

066

**HERANÇA DE COMPONENTES MORFOLÓGICOS DE GRÃOS SECUNDÁRIOS EM AVEIA.** *Leonardo A. Crancio, Cândida B. Cabral e Sandra Milach* (Departamento de Plantas de Lavoura, Faculdade de Agronomia, UFRGS)

Na América Latina, o Brasil se destaca como o país de maior produção de aveia. A produção de variedades com superior qualidade física do grão tem adquirido importância, especialmente com a tendência à globalização dos mercados sul americanos. Diversos critérios tem sido utilizados para a determinação dessa qualidade, dentre eles, os componentes morfológicos do grão. Contudo, para melhor manipulá-los nos programas de melhoramento genético é fundamental o estudo das bases genéticas dos mesmos, e até o momento, não existe registro de trabalhos desta natureza com germoplasma brasileiro de aveia. Dessa forma, os objetivos desse trabalho foram determinar a herdabilidade dos caracteres área, comprimento, largura e perímetro de grãos secundários em populações de aveia, assim como, o tipo de ação gênica predominante. Foram analisados os genótipos parentais (UFRGS7, UFRGS14 e UFRGS17), duas populações  $F_1$  e três populações  $F_2$ , de onde foram coletadas as panículas principais de cada planta, estas foram debulhadas manualmente para a obtenção de 20 grãos secundários, de sua metade superior. As amostras foram então submetidas à análise de imagens digitalizadas, que consistiu na captação das imagens através de uma vídeo-câmera para um computador e posterior análise através de um programa computacional. Com os dados de área, comprimento, largura e perímetro de grãos, foi determinada a variância para cada geração e calculada a herdabilidade no sentido amplo ( $h^2_a$ ). Através das médias foi realizada a análise de médias de gerações para os cruzamentos UFRGS7xUFRGS14 e UFRGS7xUFRGS17 testando os modelos de três parâmetros. Os valores de herdabilidade calculados foram de baixos a intermediários, e ainda, aditividade e dominância foram os efeitos gênicos significativos. Os resultados indicam que existe variação genética em populações segregantes  $F_2$  nos cruzamentos avaliados. (CNPq)