

## COLEÇÃO NUCLEAR DE TRIGO

Sandro Bonow<sup>1</sup>, Pedro Luiz Scheeren<sup>1</sup>, Márcio Só e Silva<sup>1</sup>, Luciano Consoli<sup>1</sup>, Eduardo Caierão<sup>1</sup>, Gisele Abigail Montan Torres<sup>1</sup>, José Pereira da Silva Junior<sup>1</sup>, Márcia Soares Chaves<sup>1</sup>, Martha Zavariz de Miranda<sup>1</sup> e Maria Imaculada Pontes Moreira Lima<sup>1</sup>

### Resumo

O objetivo do trabalho foi formar uma coleção nuclear de trigo que representasse a variabilidade genética presente no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo. Para efeito da formação da coleção foram considerados nesse estudo somente acessos de *Triticum aestivum*. Inicialmente, os acessos foram classificados em dois estratos: A) linhagens/cultivares melhoradas no Brasil e B) linhagens e cultivares introduzidas. A seleção de acessos a partir dos estratos foi realizada com base no conhecimento de melhoristas, curadores e outros profissionais ligados à cultura do trigo, assim como em informações de origem geográfica e diversidade conhecida dos acessos. Foi estabelecida uma coleção nuclear de trigo com 240 genótipos sendo, desses, 130 linhagens/cultivares melhoradas no Brasil e 110 linhagens/cultivares melhoradas em outros países.

### Introdução

Nas últimas décadas, com o objetivo de aumentar a diversidade genética disponível e evitar perdas de germoplasma com potenciais genes de interesse, um enorme esforço foi dedicado à coleta e conservação, em bancos de germoplasma, de recursos genéticos. Com o passar dos anos, principalmente para as espécies mais importantes para a agricultura, os bancos de germoplasma acumularam milhares de acessos. Essa foi uma iniciativa importante, pois os recursos genéticos são finitos, passíveis de serem erodidos e, portanto, necessitam serem conservados. Entretanto, o crescimento das coleções não foi acompanhado por uma intensidade de uso equivalente, gerando descompasso entre a disponibilidade de germoplasma e o uso real desses por parte dos programas de pré-melhoramento e melhoramento. Assim, estava posta a situação da potencial variabilidade conservada, mas pouco utilizada. A principal razão para essa situação é a não avaliação de características de interesse dos genótipos conservados, principalmente devido ao montante de recursos financeiros, mão-de-obra e tempo exigido para a execução das avaliações nos milhares de acessos. A falta de informações acarreta o desinteresse dos melhoristas sobre os acessos sendo esse o principal motivo apontado para o uso incipiente dos recursos genéticos conservados por parte dos programas de melhoramento. Segundo Dreisigacker *et al.* (2005), existem milhares de genótipos conservados no mundo, porém, a maioria inadequadamente explorado para um eficiente uso no melhoramento de plantas.

Uma alternativa para essa situação é a construção de coleções nucleares a partir de coleções conservadas. Uma coleção nuclear é um limitado grupo de acessos representando, com um mínimo de repetitividade, a máxima diversidade genética conservada de uma espécie e seus parentes silvestres, ou seja, representa com o máximo de fidelidade possível a riqueza alélica presente em determinada coleção (FRANKEL, 1984). A coleção núcleo é estabelecida visando facilitar e fomentar, por parte dos melhoristas, o uso da variabilidade conservada. Os acessos da coleção receberão maior atenção relacionada a avaliação das principais características de interesse para os programas de melhoramento e sobre os quais deve-se formar uma base de dados sólida. Atualmente existem várias recomendações de estratégias de como formar coleções nucleares e podem ser encontradas em Balfourier *et al.* (1999), Van Hintum (1999), Van Hintum *et al.* (2000), Vasconcelos *et al.* (2007), entre outros.

No Brasil, a formação de coleções nucleares tem sido utilizada para algumas culturas, entre elas as de arroz (ABADIE *et al.* 2005) e de milho (TEIXEIRA *et al.* 2006). A Embrapa Trigo, localizada em Passo Fundo, RS, possui um Banco Ativo de Germoplasma de Trigo o qual foi implantado em 1978. Nesse Banco de Germoplasma estão conservados a médio prazo, em temperatura de aproximadamente 3 °C e umidade relativa do ar de 35%, mais de 8.000 acessos de espécies de trigo e

<sup>1</sup> Pesquisador EMBRAPA Trigo, Centro Nacional de Pesquisa de Trigo, Passo Fundo, RS, CEP: 9901-970 . E-mail: bonow@cnpct.embrapa.br

afins. Apesar desse grande número de acessos conservados parte significativa tem sido pouco explorada. O objetivo deste trabalho foi formar uma coleção nuclear de trigo que representasse a variabilidade genética presente no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo.

## Material e Métodos

Para efeito da formação da coleção foram consideradas nesse estudo somente acessos de *Triticum aestivum*. Os acessos foram classificados em dois estratos: A) linhagens/cultivares melhoradas no Brasil e B) linhagens e cultivares introduzidas. Em seguida, foram obtidas as informações disponíveis sobre a genealogia, origem geográfica, dados de passaporte e utilização no programa de melhoramento de trigo da Embrapa Trigo, entre outras.

A seleção de acessos a partir do estrato linhagens/cultivares melhoradas no Brasil foi realizada com base no conhecimento de melhoristas, curadores e profissionais das áreas de solos, de qualidade tecnológica, de prospecção de genes, de fitopatologia, entre outros. Além disso, foram considerados na seleção, dados de passaporte, genealogia, programa de melhoramento de origem e importância no melhoramento de trigo no Brasil.

Para o estrato englobando os acessos oriundos de outros países, a escolha foi baseada nos dados de passaporte disponíveis e principalmente na origem geográfica dos acessos. Esse último critério levou em consideração o agrupamento por país da diversidade genética do germoplasma de trigo no mundo, conforme Balfourier *et al.* (2007).

## Resultados e Discussão

Para a construção da coleção nuclear foram considerados 4.574 acessos. O grupo com linhagens/cultivares melhoradas no Brasil foi constituído por 1.849 acessos enquanto que o grupo de linhagens/cultivares oriundas de outros países 2.725 acessos.

Em função da capacidade de estudos levando em conta as atividades previstas de plantio, caracterização morfológica, molecular e avaliação à campo para as principais características de interesse relacionadas a estresses bióticos e abióticos, o número de acessos julgado adequado para a coleção foi de 240, representando 5,24% dos acessos considerados. Destes, 130 são genótipos oriundos do grupo de linhagens/cultivares melhoradas no Brasil e 110 são genótipos do grupo de linhagens/variedades melhoradas em outros países. A proporção foi de 54,2% de germoplasma melhorado no Brasil e 45,8 % oriundo de melhoramento em outros países. A maior percentagem do germoplasma nacional procurou abranger a variabilidade disponível adaptada às condições de cultivo nacional. Enquanto que os 45 % de acessos melhorados em outros países procurou incorporar a possível diversidade oriunda de outros locais.

Materiais do grupo melhorado no Brasil representam fortemente alelos não-neutros selecionados para adaptação a condições de cultivo no país, o que é muito relevante para os programas de melhoramento. Segundo Brown (1989), a representação desses alelos deve ser maximizada na coleção nuclear. Esse aspecto também foi considerado na formação da coleção nuclear de arroz para o Brasil (ABADIE *et al.*, 2005).

Procurou-se inserir na coleção nuclear genótipos nacionais incluindo acessos representativos das cultivares lançadas desde o início das pesquisas com trigo no Brasil até as mais recentes, abrangendo toda diversidade disponível desde a chegada do trigo no Brasil.

Na escolha dos 110 genótipos a partir do grupo linhagens/cultivares melhoradas em outros países, foram selecionados genótipos com origem em 52 países. Nesses estavam incluídos acessos com classificação em ambos grupos bioclimáticos, de primavera e de inverno. Na escolha dos acessos, o principal critério considerado foi a origem geográfica. Brown e Spillane (1999) afirmam que vários critérios são utilizados para estabelecer coleções nucleares, destacando-se a origem geográfica dos acessos (95%) seguido de caracteres morfológicos (77%).

É importante salientar que essa foi a formação inicial da coleção nuclear e procurou representar a variabilidade genética de interesse e que fosse constituída de um número de acessos adequado aos

estudos de pré-melhoramento. Destaca-se ainda que essa é uma coleção dinâmica e com o decorrer dos resultados dos estudos em andamento, a mesma poderá ser ampliada e/ou modificada se necessário.

## Conclusões

Foi formada uma coleção nuclear de trigo com 240 genótipos a partir de acessos de *Triticum aestivum* pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Trigo da Embrapa Trigo. Desses, 130 são linhagens/cultivares melhoradas no Brasil e 110 são linhagens/cultivares melhoradas em outros países. Essa coleção será a base para estudos de pré-melhoramento nos próximos anos na Embrapa Trigo.

## Referências

ABADIE, T.; CORDEIRO, C.M.T.; FONSECA, J.R.; ALVES, R.B.N.; BURLE, M.L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P.H.N.; CASTRO, E.M.; SILVA, H.T.; FREIRE, M.S.; ZIMMERMANN, F.J.P.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 40, n. 2, p. 129-136, fev.2005.

BALFOURIER, F. PROSPERI, J.M.; CHARMET, G.; GOULARD, M.; MONASTIEZ, P. Using spatial patterns of diversity to develop core collections. In: Johnson, R.C.; Hodgkin, I. *Core Collections for today and tomorrow*. IPGRI, Roma, Italia, 1999.

BALFOURIER, F.; ROUSSEL, V.; STRELCHENKO, P.; VINSON, F. E.; SOURDILLE, P.; BOUTET, G.; KOENIG, J.; RAVEL, C.; MITROFANOVA, O.; BECKERT, M.; CHARMET, G. A Worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate. *Theoretical and Applied Genetics*. v. 114, n. 7, p. 1265-1275, 2007.

BROWN, A.H.D. Core collections: a practical approach to genetic resources management. *Genome*. v.31, p. 818-824, 1989.

BROWN, A.H.D.; SPILLANE, C. Implement core collections ó principles, procedures, progress, problems and promise. In: Johnson, R.C.; Hodgkin, T. *Core collections for today and tomorrow*. IPGRI, Roma, Italia, 1999.

DREISIGACKER, S.; ZHANG, P.; WARBURTON, M.L.; SKAVMAND, B.; HISINGTON, D.; MELCHINGER, E. Genetic diversity among and within CIMMYT wheat landrace acessions investigated with SSR and implications for plant genetic resources management. *Crop Science*, v. 45, p. 653-661, 2005.

FRANKEL, O.H. Genetic perspectives of germoplasm conservation. In: ARBER, W.K.; LIMENSEE, K.; PEACOCK, W.J.; STARLINGER, P. (Eds). *Genetic Manipulation: impact on man and society*. Cambridge University Press, Cambridge, P. 161-1170. 1984.

TEIXEIRA, F.F.; DURÃES, F.O.M.; ALBUQUERQUE, P.E.P; ANDRADE, C.L.T.; GANMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; CARDOSO, M.J. Avaliação de acessos da coleção núcleo de milho quanto a tolerância ao déficit hídrico. Sete Lagoas:Embrapa Milho e Sorgo, Documento 52, .18 p, 2006.

VAN HINTUM, T. J. L. The general methodology for creating a core collection. In: Johnson, R.C.; Hodgkin, T. *Core collections for today and tomorrow*. IPGRI, Roma, Italia, 1999

VAN HINTUM, T. J. L.; BROWN, A.H.D.; SPILLANE, C.; HODGKIN, T. Core Collections of Plant Genetic Resources. International Plant Genetic Resources Institute, IPGRI. Technical Bulletin, n. 3, 43p., 2000 Roma, Italia.

VASCONCELOS, E.S.; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L., FERREIRA, A. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 42, n.4, p. 507-514, abril 2007.