

# ORIGEM E EVOLUÇÃO DO GÊNERO *AVENA*: SUAS IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO GENÉTICO<sup>1</sup>

MARIA JANE C.M. SERENO TAVARES<sup>2</sup>,  
MARIA HELENA BODANESE ZANETTINI<sup>3</sup>, FERNANDO I.F. DE CARVALHO<sup>2</sup>

**RESUMO** - O centro de origem da aveia está localizado na Ásia Menor ou no norte da África. As aveias evoluíram como cultura secundária no norte e oeste da Europa, como planta invasora das principais culturas da época, como trigo e cevada. As espécies *Avena* ocorrem em três níveis de ploidia: diplóides ( $2n = 2x = 14$ ), tetraplóides ( $2n = 4x = 28$ ) e hexaplóides ( $2n = 6x = 42$ ), todas com meiose regular. Dentro de cada nível de ploidia ocorrem formas cultivadas, as quais somente sobrevivem sob o cultivo efetuado pelo homem. As relações filogenéticas entre as espécies de *Avena* não estão completamente estabelecidas. A autopoliploidia, a alopoliploidia segmentar e as mudanças estruturais dos cromossomos parecem ter contribuído na evolução deste gênero. Esta revisão apresenta um resumo do conhecimento atual das relações entre as diferentes espécies de *Avena* e suas implicações no melhoramento da aveia cultivada.

Termos para indexação: *Avena*, poliploidia, cromossoma, filogenia.

## ORIGIN AND EVOLUTION IN THE GENUS *AVENA*: IMPLICATIONS IN THE PLANT BREEDING

**ABSTRACT** - Oat originated in Asia Minor or North Africa. It developed as a second-degree culture at North and West Europe, as an invader plant in season main cultures as wheat and barley. The *Avena* species have three degrees of ploidia: diploids ( $2n = 2x = 14$ ), tetraploids ( $2n = 4x = 28$ ) and hexaploids ( $2n = 6x = 42$ ), all having regular meiosis. Inside each degree of ploidia there are cultivated forms which survive only under human care. Phylogenetic relations between *Avena* species are not completely established. Autopolyploidy, segmental allopolyploidy, as well as structural changes in chromosomes seem to have had relevant contribution in the evolution of this genus. This review presents a synopsis of the present knowledge about relations between the different species of *Avena*.

Index terms: *Avena*, polyploidia, chromosome, phylogeny.

## INTRODUÇÃO

A origem da aveia cultivada, assim como a de todos os cereais, se perdeu na antiguidade. O trigo e a cevada foram inicialmente mais importantes do que a aveia para o homem, e existem evidências de que este cereal persistiu como planta invasora na lavoura, por séculos, antes de ser cultivado (Coffman 1961).

Vavilov, a partir de 1916, estabeleceu oito centros de origem das plantas cultivadas, locais

estes onde é encontrada a maior variabilidade genética de cada espécie. O centro de origem do trigo e da cevada foi localizado na Ásia Menor, e o da aveia, assinalado à Ásia Menor ou norte da África (Allard 1971).

O cultivo de trigos diplóides e tetraplóides se deslocou para o ocidente e para o norte, em direção a climas frios e úmidos.

No norte e oeste da Europa, as aveias evoluíram como culturas secundárias, invasoras das culturas principais (Holden 1979).

A trajetória de dispersão destes cereais é apoiada por investigações arqueológicas, que revelaram, no Crescente Fértil (7.000-6.000 a.C.), a presença de trigos diplóides, tetraploides e cevada, mas não aveia. As primeiras aveias apare-

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 22 de outubro de 1992.

<sup>2</sup> Eng.-Agr., Prof., Dep. de Plantas de Lavoura, Fac. de Agron. UFRGS, Caixa Postal 776, Porto Alegre, RS.

<sup>3</sup> Profã., Dep. de Genética, Instit. de Biociências, UFRGS, Porto Alegre, RS.

ceram cerca de 1.000 a.C., na Europa central (Helback 1959).

O avanço em direção a ambientes mais frios e úmidos fez com que as culturas de trigo e cevada se tornassem progressivamente menos adaptadas, mas foi propício ao desenvolvimento de aveia. Ocorreram alterações genéticas importantes, como a perda da debulha natural do grão e da dormência, vantagens seletivas para o cultivo.

Atualmente, a aveia constitui um dos principais cereais, juntamente com trigo, milho e cevada. Representada por um grupo de espécies do gênero *Avena*, ela possui adaptação ecológica mais ampla do que a do trigo e da cevada. Tem sido um cereal com grande desenvolvimento em climas úmidos, e também uma cultura importante em climas mediterrâneos (Holden 1979).

A aveia pertence à família das Gramineae, sendo mais freqüentemente classificada na subfamília Pooideae, tribo Aveneae, gênero *Avena* L. (Clayton & Renvoize 1986).

As espécies do gênero *Avena* ocorrem em três níveis de ploidia: diplóides  $2n = 2x = 14$ , tetraplóides  $2n = 4x = 28$  e hexaplóides  $2n = 6x = 42$ . Todas possuem meiose regular. Dentro de cada grupo ocorrem formas cultivadas, as quais somente sobrevivem sob cultivo. No grupo diplóide, os grãos das espécies *strigosa* e *brevis* servem para alimentação, com significado agrícola em alguns países. No grupo tetraplóide, a *A. abyssini-*

*ca* é mais cultivada na Etiópia. No grupo hexaplóide, o complexo *A. sativa - byzantina - nuda* é o mais importante, economicamente, entre todas as espécies cultivadas.

As relações entre as espécies de *Avena* não são tão claras como entre as espécies de *Triticum*, no qual a filogenia imediata das espécies hexaplóides é conhecida.

Linnaeus, em 1753, reconheceu e descreveu quatro espécies de aveia hexaplóide: *A. fatua*, *A. sterilis*, *A. sativa* e *A. nuda* (Coffman 1961).

O gênero *Avena* foi subdividido por Ladizinsky & Zohary (1971) e Ladizinsky (1989) em quatorze espécies biológicas, agrupadas pela morfologia, citogenética e ecologia comparativas, conforme Tabela 1.

No nível diplóide foram incluídas oito espécies morfológica e citologicamente distintas, na maioria com intenso isolamento reprodutivo. As três diplóides *A. clauda*, *A. ventricosa* e *A. longiglumis* constituem espécies selvagens simples, bem definidas. *A. strigosa* é citogenética e biologicamente complexa; contém agregados de formas selvagens, plantas invasoras e derivados cultivados. A espécie *A. atlantica* ( $2n = 2x = 14$ ) foi recentemente descrita. As análises citogenéticas e de cruzamentos (Leggett 1987) indicam que esta espécie é semelhante à *A. strigosa*, da qual pode ser originária. Outra espécie recentemente descrita é *A. canariensis* ( $2n = 2x = 14$ ), endêmica nas

**TABELA 1. Relação entre a classificação em espécies biológicas e a classificação convencional do gênero *Avena*.**

Espécies biológicas	Tipos morfológicos principais ou "espécies", de acordo com as classificações convencionais	Número de cromossomos (2n)
1. <i>A. ventricosa</i>	<i>A. ventricosa</i>	14
2. <i>A. clauda</i>	<i>A. clauda</i> , <i>A. eriantha</i>	14
3. <i>A. longiglumis</i>	<i>A. longiglumis</i>	14
4. <i>A. prostrata</i>	<i>A. prostrata</i>	14
5. <i>A. damascena</i>	<i>A. damascena</i>	14
6. <i>A. strigosa</i>	<i>A. strigosa</i> , <i>A. brevis</i> , <i>A. hirtula</i> , <i>A. wiestii</i>	14
7. <i>A. atlantica</i>	<i>A. atlantica</i>	14
8. <i>A. canariensis</i>	<i>A. canariensis</i>	14
9. <i>A. macrostachya</i>	<i>A. macrostachya</i>	28
10. <i>A. barbata</i>	<i>A. barbata</i> , <i>A. abyssinica</i> , <i>A. vaviloviana</i>	28
11. <i>A. agadiriana</i>	<i>A. agadiriana</i>	28
12. <i>A. magna</i>	<i>A. magna</i>	28
13. <i>A. murphyi</i>	<i>A. murphyi</i>	28
14. <i>A. sativa</i>	<i>A. saiva</i> , <i>A. sterilis</i> , <i>A. fatua</i>	42

Fonte: Ladizinsky & Zohary (1971) e Ladizinsky (1989).

Ilhas Canárias de Lanzarote e Fuerteventura, e encontrada, ainda que raramente, também em Tenerife; a estrutura do lema é similar à das aveias hexaplóides e tetraplóides *A. magna*, *A. murphyi* e *A. agadiriana*, com as quais é compatível em cruzamentos. A espécie *A. canariensis* também se cruza naturalmente com *A. strigosa* e *A. prostrata* (Ladizinsky 1989). Uma decisão segura quanto à manutenção de *A. atlantica* e *A. canariensis* como espécies biológicas depende de mais informações quanto à fertilidade, citogenética e genética da separação do florete (Ladizinsky 1989).

Além disso, o gênero *Avena* contém outros seis agrupamentos de espécies poliplóides: *A. macrostachya* (4x), *A. barbata* (4x), *A. agadiriana* (4x), *A. magna* (4x), *A. murphyi* (4x) e *A. sativa* (6x). Os três complexos poliplóides *A. magna*, *A. murphyi* e *A. sativa* mostram afinidade entre si, e são caracteristicamente diferentes das demais espécies poliplóides. O membro hexaplóide deste aglomerado, *A. sativa*, é extremamente variável, abrangendo uma gama de formas selvagens (*A. sterilis*), plantas invasoras (*A. fatua*) e derivados domesticados (*A. sativa* - *A. byzantina*), todas interférteis e de grande dispersão.

Uma característica diferencial entre os hexaplóides é a forma de desarticulação dos flósculos. As formas selvagens (*A. sterilis*) e plantas invasoras (*A. fatua*) possuem debulha natural. Entretanto, nas formas convencionalmente classificadas, como *A. sterilis*, a ráquila desarticula na base da flor inferior; assim, a espiguetta inteira (menos as glumas), que contém dois ou mais floretes, funciona como um diásporo composto na desarticulação. Por outro lado, nas formas comumente agrupadas em *A. fatua*, as flores desarticulam individualmente. As variedades domesticadas são todas caracterizadas pela ausência de desarticulação natural. Em *A. sativa*, no sentido restrito, a ráquila, quando submetida à pressão, quebra na base do flósculo superior, enquanto em *A. byzantina*, o segmento de ráquila permanece ligado ao flósculo superior (Holden 1979).

Um resumo do conhecimento das relações entre as espécies é apresentado por Holden (1979), baseado em afinidades de genomas (Holden 1966, Ladizinsky 1971, Ladizinsky 1973) e na morfologia e ecologia comparativa (Ladizinsky &

Zohary 1971). Este quadro (Fig. 1) foi modificado pela inclusão de informações mais atuais fornecidas por Leggett (1987) e Ladizinsky (1989).

A diferenciação estrutural de cromossomos e a hibridação seguida de duplicação cromossômica foram sugeridos como os dois mecanismos evolutivos principais que determinaram a especiação em aveias (Rajhathy & Thomas 1974). A diferenciação estrutural atua primariamente ao nível diplóide, e é mais óbvia entre diplóides com genomas A e C (Nishiyama & Yabuno 1975).

O grupo de espécies portadoras do genoma A é dividido em dois subgrupos AsAs e tAtA (Nishiyama & Yabuno 1975). Neste último estariam incluídos os genomas Al, Ad, Ac e Ap, os quais possuem algumas translocações em relação ao genoma As. Cinco espécies diplóides (*A. strigosa*, *A. brevis*, *A. nudibrevis*, *A. hirtula* e *A. wiestii*) foram incluídas no subgrupo AsAs. O genoma As é amplamente distribuído também nos tetraplóides (*A. barbata*, *A. vaviloviana* e *A. abyssinica*) e provavelmente em todas as espécies hexaplóides. Os autores acima citados postularam As como o genoma primário ou muito próximo ao protótipo de *Avena*. A espécie *A. hirtula* seria provavelmente o tipo mais primitivo do qual os outros diplóides derivaram. O genoma CC seria mais antigo que os do subgrupo tAtA (AdAd, ApAp, AcAc e AlAl).

Nishiyama et al. (1989) analisaram as relações genômicas através de cruzamentos interespecíficos em aveia, nos três níveis de ploidia. No grupo diplóide com genoma A, detectaram alta afinidade entre os cinco genomas As, Al, Ad, Ac e Ap, sendo que Al e Ap, demonstraram possuir maior número de cromossomos com translocações em relação aos outros diplóides. No grupo de genoma C encontraram alguns diplóides interférteis, enquanto outros altamente estéreis, quando cruzados entre si, *A. pilosa* (CpCp) e *A. clauda* (CpCp) foram completamente interférteis, enquanto cruzamentos envolvendo *A. pilosa* (CpCp) e *A. ventricosa* (CvCv) foram altamente estéreis.

Leggett (1987) descreve o nível tetraplóide como dividido em três grupos: *A. macrostachya*, *A. magna-murphyi* e *A. barbata*. Ladizinsky (1989) acrescenta a este nível mais uma espécie biológica, *A. agadiriana*. Esta última foi desco-

berta recentemente, no Marrocos (Baum & Fedak 1985), e é morfologicamente indistinguível de *A. canariensis*, embora tetraplóide.

O primeiro grupo, *A. macrostachya*, que é pere-ne, revela intensa freqüência de fecundação cruzada, enquanto as outras espécies de *Avena* são

anuais e de autofecundação. Os híbridos interespecíficos entre *A. macrostachya* versus *A. murphyi* (4x) e *A. macrostachya* versus *A. sativa* (6x) indicam que *A. macrostachya* não teve maior participação na evolução da aveia cultivada hexaplóide (Leggett 1985).

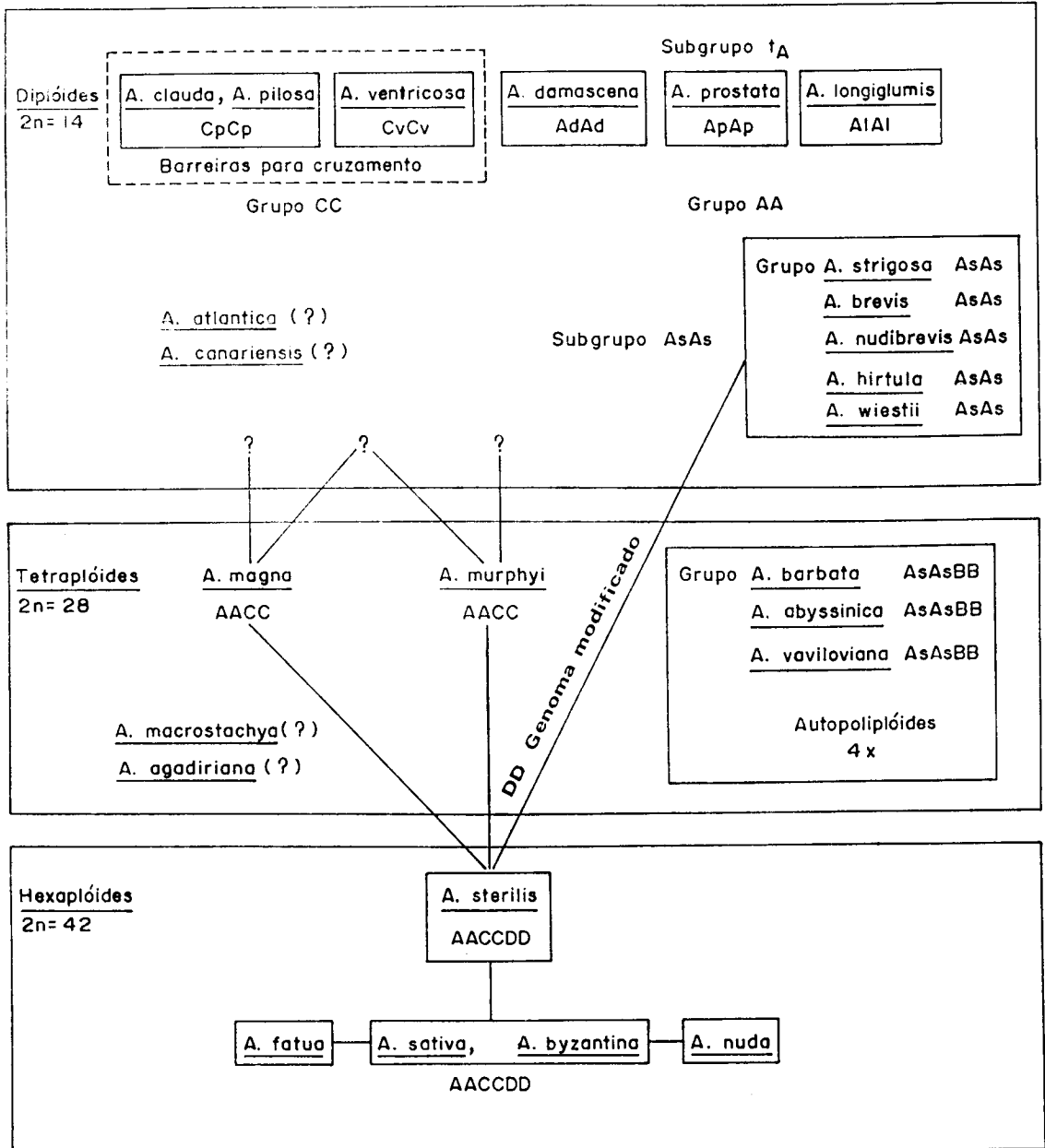


FIG. 1. Níveis de poliploidia no gênero *Avena* e o relacionamento entre as espécies dos diferentes grupos com base em estudos citogenéticos, morfológicos e ecológicos (modificado de Holden, 1979).

O grupo  *barbata* de tetraplóides é essencialmente autopoliplóide na origem, derivado diretamente dos diplóides  *strigosa* (Holden 1966). As evidências citogenéticas ou morfológicas não indicam contribuição deste grupo para a evolução das aveias hexaplóides. Através de cruzamentos interespecíficos foi evidenciada, ao nível tetraplóide, uma clara diferenciação entre  *A. magna* (AA CC) e  *A. barbata* (AsAs BB) em que o genoma A do primeiro é claramente diferenciado dos genomas As ou Al (Nishiyama et al. 1989).

O grupo  *barbata* teria evoluído independentemente, incluindo formas selvagens, plantas invasoras e cultivadas.

O outro grupo de tetraplóides, incluindo  *A. murphyi* -  *A. magna* ( *A. maroccana*) (genomas AA CC), é indicado com evidências fornecidas por análises morfológicas, bioquímicas e citológicas como envolvido na evolução dos hexaplóides (Murphy et al. 1968, Sadanaga et al. 1968, Steer & Thomas 1976), embora sem prova definitiva. O tetraplóide ancestral das espécies hexaplóides teria derivado do complexo  *A. magna* -  *A. murphyi* (Ladizinsky & Zohary 1971, Rajhathy & Thomas 1974, Holden 1979, Leggett 1984).

O terceiro genoma é indicado por Ladizinsky & Zohary (1971) como sendo  *A. strigosa*, o que foi evidenciado por resultados de cruzamentos entre este genoma e os prováveis ancestrais tetraplóides.

Entretanto, segundo Ladizinski (1989),  *A. magna* é compatível com a maioria das espécies de aveia. O comportamento meiótico dos híbridos de  *A. sativa* x  *A. magna* indicaram grande afinidade entre as duas espécies, mas, segundo o autor, este resultado não apóia  *A. magna* como o ancestral tetraplóide das aveias hexaplóides.  *A. murphyi* também hibridiza com a maior parte das espécies do grupo  *Avena*, mas do ponto de vista citogenético é ainda mais distantemente relacionado às aveias hexaplóides do que  *A. magna* (Ladizinsky 1989).

Por outro lado, Steer & Thomas (1976), utilizando a comparação de mobilidades eletroforéticas da enzima carboxilase ribulose bifosfato, codificada pelo genoma do cloroplasto, mostraram que os diplóides de genoma A contêm a enzima designada como "rápida" (fast), enquanto diplóides

com genoma C contêm a enzima designada como "lenta" (slow). Está evidenciado que a mobilidade desta molécula na descendência é sempre dependente do genitor materno. As comparações dos pontos isoeletricos desta enzima, extraída de espécies e híbridos de  *Avena*, deram evidências conclusivas de que diplóides do genoma A originaram o genoma citoplasmático de  *A. sativa*.

A falta de um elo para a elucidação da origem do grupo  *sativa* é salientada por Ladizinsky & Zohary (1971) e Holden (1979). Segundo esses autores, pelo menos uma espécie diplóide, por ora ainda desconhecida, pode ser predita como um ancestral comum a  *A. magna*,  *A. murphyi* e  *A. sterilis*. Esta(s) espécie(s) apresentaria(m) características adaptativas, morfológicas e afinidade genômica detectável citologicamente, ou seja, um diplóide  *Avena* semelhante à  *A. sterilis*, com grandes espiguetas rústicas, desarticulação com grande cicatriz e lema com ponta denticulada.

Segundo Holden (1979), uma única origem poderia explicar a variabilidade nos hexaplóides (AACDD), uma vez que todas as espécies são completamente interférteis, sendo que as duas mais cultivadas,  *A. sativa* e  *A. byzantina*, diferem taxonomicamente apenas pelo tipo de fratura durante a debulha.  *A. nuda*, de menor representação e com distribuição geográfica característica, seria uma variante de  *A. sativa* ou  *A. byzantina*, na qual o grão, na debulha, perde a pálea e o lema.

Existe controvérsia em relação ao ancestral hexaplóide das formas cultivadas. Duas possibilidades são  *A. fatua* ou  *A. sterilis*. Segundo Holden (1979),  *A. fatua* estaria relacionada como uma planta invasora especializada, ou seja, confinada a culturas e terras trabalhadas nas margens de cultivo. Porém, Poehlman (1910) cita  *A. fatua* como espécie selvagem hexaplóide crescendo como invasora em áreas dos Estados Unidos e Canadá. Por outro lado,  *A. sterilis* é um hexaplóide com distribuição geográfica mais ampla, que se sobrepõe a seus prováveis ancestrais diplóides e tetraplóides e é um pioneiro agressivo. Desta maneira,  *A. sterilis* seria um tipo hexaplóide básico do qual os outros evoluíram.

A hipótese acima é reforçada por dados obtidos em cruzamentos entre diferentes hexaplóides com

espécies diplóides e tetraplóides (Nishiyama et al. 1989). Nos híbridos envolvendo *A. sterilis* foi encontrado maior número de bivalentes do que quando outros hexaplóides eram utilizados. Estes dados sugerem a ocorrência mais freqüente de pareamento homeólogo entre os cromossomos das espécies diplóides e tetraplóides com os de *A. sterilis*.

Como demonstrado pelos trabalhos aqui descritos, a origem das aveias cultivadas é ainda obscura. A formação apenas de bivalentes, indica, fortemente, uma origem aloploplóide das aveias hexaplóides (Ladizinsky 1969). Entretanto, como já salientado por Holden (1966), a aloploplóidia simples poderia não ser a hipótese correta. O autor sugere uma origem mais complexa, em que tanto a autopoliploidia como a aloploplóidia segmentar, assim como mudanças estruturais de cromossomos, poderiam ter contribuído com importante papel.

Apesar das diferenças morfológicas e ecológicas ao nível hexaplóide, as espécies são todas interférteis, e provavelmente com o genoma AACDD. Em vista disto, Ladizinsky (1969) sugeriu que este grupo poderia ser constituído por entidades relacionadas geneticamente como raças, em vez de espécies independentes.

Estas características permitem maior utilização de germoplasmas exóticos no melhoramento de aveia, a fim de aumentar a variabilidade genética dentro do grupo, ou transferir genes específicos para genótipos cultivados.

### **Possibilidades e implicações no melhoramento genético de aveia**

O melhoramento de plantas consiste em criar variabilidade, selecionar e testar os genótipos recolhidos em diferentes ambientes. Portanto, para haver progresso no potencial genético de qualquer espécie, é de fundamental importância a existência de variabilidade na constituição da população. A ausência de variabilidade, em qualquer grau, tornará sem efeito a mais intensa das ações em termos de seleção.

A estreita variabilidade genética dentro do conjunto gênico das espécies cultivadas de plantas é um fenômeno do sistema agrícola contemporâ-

neo, determinando uma grande uniformidade da constituição genética. A introgressão de germoplasma exótico das espécies selvagens em cultivadas poderá ser uma parte integrante dos programas de melhoramento (Stalker 1980, Murphy & Frey 1984) que poderá permitir uma minimização dos efeitos de uniformização da constituição genética. Certos problemas de melhoramento somente poderão ser resolvidos por cruzamentos amplos envolvendo representantes de diferentes espécies ou gêneros.

A hibridação interespecífica poderá ser utilizada com o objetivo de transferir caracteres agrônômicos importantes de um genótipo doador para uma cultivar recorrente. A troca de genes entre espécies cultivadas e selvagens com genomas similares poderá conduzir a um vasto reservatório potencial de variabilidade genética (Hadley & Openshaw 1980).

O gênero *Avena* contém um grande número de espécie que se diferenciam pelos níveis de ploidia, número de genomas e variações em caracteres morfológicos e agrônômicos. Conseqüentemente, o emprego destas diferentes espécies, em hibridações artificiais no melhoramento, poderá ser de grande contribuição no sentido de intensificar e ampliar a variabilidade dos genótipos cultivados.

As espécies selvagens e plantas invasoras ao nível hexaplóide do gênero *Avena* compartilham o mesmo genoma com as cultivadas (AACDD). As outras espécies com diferentes níveis de ploidia, mas portadoras de genomas afins, também integram o conjunto gênico homólogo. Em princípio, os genes neste conjunto homólogo podem ser transferidos diretamente por pareamento e permuta. Entretanto, a transferência pode ser complicada por esterilidade causada pelas diferenças no número de cromossomos ou barreiras de incompatibilidade, especialmente em cruzamentos envolvendo espécies com diferentes níveis de ploidia. Nos híbridos oriundos destes cruzamentos, é freqüente a esterilidade cromossômica ou gênica nos indivíduos F1 ou degeneração na geração F2.

Os resultados de várias investigações indicam que o conjunto gênico de *A. fatua* ( $2n = 6x = 42$

AACCCDD) e de *A. sterilis* ( $2n = 6x = 42$  AACCCDD) - o provável ancestral hexaplóide da aveia cultivada - representa uma fonte promissora de variabilidade para uma ampla gama de caracteres quantitativos (Imam & Allard 1965, Brown & Craddock 1972, Campbell & Frey 1972, Spilde et al. 1974, Lyrene & Shands 1975, Langer et al. 1978, Murphy & Frey 1984, Luby & Stuthman 1983, Reich & Brinkman 1984).

Os dados registrados por Ladizinsky & Feinshtein (1977) e por Thomas et al. (1980) mostraram que *A. magna* ( $4x = 28$  - genoma AACCC), embora tetraplóide, pode ser cruzada diretamente com *A. sativa*, representando uma valiosa fonte de variação em programas de melhoramento, especialmente em termos de aumento do tamanho do grão. Vários retrocruzamentos para o grupo cultivado, com posterior seleção, têm demonstrado ser uma técnica eficaz na obtenção de genótipos citologicamente estáveis.

As barreiras interespecíficas para o cruzamento entre espécies de diferentes níveis de ploidia podem ser ultrapassadas pela utilização de espécies "pontes". Assim, anfiplóides sintéticos de *A. abyssinica* H. ( $2n = 28$  genoma AsAsBB) x *A. strigosa* S. ( $2n = 14$  genoma AA), foram utilizados como pontes a fim de transferir alguns genes de interesse agrônômico do grupo *strigosa* para o grupo *sativa* (Forsberg & Shands 1969 e Forsberg et al. 1969).

Em programas delineados para explorar a introgressão de caracteres desejáveis de espécies selvagens em espécies cultivadas, uma questão importante é quanto do genoma da espécie selvagem pode ser introduzido sem ocasionar distúrbios no genoma adaptado da espécie cultivada. Frey (1977) estimou que nas progênes oriundas do cruzamento entre *A. sativa* e *A. sterilis*, até 12% do genoma de *A. sterilis* poderá ser tolerado, obtendo-se, assim, tipos morfologicamente aceitáveis. Este nível de introgressão é aproximadamente equivalente a dois retrocruzamentos.

Existem poucas informações sobre espécies selvagens de *Avena* no estado do Rio Grande do Sul. Entretanto, Dillenburg (1984) descreve as espécies *A. sterilis* (6x), *A. fatua* (6x), *A. barbata* (4x), *A. strigosa* (2x), ocorrendo em áreas de cul-

tivo e em margens de estradas, em cidades do interior do Rio Grande do Sul.

Conseqüentemente, fica evidenciada a viabilidade do uso de espécies selvagens para auxiliar o melhoramento das espécies cultivadas, tanto no incremento do potencial de rendimento de grãos como na alteração de outros caracteres de importância, que genes deletérios oriundos de cruzamentos artificiais interespecíficos poderão ser facilmente eliminados através de adequada pressão de seleção em diferentes gerações segregantes.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. New York: J. Willey, 1971. 381p.
- BAUM, B.R.; FEDAK, G. *Avena atlantica*, a new diploid species of the oat genus from Morocco. **Canadian Journal of Botany**, v.63, p.1057-1060, 1985.
- BROWN, C.; CRADDOCK, J. Oil content and groat weight of entries in the world oat collection. **Crop Science**, Madison, v.12, p.514-515, 1972.
- CAMPBELL, A.; FREY, K. Association between groat protein percentage and certain plant and seed traits in interspecific oat crosses. **Euphytica**, Wageningen, v.21, p.325-362, 1972.
- CLAYTON, W.P.; RENVOIZE, S.A. **Genera graminum grasses of the world**. London: Royal Botanic Gardens, 1986. 389p. (Key Bulletin Additional Series, v.13).
- COFFMAN, F.A. **Oats and oat improvement**. Madison: the American Society of Agronomy, 1961. 650p.
- DILLENBURG, C.R. Identificação das espécies do gênero *Avena* (Gramineae) coletados no Estado do Rio Grande do Sul (Brasil). **Anuário Técnico do Instituto de Pesquisas Zootécnicas "Francisco Osório"**, Porto Alegre, v.11, p.65-102, 1984.
- FORSBERG, R.A.; SHANDS, H.L. Breeding behavior of 6x-anfhiploid x *Avena sativa* F1 Hybrids. **Crop Science**, v.9, p.67-69, 1969.
- FORSBERG, R.A.; WANG, S.; SHANDS, H.L. Meiotic behavior and sterility in an *Avena* pentaploid
- Pesq. agropec. bras., Brasília, v.28, n.4, p.499-507, abr. 1993.

- crosses. **Euphytica**, Wageningen, v.33, p.907-913, 1984.
- SADANAGA, K.F.; ZILLINSKY, F.; MURPHY, H.; SMITH, R. Chromosome associations in triploid, tetraploid and pentaploid hybrids of *Avena magna* ( $2n = 28$ ). **Crop Science**, Madison, v.18, p.594-597, 1968.
- SPLIDE, L.A.; ALBRECHTSEN, R.S.; RUMBAUGH, M.D.R. Relationship of protein percent with other phenotypic characters in interspecific oat crosses. **Crop Science**, Madison, v.14, p.767-769, 1974.
- STALKER, H. Utilization of wild species for crop improvement. **Advances Agronomy**, New York, v.33, p.111-147, 1980.
- STEER, M.; THOMAS, H. Evolution of *Avena sativa*: origin of the cytoplasmic genome. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v.18, p.769-771, 1976.
- THOMAS, H.; HAKI, J.; ARANGZEB, S. The introgression of characters of the wild oat *Avena magna* ( $2n = 4x = 28$ ) into the cultivated oat *A. sativa* ( $2n = 6x = 42$ ). **Euphytica**, Wageningen, v.29, p.391-399, 1980.