

Avaliação de trigo sintético hexaplóide de primavera visando o melhoramento para aumento de variabilidade genética

Valéria Carpentieri-Pipolo^{1*} ; Tammy Aparecida Manabe Kiihl¹, Guilherme Silva²; Rafael Rieder³

¹Engenheira-agrônoma, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisadora. Embrapa Trigo, Rodovia BR 285, Km 294, Caixa Postal 3081, CEP 99050-970 Passo Fundo, RS. (*)Autor para correspondência: valeria.carpentieri-pipolo@embrapa.br

²Acadêmico do curso de Engenharia da Computação, Universidade de Passo Fundo, BR 285, Passo Fundo, RS

³ Doutor em Ciência da Computação, Professor da Universidade de Passo Fundo, BR 285, Passo Fundo, RS.

Os trigos sintéticos resultam do cruzamento entre uma espécie tetraploide (*Triticum turgidum*, AABB) e uma espécie diploide (*Aegilops tauschii*, DD), originando um híbrido estéril, seguido por duplicação cromossômica através de colchicina para restabelecer um trigo hexaplóide fértil.

A caracterização de acessos dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) possibilita dimensionar a variabilidade genética existente em um “pool” gênico e otimizar sua utilização em programas de pré-melhoramento. A avaliação da diversidade genética em trigos sintéticos é de suma importância para a melhoria do trigo pois sabe-se que neles pode ser encontrado muitos alelos e genes para aumento de produtividade, resistência/tolerância a estresses bióticos e abióticos, passíveis de serem explorados em programas de melhoramento de plantas.

O objetivo do trabalho foi avaliar morfo-agronomicamente acessos de trigo sintético, enviados pelo CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo), conservados no BAG da Embrapa Trigo e estimar a divergência genética através de análises multivariadas.

O ensaio foi conduzido em campo, na área experimental na Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. Foram avaliados 110 genótipos de trigo sintético em delineamento experimental de blocos aumentados e como testemunhas utilizou-

se as cultivares de trigo (*Triticum aestivum*): BRS Angico, BRS Guamirim, BRS Timbauva, BRS Guabijú.

As parcelas foram compostas por seis fileiras de 8 m com espaçamento de 0,20 m entre filas. Foram avaliados os caracteres morfo-agronômicos: dias da emergência ao florescimento (DF); dias da emergência ao espigamento (DE); dias da emergência a maturação (DM); altura de planta em cm (AP) por meio da avaliação de 25 plantas da parcela, rendimento de grãos em kg.ha⁻¹ (RG).

Os dados dos caracteres analisados foram submetidos à análise de variância e testada a significância pelo teste F. Posteriormente, com base nas médias dos caracteres avaliados, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Cruz et al. ,2014) entre todos os pares de genótipos. Com base na matriz de distância genética, foi empregado o método de agrupamento de Tocher construído um dendrograma utilizando o método de agrupamento da distância média (UPGMA) por meio do Aplicativo Computacional em Estatística Genes (Cruz, 2001).

A análise de variância apontou efeito significativo dos tratamentos para todos os caracteres, o que indica que os genótipos são contrastantes. O rendimento apresentou correlação significativa para dias para o florescimento (0,57) ($P < 0,05$), e dias para espigamento (2,23) ($P < 0,01$) e não apresentou correlação com dias para maturação e altura de planta. Houve correlação significativa entre dias de espigamento, dias para florescimento e dias para maturação ($P < 0,05$).

A distância entre os acessos possibilitou a formação de 8 grupos de diversidade (Tabela 2) o grupo I reuniu maior grupo de genótipos sugerindo que estes fazem parte de um mesmo grupo heterótico. Para as combinações recomenda-se que sejam realizadas entre genótipos de grupos distintos, adicionalmente, é necessário que os genótipos destinados a hibridações associem elevado potencial de produtividade. Atendido este requisito, existe grande possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, devido à ocorrência de heterose e a ação de genes complementares (FALCONER & MACKAY, 1996).

As variáveis que contribuíram com mais de 80% da variação entre os acessos foram RG (43%), DM (22%) e DE (15%).

Existe variabilidade genética a ser explorada nos trigos sintéticos conservados no BAG da Embrapa Trigo.

Visto que a diversidade genética é um problema potencial para a continuidade de programas de melhoramento a longo prazo, estes resultados são importantes para a criação de novas combinações híbridas interessantes para programas de pré-melhoramento e melhoramento de trigo.

Referências Bibliográficas

CRUZ, C. D. . **Programa GENES** - versão windows. Aplicativo computacional em Genética e Estatística. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2001. v. 1. 648 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2014. 668 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Londres: Editora Longman Group, 1996, 464p.

Tabela 1- Resultado do agrupamento de 110 genótipos de trigo Sintético da Coleção Ativo de germoplasma da Embrapa Trigo, identificados como potenciais fontes para rendimento de grãos, altura de plantas e precocidade no florescimento e maturação. Passo Fundo, RS.

Característica	Genótipo ⁽¹⁾
Precocidade de espigamento < 85 dias*	CIGM88.1252-0B, CASW95Y00134S, CIGM89.559-1B, CIGM93.205, CIGM.93.403, CASS02B00011S, CASW94Y00064S, CASW94Y00065S, CBFUSARIUM ENT 025, CIGM88.1228-0B, CIGM88.1266-0B, CIGM93.267, CIGM92.1682, CBFUSARIUM ENT 014, CBFUSARIUM ENT 007, CIGM.93.302, CIGM93.294, CIGM.93.306, CIGM.93.305, CIGM.93.298, CBFUSARIUM ENT 030, CBFUSARIUM ENT 009, CIGM89.567, CIGM93.406, CIGM88.1351-0B, CIGM93.275, CIGM93.266, CIGM.93.271, CASW95Y00052S, CASW96Y00538S, CIGM.90909, CIGM93.242, CIGM93.268, CIGM92.1713, CIGM93.200, CIGM92.1702, CIGM93.177, CASS03GH00084S, CIGM.93.403, CIGM92.1849, CASW94Y00054S, CIGM92.1666, CIGM92.1696, M6 SYNTHETIC, CIGM92.1698, CIGM93.225 <i>BRS ANGICO</i> , <i>BRS GUAMIRIM</i> , <i>BRS TIMBAUVA</i> , <i>BRS GUABIJÚ</i> .
Maturação < 140 dias*	CIGM88.1266-0B, CBFUSARIUM ENT 009, CBFUSARIUM ENT 014, CIGM89.559-1B, CIGM89.559-4B, CIGM89.567, CBFUSARIUM ENT 007, CIGM90.896, CIGM92.1629, CASS03GH00029S, CASS03GH00084S, CIGM93.395, CIGM92.1712, CIGM92.1680, CIGM93.267, CIGM93.406, CIGM92.1706, CIGM.93.403, CIGM.93.302, CIGM93.294, CIGM.93.306, CIGM.93.305, CIGM.93.298, CIGM92.1682, CIGM.90909, CIGM93.242, CIGM93.275, CIGM93.266, CIGM.93.271, CIGM93.268, CIGM92.1713, CIGM92.1849, CIGM93.205, CIGM92.1702, CIGM93.177, CIGM88.1351-0B, CIGM93.200, CASW94Y00054S, M6 SYNTHETIC, CIGM93.225, CIGM93.225, <i>CIGM92.1698</i> , CIGM92.1696, CIGM92.1666, <i>BRS ANGICO</i> , <i>BRS TIMBAUVA</i> , <i>BRS GUABIJÚ</i> , <i>BRS GUAMIRIM</i> ,
Altura de planta < 120 cm**	CASS03GH00084S, CASW94Y00059S, CIGM.93.298, CASW94Y00064S, CASW94Y00277S, CIGM92.1712, CIGM92.1680, CIGM93.267, CIGM.93.271, CIGM92.1682, CASW94Y00065S, CBFUSARIUM ENT 007, CBFUSARIUM ENT 025,

	CIGM92.1713, CIGM.90909, CIGM.93.403, CIGM.93.403, CIGM93.268, CIGM92.1629, CASW95Y00139S, CBFUSARIUM ENT 009, CBFUSARIUM ENT 014, CIGM.93.302, CIGM93.294, CIGM.93.306, CIGM92.1849, CIGM93.205, CIGM93.395, CBFUSARIUM ENT 030, CIGM.93.305, CIGM93.177, CIGM93.406, CIGM88.1351-0B, CIGM92.1698, CIGM92.1702, CASW94Y00054S, CIGM92.1706, CIGM93.200, CIGM93.242, CIGM93.275, CIGM92.1696, BRS ANGICO, CIGM92.1666, M6 SYNTHETIC, CIGM93.266, CIGM93.225 <i>BRS GUABIJÚ, BRS GUAMIRIM, BRS TIMBAUVA</i> ,
Rendimento > 4000 kg/ha**	CBFUSARIUM ENT 007, CBFUSARIUM ENT 009, CASS03GH00084S, CIGM88.1266-0B, <i>BRS TIMBAUVA, BRS TIMBAUVA</i> ,

¹Genótipos em itálico são cultivares comerciais de trigo comum (*T. aestivum*) utilizadas como testemunhas (BRS Guamirim, BRS Timbauva, BRS Guabiju, BRS Angico)

* e ** valores significativos p 0,05 e p ≤ 0,01.

Tabela 2. Agrupamento de genótipos de trigo sintético do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo, pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de distância genética. Passo Fundo, RS.

Grupo	Genótipos
< 1 >	CASW00GH00019S, CASW02GH00045S, CASW96Y00529S, CASW02GH00010S, CASS03GH00077S, CASW95Y00101S, CASW02GH00010S, CASW02GH00012S, CASW96Y00530S, CASW02GH00005S, CASW96Y00533S, CASW95Y00070S, CASW95Y00085S, CASS03GH00120S, CASS03GH00054S, CASW02GH00040S, CASW00GH00059S, CASW94Y00144S, CASW94Y00115S, CASW94Y00097S, CASW98B00009S, CASW98B00011S, BRS ANGICO, CASW00GH00065S, CASS03GH00062S, CASW94Y00096S, CIGM89.559-4B, CASW02GH00077S, CASW00GH00061S, CASW94Y00102S, CASW94Y00099S, CASW94Y00116S, CASW94Y00090S, CASW94Y00010S, CASW94Y00080S, CASW98B00012S, CASW94Y00145S, CASW95Y00099S, CASW00GH00062S, CIGM88.1254-0B, CASW95Y00134S, CASW94Y00098S, CASS02B00011S, CASS03GH00067S, CASW02GH00002S, CASW98B00032S, CIGM88.1252-0B, CASS03GH00099S, CIGM88.1228-0B, CASW94Y00059S, CIGM88.1313-1B, CASW94Y00277S, CASW98B00036S, CIGM89.559-1B, CASW94Y00136S, CASW95Y00052S.
< 2 >	CIGM92.1682, CIGM93.267, CIGM.93.271, CIGM93.268, CIGM.90909, CIGM92.1713, CIGM93.294, CIGM.93.306, CIGM.93.302, CIGM.93.305, CIGM.93.298, CIGM93.406, CIGM92.1680, CIGM93.205, CIGM93.177, CIGM92.1702, CIGM93.242, CIGM88.1351-0B, CIGM93.200, CIGM93.266, CIGM.93.403, CIGM92.1849, CASW94Y00065S, CASW94Y00064S, CIGM93.395, CIGM92.1712, CBFUSARIUM ENT 030, CBFUSARIUM ENT 025, CASW94Y00054S, CASS03GH00029S, CASW94Y00063S
< 3 >	CIGM92.1753, CIGM93.209, CIGM92.1745, CASW96Y00526S, CIGM88.1250-0B, CASW98B00039S
< 4 >	CBFUSARIUM ENT 007, CBFUSARIUM ENT 009, CASS03GH00084S, CBFUSARIUM ENT 014, CIGM88.1266-0B, CIGM89.567, CASW96Y00538S
< 5 >	¹ BRS ANGICO, BRS GUABIJÚ, BRS GUAMIRIM, BRS TIMBAUVA
< 6 >	CIGM90.896, CIGM92.1629
< 7 >	CASW95Y00139S
< 8 >	CASW94Y00120S

¹BRS ANGICO, BRS GUABIJÚ, BRS GUAMIRIM, BRS TIMBAUVA- testemunhas