contudo, o colmo apresentou menor espessura e menor diâmetro, resultando em menor resistência das plantas ao acamamento. Nossos resultados mostraram que o atraso na semeadura causou entrenós mais curtos, paredes do colmo mais finas e menor diâmetro, comparadas com a época normal de semeadura (Figuras 8 e 9).

Pouca diferença foi observada entre as densidades empregadas para os caracteres morfológicos avaliados (CP, PP, PMG, PH, MSF, MSC, NE, NA, CC, CE, DC, EC) (Tabelas 4, 5, 6 e 7). Em nossos experimentos, não necessariamente a maior densidade de semeadura resultou em um maior índice de acamamento de plantas (Tabelas 17 a 20). O acamamento não ocorreu de forma uniforme no experimento e nem em todas as parcelas. Isso justifica a dificuldade de avaliar as plantas a campo, quanto aos níveis de resistência, em apenas um ano. Todavia, estudos relatam que o aumento na densidade de semeadura pode resultar em maiores índices de acamamento (Easson; White;

Pickles, 1993; Berry *et al.*, 2000), provavelmente em decorrência da competição por área e luminosidade.

Apesar de algumas práticas agronômicas, como a redução da densidade de semeadura e mudança na época de semeadura (Shah *et al.*, 2017; Berry; Sylvester-Bradley; Berry, 2007), desempenharem em algumas culturas papel favorável na redução do acamamento de plantas, podem não ser compatíveis com a maximização do rendimento de grãos. Portanto, a seleção de genótipos com maior resistência ao acamamento de plantas, por meio do melhoramento genético, ainda é a melhor alternativa para reduzir o acamamento nas condições de cultivo.

Conclui-se que reunir em um único genótipo características de elevado rendimento com resistência ao acamamento não é algo simples. Um elevado rendimento de grãos muitas vezes está associado à elevada biomassa e, portanto, maior estatura de plantas. No Brasil, genótipos de elevado rendimento são utilizados como testemunhas para desenvolvimento de novas linhagens em programas de melhoramento de aveia. Desse modo, plantas de estatura mais baixa, resistentes ao acamamento e com alto rendimento de grãos são difíceis de selecionar. Além disso, há muita divergência entre estudos, dentro de uma mesma espécie, relacionando caracteres morfológicos, anatômicos e químicos com a resistência ao acamamento.

De maneira geral, os genótipos neste trabalho apresentaram resistência ao acamamento pela presença de camadas de tecido do tipo parênquima fundamental subdérmico, com elevados teores de lignina, baixa estatura de plantas, aliados ao primeiro entrenó basal menor e maior espessura do colmo associada com um diâmetro adequado, o que possibilita um maior grau de preenchimento desses entrenós basais. A falta de algum desses caracteres leva ao acamamento de plantas em diferentes níveis em aveia. Portanto sugere-se que a seleção a campo em aveia, para maior resistência ao acamamento, pode ser realizada com base na estatura de plantas e no diâmetro e espessura da parede do primeiro entrenó basal, selecionando-se plantas de estatura baixa, entrenós mais grossos e com paredes mais espessas e firmes. Aliado,

obviamente, a seleção visual para acamamento per se, uma vez que genótipos com essas características ainda podem ser suscetíveis ao acamamento, em especial, ao acamamento de raiz.

Outro fator importante observado em nosso, suporta evidências de que em aveia, o acamamento encontra-se relacionado à base do colmo, ou seja, o primeiro entrenó basal expandido e a coroa da planta (onde localizam-se os entrenós basais não expandidos), do que o restante do colmo. Desse modo, a quantidade de entrenós na coroa da planta, dariam suporte à posição vertical do colmo e levariam à resistência ao acamamento. Portanto infere-se que o acamamento em aveia nos genótipos de clima subtropical do Brasil, o tipo de acamamento que ocorre, seja de coroa e não de colmo.

Devido as técnicas de localização histoquímicas utilizadas neste estudo serem generalistas, não foi possível identificar compostos específicos. Desse modo, trabalhos futuros devem ser realizados buscando identificar com maior precisão os componentes estruturais, que possuem importância para a resistência ao acamamento em aveia. Outro fato relevante, é a utilização de técnicas mais precisas de extração desses compostos de parede celular. As técnicas utilizadas neste trabalho para determinação dos componentes químicos da parede celular dos colmo de aveia, são passíveis de grande variabilidade entre os resultados, principalmente para os teores de Lignina. Já os teores de hemicelulose e celulose como foram obtidos através da diferença dos resultados de lignina, podem também serem passíveis de defasagem. Trabalhos com técnicas mais avançadas de quantificação podem ser realizados afim de obter resultados mais precisos. Ainda a dificuldade de se obter uma avaliação adequada, para o acamamento de plantas e também para os caracteres morfológicos, novos estudos devem ser conduzidos, em vários anos para minimizar a influencia do ambiente sob esses caracteres.

Compreender principalmente a natureza química e anatômica de genótipos resistentes é de grande importância, uma vez que não são facilmente observáveis à campo. Os resultados obtidos neste estudo representam um avanço importante na identificação de fatores envolvidos no acamamento de

aveia. O presente trabalho também fornece informações relevantes para o desenvolvimento de estudos complementares, a fim de compreender os fatores anatômicos, químicos e morfológicos associados com a resistência ao acamamento em genótipos de aveia.

6 CONCLUSÕES

O nível de acamamento, apesar de ser dependente do genótipo de aveia, é bastante variável dentro do experimento, para um mesmo genótipo, tendendo a ocorrer, especialmente em genótipos suscetíveis ao acamamento, sob condições de elevada precipitação e de ventos fortes, mesmo que na forma de rajadas.

Os genótipos avaliados apresentam grande variação para os caracteres morfológicos, anatômicos e químicos estudados, havendo forte efeito do ambiente sobre esses caracteres. Sobretudo, pequenas diferenças são observadas para os caracteres químicos teor de lignina, teor de hemiceluloses e pectinas e teor de celuloses do colmo, apesar das análises visuais anatômicas indicarem que os genótipos diferem quanto a quantidade e localização desses compostos estruturais nos colmos de aveia.

Genótipos de aveia resistentes ao acamamento possuem entrenós basais curtos, baixa estatura de planta, maior diâmetro dos entrenós basais, assim como maior espessura da parede desses entrenós, principalmente do primeiro entrenó, o que resulta em maior preenchimento do colmo, nos entrenós basais, devido a relação adequada entre diâmetro e espessura do colmo.

Camadas de tecido de parênquima fundamental subdérmico são encontradas em genótipos de aveia resistentes ao acamamento, enquanto estão ausentes em genótipo altamente suscetível ao acamamento.

Maior deposição de lignina nos tecidos de parênquima e esclerênquima dos colmos de aveia parece estar associada a maiores níveis de resistência ao acamamento.

A época de semeadura possui influência sobre o acamamento de plantas. A semeadura tardia resulta em menor estatura das plantas e, conseqüentemente, em menor índice de acamamento. As diferentes densidades de semeadura influenciam a expressão dos caracteres morfológicos avaliados, entretanto não tiveram efeito sobre o nível de acamamento das plantas.

A seleção para resistência ao acamamento em programas de melhoramento de *A. sativa*, em ambientes subtropicais, pode ser realizada através da seleção visual de plantas com menor estatura, associada a menor comprimento dos entrenós basais, base do colmo com maior diâmetro, assim como a presença de paredes do colmo mais espessas, em especial no primeiro entrenó basal, o que resulta melhor preenchimento dos entrenós basais do colmo. A avaliação da firmeza do entrenó basal, através de pressão mecânica aplicada com os dedos, também pode auxiliar na seleção indireta para maior resistência ao acamamento. Porém, não se pode dispensar a seleção visual para acamamento per se, caso o fenômeno ocorra, particularmente sob condições ambientais favoráveis, porém não extremas. Uma vez que um dos genótipos estudados possuía todos os caracteres citados acima, apesar de ser suscetível ao acamamento, o qual deve-se a acamamento de raiz e não de colmo. Também vale ressaltar que a estatura de planta, comprimento dos entrenós basais, diâmetro do colmo e espessura do colmo variam conforme o ano de avaliação, sendo aconselhável acompanhar os genótipos selecionados em diferentes anos.

7 REFERÊNCIAS

ACRECHE, M. M.; SLAFER, G. A. Lodging yield penalties as affected by breeding in Mediterranean wheats. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 122, p. 40-48, 2011.

AKIN, D. E. *et al.* Temperature effects on leaf anatomy, phenolic acids, and tissue digestibility in tall fescue. **Agronomy Journal**, Madison, v. 79, p. 271-275, 1987.

BAKER, C. J. *et al.* A method for the assessment of the risk of wheat lodging. **Journal of Theoretical Biology**, Amsterdam, v. 194, n. 4, p. 587-603, 1998.

BAKER, C. J.; STERLING, M.; BERRY, P. A generalised model of crop lodging. **Journal of Theoretical Biology**, Amsterdam, v. 363, p. 1-12, 2014.

BAUER, M. O. *et al.* Características anatômicas e valor nutritivo de quatro gramíneas predominantes em pastagem natural de Viçosa, MG. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 37, n. 1, p. 9-17, 2008.

BERRY, P. M.; SYLVESTER-BRADLEY, R.; BERRY, S. Ideotype design for lodging-resistant wheat. **Euphytica**, Dordrecht, v. 154, p.165-179, 2007.

BERRY, P. M. *et al.* Controlling plant form through husbandry to minimize lodging in wheat. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 67, n. 1, p. 59-81, 2000.

BERRY, P. M.; SPINK, J. Predicting yield losses caused by lodging in wheat. **Field Crop Research**, Amsterdam, v. 137, p. 19–26, 2012.

BERRY, P. M. *et al.* A calibrated model of wheat lodging compared with field measurements. **Agricultural and Forest Meteorology**, Amsterdam, v. 119, n. 3/4, p. 167-180, 2003a.

BERRY, P. M. *et al.* A comparison of root and stem lodging risks among winter wheat cultivars. **The Journal of Agricultural Science**, London, v. 141, n. 2, p. 191-202, 2003b.

BERRY, P. M. *et al.* Controlling plant form through husbandry to minimise lodging in wheat. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 67, n. 1, p. 59-81, 2000.

BERRY, P. M. Lodging resistance in cereals. *In*: MEYERS, Robert A. **Encyclopedia of sustainability science and technology**. New York: Springer New York, 2012.

BONNETT, O. T. **The oat plant**: Its histology and development. Urbana: University of Illinois. Agricultural Experiment Station, 1961. 112 p.

BRUNAVA, L.; ALSIŅA, I. Lodging cause height at the centre of gravity changes during vegetation period for oat. *In*: ANNUAL INTERNATIONAL SCIENTIFIC CONFERENCE, 20., 2014, Jelgava. **Research for Rural Development 2014**: proceedings. Jelgava: Latvia University of Agriculture, 2014. v. 1, p. 56–60.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Safra 2018/19: nono levantamento. **Acompanhamento da Safra Brasileira: grãos**, Brasília, DF, n. 7, p. 1-117, jun. 2019. Monitoramento agrícola. Projeto Observatório Agrícola. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso em: 24 jun. 2019.

CROOK, M. J.; ENNOS, A. R. Stem and root characteristics associated with lodging resistance in four winter wheat cultivars. **The Journal of Agricultural Science**, London, v. 123, n. 2, p. 167-174, 1994.

CUTTER, E. G. **Anatomia vegetal**. 2. ed. São Paulo: Roca, 1986.

DUNN, G. J.; BRIGGS, K. G. Variation in culm anatomy among barley cultivars differing in lodging resistance. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 67, n. 6, p. 1838-1843, 1989.

EASSON, D. L.; WHITE, E. M.; PICKLES, S. L. The effects of weather, seed rate and genotype on lodging and yield in winter wheat. **The Journal of Agricultural Science**, London, v. 121, n. 2, p. 145-156, 1993.

ESAU, K. **Anatomia das plantas com semente**. São Paulo: Edgard Blucher, 1973.

FLINTHAM, J. E. *et al.* Optimizing wheat grain yield: effects of Rht (gibberellin-insensitive) dwarfing genes. **The Journal of Agricultural Science**, London, v. 128, n. 1, p. 11-25, 1997.

FONTANELI, R. S. *et al.* Gramíneas forrageiras anuais de inverno. *In*: FONTANELI, R. S. *et al.* **Forrageiras para integração lavoura-pecuária-**

floresta na região sul-brasileira. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2012. p. 127-172.

FORSBERG, R. A.; REEVES, D. L. Agronomy of oats. *In*: WELCH, R. W. (ed.). **The oat crop: production and utilization**. London: Chapman & Hall, 1995. p. 223-251.

GUIMARÃES, A. K. V. Anatomia comparada com o valor nutritivo de gramíneas forrageiras. **Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, Londrina, v. 4, n. 3, [art.] 726, [p. 1-23], 2010.

HARTWIG, I. *et al.* Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos da aveia (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 2, p. 337-345, 2007.

INDICAÇÕES técnicas para a cultura da aveia: XXXIV Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa da Aveia: Fundação ABC. Passo Fundo: Editora Universidade de Passo Fundo, 2014. 136 p.

JUNQUEIRA, L. C. U. **Biologia celular e molecular**. 9. ed. São Paulo: Guanabara Koogan, 2012.

KASHIWAGI, T. *et al.* Locus *prl5* improves lodging resistance of rice by delaying senescence and increasing carbohydrate reaccumulation. **Plant Physiology Biochemistry**, Amsterdam, v. 44, n. 2/3, p. 152–157, 2006.

KAUFMAN, P. B.; BROCK, T. G. Structural development of the oat plant. *In*: MARSHALL, H. G.; SORAELLS, M. E. **Oat science and technology**. Madison: ASA, 1992. p. 53-75.

KELBERT, A. J. *et al.* The association of culm anatomy with lodging susceptibility in modern spring wheat genotypes. **Euphytica**, Dordrecht, v.136, p. 211–221, 2004.

KONG, E. *et al.* Anatomical and chemical characteristics associated with lodging resistance in wheat. **Crop Journal**, Madison, v. 1, n. 1, p. 43–49, 2013.

LACERDA, R. S. **Teores de lignina estimados através do método espectrofotométrico “lignina solúvel em brometo de acetila” de alguns cultivares de aveia**. 2001. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Química, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de São Paulo, Pirassununga, 2001.

LADIZINSKY, G. **Studies in oat evolution: a man's life with Avena**. Heidelberg: Springer, 2012.

LEGGETT, J. M.; THOMAS, H. Oat evolution and cytogenetics. *In*: WELCH, R. W. (ed.). **The oat crop**: production and utilization. London: Chapman & Hall, 1995. p. 120-144.

LI, K. *et al.* Genome-wide association study reveals the genetic basis of stalk cell wall components in maize. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 11, n. 8, [art.] e0158906, 2016.

LIMA, U. M. **Barreiras fitossanitárias sobre as importações no Brasil: o caso da aveia: projeto de pesquisa barreiras não tarifárias e o desempenho do agronegócio brasileiro: relatório final.** Brasília, DF: IPEA, 2019. Disponível em: http://www.ipea.gov.br/portal/index.php?option=com_content&view=article&id=34457&Itemid=432. Acesso em: 16 jun. 2019.

LOSKUTOV, I. G.; RINES, H. W. Avena. *In*: CHITTARANJAN, K. **Wild crop relatives**: genetica and breeding research cereals. London: Springer, 2011. p. 109-184.

MILACH, S. C. K.; FEDERIZZI, L. C. Dwarfing genes in plant improvement. **Advances in Agronomy**, Amsterdam, v. 73, p. 35-63, 2001.

MOORE-COLYER, R. J. Oats and oat production in history and prehistory. *In*: WELCH, R.W. (ed.). **The oat crop**: production and utilization. London: Chapman & Hall, 1995. p. 1-33.

MORRISON, T. A. *et al.* Cell-wall composition of maize internodes of varying maturity. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 2, p. 455-460, 1998.

NORDEN, A. J.; FREY, K. J. Factors associated with lodging resistance in oats. **Agronomy Journal**, Madison, v. 51, n. 6, p. 335-338, 1959.

OLIVEIRA, A. C. *et al.* Brisasul: a new high yielding white oat cultivar with reduced lodging. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 11, p. 370-374, 2011.

OOKAWA, T.; ISHIHARA, K. Varietal difference of physical characteristics of the culm related to lodging resistance in paddy rice. **Japanese Journal Crop Science**, Tohoku, v. 61, n. 3, p. 419-425, 1992.

PENG, D. *et al.* Lodging resistance of winter wheat (*Triticum aestivum* L.): lignin accumulation and its related enzymes activities due to the application of paclobutrazol or gibberellin acid. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 157, p. 1-7, 2014.

PINTHUS, M. J. Spread of the root system as indicator for evaluating lodging resistance of wheat. **Crop Science**, Madison, v. 7, n. 2, p. 107-110, 1967.

PINTHUS, M. J. Lodging in wheat, barley and oats: the phenomenon, its causes and preventative measures. **Advance in Agronomy**, Amsterdam, v. 25, p. 209-263, 1974.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT software**: changes and enhancements through release 8.0. Cary: Statistical Analysis System Institute, 2000. 1167 p.

SILVA, D. J.; QUEIROZ, A. C. **Análise de alimentos**: métodos químicos e biológicos. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2009.

SHAH, A. N. *et al.* Lodging stress in cereal - effects and management: an overview. **Environmental Science and Pollution Research**, Berlin, v. 24, n. 6, p. 5222–5237, 2017.

SINNIAH, U. R. *et al.* A potential retardant for lodging resistance in direct seeded rice (*Oryza sativa* L.). **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 92, n. 1, p. 13-18, 2012.

STANCA, A. M, JENKINS, G.; HANSON, P. R. Varietal responses in spring barley to natural and artificial lodging and to a growth regulator. **The Journal of Agricultural Science**, London, v. 93, n. 2, p. 449-456, 1979.

STERLING, M. *et al.* An experimental investigation of the lodging of wheat. **Agricultural and Forest Meteorology**, Amsterdam, v. 119, p. 149–165, 2003.

STUTHMAN, D. D. Oat breeding and genetics. *In*: WELCH, R. W. (ed.). **The oat crop**: production and utilization. London: Chapman & Hall, 1995. p. 150-176.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2006. 719 p.

TAMS, A. R.; MOONEY, S. J.; BERRY, P. M. The effect of lodging in cereals on morphological properties of the root-soil complex. *In*: AUSTRALIAN NEW ZEALAND SOILS CONFERENCE, 3., 2004, Sydney. **Proceedings of the SuperSoil**. Gosford: Regional Institute, 2004. p. 1-8. Disponível em: http://www.regional.org.au/au/asssi /supersoil2004/s9/oral/1998_tamsa.htm. Acesso em: 9 maio 2019.

TRIPATHI, S. C. *et al.* Growth and morphology of spring wheat (*Triticum aestivum* L.) culms and their association with lodging: effects of genotypes, N levels and ethephon. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 84, p. 271-290, 2003.

WHITE, E. M. Structure and development of oats. *In*: WELCH, R. W. (ed.). **The oat crop**: production and utilization. London: Chapman & Hall, 1995. p. 88-119.

WILSON, J. R.; MERTENS, D. R.; HATFIELD, R. D. Isolates of cell types from sorghum stems: digestion, cell wall and anatomical characteristics. **Journal of The Science of Food and Agriculture**, London, v. 63, n. 4, p. 407-417, 1993.

ZHANG, F. Z. *et al.* Relationship between lodging resistance and chemical contents in culms and sheaths of japonica rice during grain filling. **Rice Science**, Amsterdam, v. 17, n. 4, p. 311-318, 2010.

ZHU, L. *et al.* Anatomical and chemical features of high yield wheat cultivar with reference to its parents. **Acta Botanica Sinica**, Beijing, v. 46, n. 5, p. 565-572, 2004.

ZUBER, U. *et al.* Morphological traits associated with lodging resistance of spring wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Agronomy and Crop Science**, Amsterdam, v. 182, n. 1, p. 17-24, 1999.

Continuação APÊNDICE 1. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caráter comprimento do quarto entrenó (CE4), em três densidades de semeadura, 2017.

Genótipo	Dens	UFRGS 127013-1			UFRGS 137127-6			UFRGS 146155-1			URS ALTIVA			URS BRAVA			URS CHARRUA			URS CORONA			URS TARIMBA			URS TAURA			URS 21		
		150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	
UFRGS 146155-1	150	**	**	**	**	ns	**																								
	300	**	**	**	ns	ns	ns	**																							
	450	**	**	**	ns	ns	ns	**	ns																						
URS ALTIVA	150	**	**	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns																					
	300	**	**	*	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns																				
	450	**	**	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns																			
URS BRAVA	150	**	*	ns	**	**	*	**	**	**	ns	**	*																		
	300	**	ns	ns	**	**	**	**	**	**	**	**	*	ns																	
	450	**	ns	ns	**	**	**	**	**	**	**	**	*	ns	ns																
URS CHARRUA	150	**	ns	ns	**	**	**	**	**	**	**	**	**	ns	ns	ns															
	300	**	**	ns	ns	**	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	*	*														
	450	**	**	*	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	ns													
URS CORONA	150	**	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	**	ns													
	300	**	**	**	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	**	**	ns												
	450	**	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	*	**	**	**	**	**	**	ns	ns											
URS TARIMBA	150	**	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	*	**	**	**	**	**	*	ns	ns	ns										
	300	**	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	*	**	**	**	**	**	*	ns	ns	ns	ns									
	450	**	**	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	ns	ns	ns	ns	*	*	*							
URS TAURA	150	**	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	*	ns	**	**	**	**	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns				
	300	**	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns				
	450	**	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns			
URS 21	150	**	ns	ns	**	**	**	**	**	**	**	**	**	ns	ns	ns	ns	*	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	
	300	**	ns	ns	**	**	*	**	**	**	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	ns	
	450	**	**	*	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	*	**	**	**	ns	ns	ns	ns	*	*	*	ns	*	ns	ns	**	*	

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 2. Comparação de médias, para a interação genótipo*época de semeadura, para o caráter espessura da parede do primeiro entrenó (EC1), em cinco genótipos em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	UFRGS 127013-1		UFRGS 146155-1		URS Altiva		URS Taura		URS 21
		1	2	1	2	1	2	1	2	1
UFRGS 127013-1	2	**								
UFRGS 146155-1	1	**	**							
	2	**	**	ns						
URS Altiva	1	ns	**	**	**					
	2	**	**	**	**	**				
URS Taura	1	**	**	**	**	**	**			
	2	**	**	**	**	ns	**	ns		
URS 21	1	ns	**	**	**	**	**	**	**	
	2	**	*	**	**	**	ns	**	**	**

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 3. Comparação de médias, para a interação densidade*época de semeadura, para o caráter espessura da parede do primeiro entrenó (EC1), em três densidades e duas épocas de semeadura, 2018.

Densidade	Época	150		300		450	
		1	2	1	2	1	2
150	2	**					
300	1	**	*				
	2	**	*	*			
450	1	**	ns	ns	**		
	2	**	**	**	**	**	**

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 4. Comparação de médias, para a interação genótipo*época de semeadura, para o caráter espessura da parede do segundo entrenó (EC2), em cinco genótipos em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	UFRGS 127013-1		UFRGS 146155-1		URS Altiva		URS Taura		URS 21
		1	2	1	2	1	2	1	2	1
UFRGS 127013-1	2	**								
UFRGS 146155-1	1	**	**							
	2	**	**	ns						
URS Altiva	1	ns	**	**	*					
	2	**	**	**	**	**				
URS Taura	1	**	**	**	**	ns	**			
	2	ns	**	**	**	ns	**	ns		
URS 21	1	ns	**	**	**	**	**	ns	ns	
	2	**	*	**	**	**	ns	**	**	*

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 5. Comparação de médias, para a interação genótipo*época de semeadura, para o caráter número de camadas de células do parênquima fundamental medular (NCFM), em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	UFRGS 127013-1		UFRGS 146155-6		URS Altiva		URS Taura		URS 21
		1	2	1	2	1	2	1	2	1
UFRGS 127013-1	2	**								
UFRGS 146155-1	1	ns	**							
	2	ns	**	ns						
URS Altiva	1	ns	**	ns	ns					
	2	ns	**	ns	ns	ns				
URS Taura	1	ns	**	ns	ns	ns	ns			
	2	**	ns	**	**	**	**	**		
URS 21	1	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	
	2	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 6. Comparação de médias, para a interação genótipo*época de semeadura, para o caráter número de feixes vasculares totais (NFVT), em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	UFRGS 127013-1		UFRGS 146155-1		URS Altiva		URS Taura		URS 21
		1	2	1	2	1	2	1	2	1
UFRGS 127013-1	2	ns								
UFRGS 146155-1	1	**	ns							
	2	ns	ns	**						
URS Altiva	1	ns	ns	**	ns					
	2	**	ns	ns	**	*				
URS Taura	1	ns	ns	**	ns	ns	**			
	2	ns	**	**	ns	ns	**	ns		
URS 21	1	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	
	2	ns	ns	**	ns	ns	**	ns	ns	ns

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 7 . Comparação de médias, para a interação genótipo*época de semeadura, para o caráter número de camadas totais de células (NCT), em duas épocas de semeadura, 2018.

Genótipo	Época	UFRGS 127013-1		UFRGS 146155-1		URS Altiva		URS Taura		URS 21
		1	2	1	2	1	2	1	2	1
UFRGS 127013-1	2	ns								
UFRGS 146155-1	1	**	**							
	2	ns	ns	*						
URS Altiva	1	**	**	ns	*					
	2	ns	ns	**	ns	*				
URS Taura	1	ns	ns	*	ns	*	ns			
	2	**	**	ns	**	ns	*	**		
URS 21	1	ns	ns	**	ns	*	ns	ns	**	
	2	ns	ns	**	ns	*	ns	ns	**	ns

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 8. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caráter número de camadas do parênquima fundamental subdérmico (NCPS), em três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²), 2018.

Genótipo	Densidade	UFRGS 127013-1			URS Taura	
		150	300	450	150	300
UFRGS 127013-1	300	ns				
	450	ns	ns			
URS Taura	150	**	**	**		
	300	**	**	**	**	
	450	**	**	**	**	**

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 9. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caráter número de camadas do parênquima fundamental cortical (NCFC), em três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²), 2018.

Genótipo	Densidade	UFRGS 127013-1			URS Taura	
		150	300	450	150	300
UFRGS 127013-1	300	ns				
	450	ns	ns			
URS Taura	150	**	*	**		
	300	**	ns	**	*	
	450	ns	ns	ns	**	*

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 10. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caráter número de camadas do parênquima fundamental medular (NCFM), em três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²), 2018.

Genótipo	Densidade	UFRGS 127013-1			URS Taura	
		150	300	450	150	300
UFRGS 127013-1	300	ns				
	450	**	**			
URS Taura	150	ns	ns	**		
	300	ns	ns	**	ns	
	450	ns	**	**	**	ns

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 11. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caráter número de feixes vasculares totais (NFVT), em três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²), 2018.

Genótipo	Densidade	UFRGS 127013-1			URS Taura	
		150	300	450	150	300
UFRGS 127013-1	300	*				
	450	ns	ns			
URS Taura	150	ns	ns	ns		
	300	*	ns	ns	ns	
	450	**	**	**	**	**

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

APÊNDICE 12. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caráter número de camadas de células totais (NCT), em três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²), 2018.

Genótipo	Densidade	UFRGS 127013-1			URS Taura	
		150	300	450	150	300
UFRGS 127013-1	300	ns				
	450	**	**			
URS Taura	150	**	**	ns		
	300	**	**	ns	ns	
	450	ns	ns	**	*	**

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

Continuação APÊNDICE 13. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semeadura, para o caractere teor de lignina, em três densidades de semeadura (150, 300 e 450 sementes aptas m²) e dez genótipos de aveia, 2017.

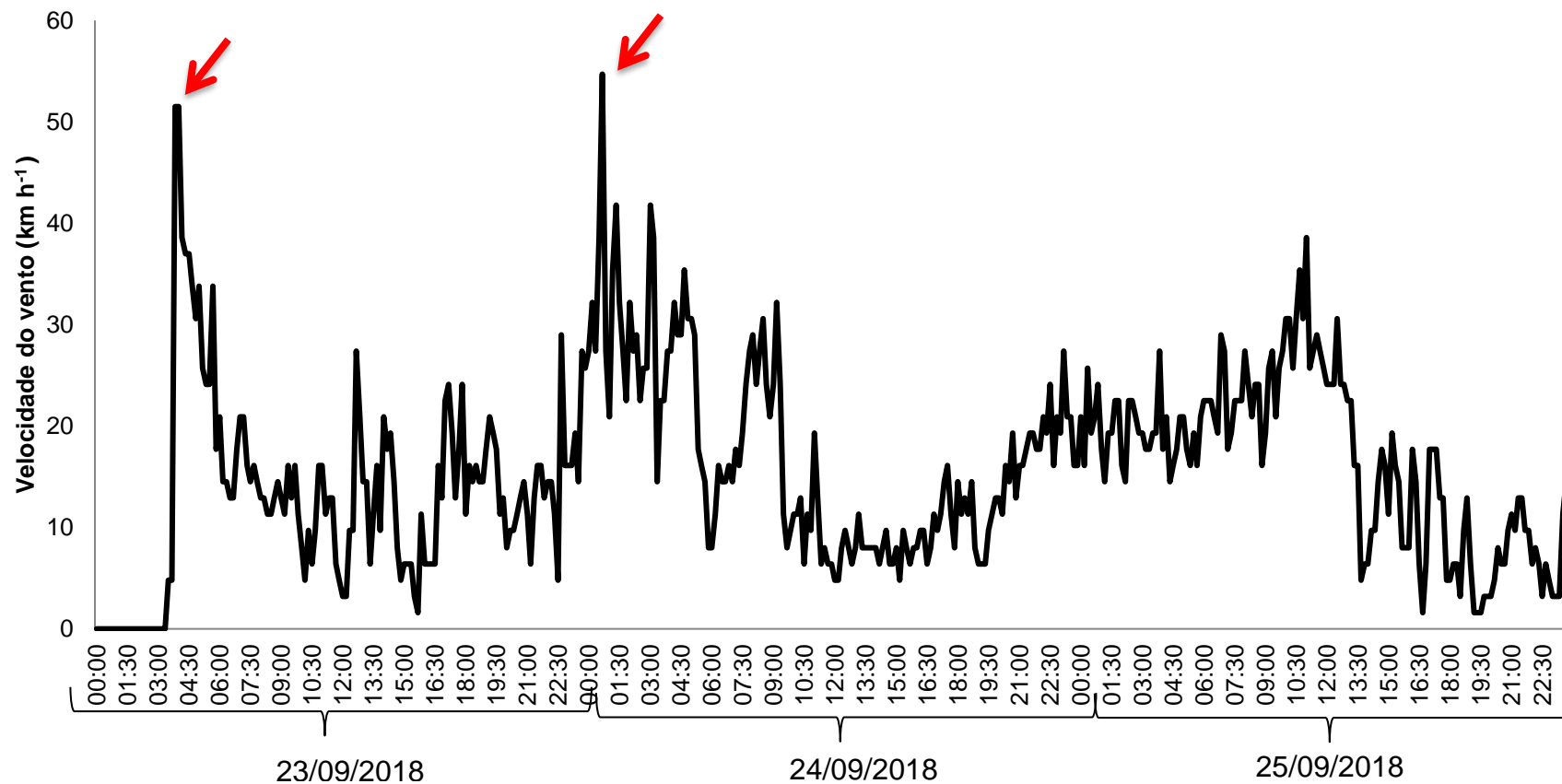
Genótipo	Dens.	UFRGS 127013-1			UFRGS 137127-6			UFRGS 146155-1			URS Altiva			URS Tarimba			URS Taura			URS 21			URS Brava			URS Charrua			URS Corona	
		150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300
URS Brava	150	ns	ns	ns	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	**	ns	ns	ns	**	ns									
	300	ns	ns	ns	*	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	ns	ns								
	450	ns	ns	ns	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	*	ns	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns							
URS Charrua	150	ns	**	ns	**	**	**	ns	**	*	ns	**	ns	**	ns	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns							
	300	ns	ns	ns	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	*	ns	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns				
	450	ns	ns	ns	**	**	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	*	ns	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns			
URS Corona	150	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	
	300	ns	ns	ns	*	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	
	450	ns	ns	ns	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	na	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.

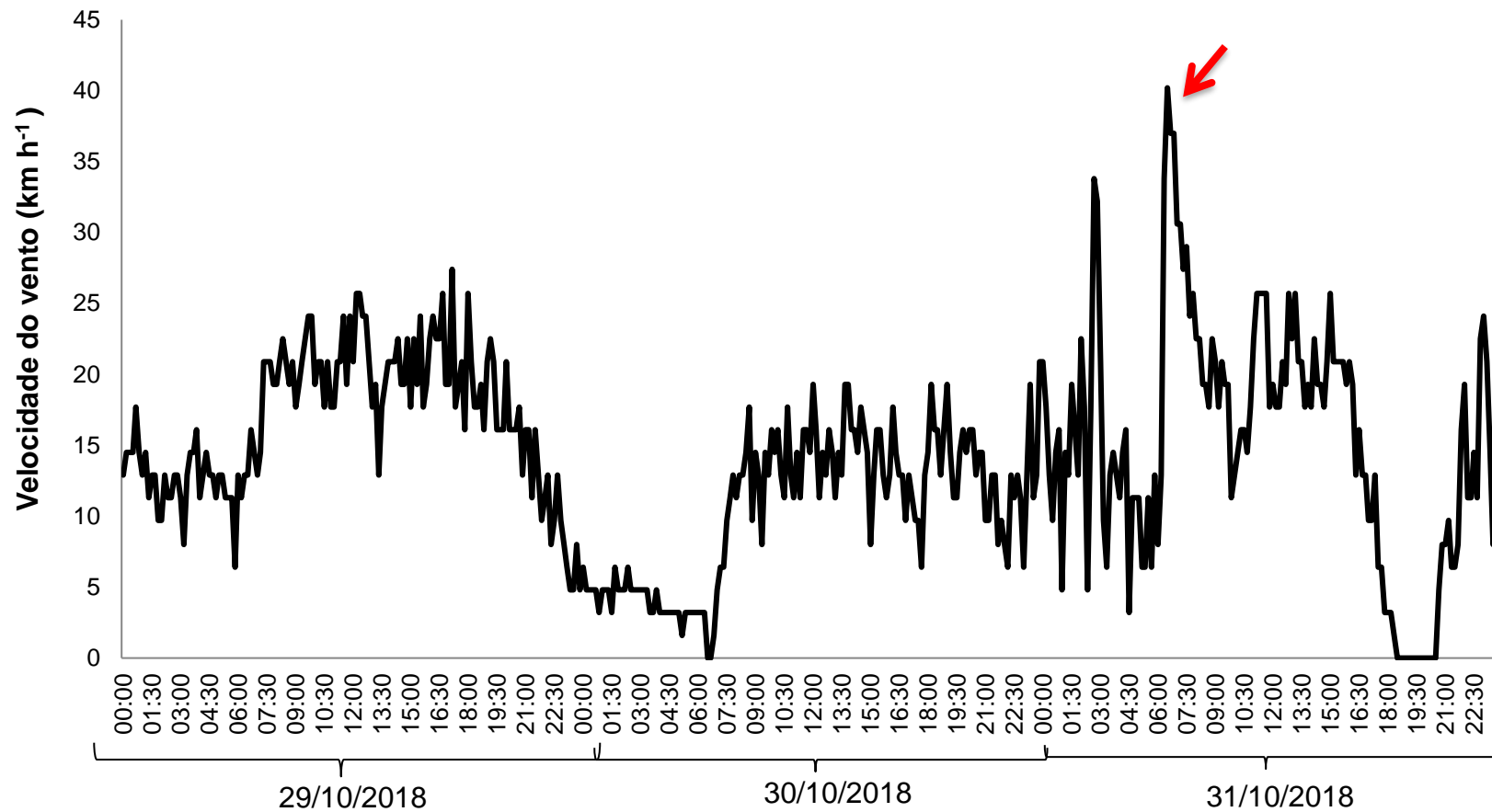
Continuação APÊNDICE 14. Comparação de médias, para a interação genótipo*densidade de semente, para o caractere teor de celulose, em três densidades de semente (150, 300 e 450 sementes aptas m⁻²) e dez genótipos de aveia , 2017.

Genótipo	UFRGS 127013-1			UFRGS 137127-6			UFRGS 146155-1			URS Altiva			URS Tarimba			URS Taura			URS 21			URS Brava			URS Charrua			URS Corona	
	Dens	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300	450	150	300		
URS Brava	150	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns								
	300	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns							
	450	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns						
URS Charrua	150	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns				
	300	ns	ns	ns	**	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	*	*	**	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns			
	450	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns		
URS Corona	150	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	*	ns	*	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns		
	300	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns		
	450	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	*	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	

* e ** = significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste *t* de Student, respectivamente; ns = não significativo.



APÊNDICE 15. Velocidade máxima do vento registrada a cada intervalo de tempo no experimento, do estágio de emborrachamento até a maturação das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Eldorado do Sul, 2018.



APÊNDICE 16. Velocidade máxima do vento registrada no experimento após o florescimento das plantas. Setas vermelhas indicam os dias de avaliação do acamamento. Eldorado do Sul, 2018.