

Controle genético da tolerância ao alumínio em milho

Flávia F. Mendes¹, Sidney N. Parentoni², Lauro J. M. Guimarães², Paulo E. O. Guimarães², Cleso A. P. Pacheco², Jane R. A. Machado², Walter F. Meirelles² e Adelmo R. da Silva²

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento - Universidade Federal de Lavras, e-mail: flvmendes2001@yahoo.com.br, ²Pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.

Palavras-chave: componentes genéticos, toxidez por alumínio, *Zea mays*.

Introdução

Grande parte dos solos brasileiros destinados à produção de milho apresenta problemas de acidez e toxidez por alumínio (Al^{3+}). Altas concentrações deste elemento no solo podem causar efeitos danosos às plantas. A redução da taxa de crescimento radicular de plantas sensíveis tem sido considerado o principal efeito de níveis tóxicos de alumínio, afetando o alongamento e a divisão celular. Esta restrição diminui a capacidade da planta em obter água e nutrientes do subsolo em virtude do enraizamento superficial, tornando-a, portanto, mais sensível à seca, retardando seu crescimento e, conseqüentemente, reduzindo o potencial produtivo das mesmas (FERREIRA et al., 2006).

Altos rendimentos de grãos de milho neste tipo de solo têm sido obtidos graças à utilização de corretivos. Entretanto, as técnicas atualmente disponíveis para este fim são eficientes para correções apenas em camadas superficiais. Segundo Ferreira et al. (2006) ainda não se conhece uma metodologia que permita controlar adequadamente o alumínio permutável na parte subsuperficial dos solos, além da grande extensão de áreas de solos que apresentam acidez nociva em grau considerável. Uma alternativa seria o emprego de genótipos mais tolerantes a níveis considerados tóxicos de alumínio.

A identificação de genótipos tolerantes ao Al vem sendo realizada com sucesso utilizando teste em solução nutritiva. Este tipo de teste tem sido conveniente, pois permite avaliar um grande número de genótipos em etapas iniciais de um programa de melhoramento com maior controle experimental, além de apresentar algumas vantagens, como rapidez, menor custo operacional, maior facilidade de avaliação e satisfatória eficiência (FURLANI et al., 2000).

Para se estabelecer as bases de um programa de seleção para tolerância ao alumínio é importante considerar alguns aspectos, entre eles, conhecer o controle genético dessa característica. Assim, o melhorista poderá utilizar estratégias mais apropriadas para se obter sucesso nos programas de melhoramento. Um dos métodos que têm sido utilizados para estudo do controle genético de uma dada característica é a análise genética de médias de diversas gerações a partir de um cruzamento biparental (genitores, F_1 , F_2 , retrocruzamentos), permitindo quantificar a importância relativa dos efeitos gênicos que constituem as médias das populações em estudo. Estas informações incluem estimativas da magnitude e importância relativa dos efeitos aditivos, de dominância e ainda de efeitos epistáticos no controle de uma dada característica. Análises de média de gerações têm sido utilizadas para estimar efeitos gênicos tanto em espécies alógamas quanto em autógamias e estas estimativas têm sido obtidas para várias características como produção de grãos e seus componentes e tolerância a estresses bióticos e abióticos (PARENTONI, 2008).



Outra metodologia que tem sido utilizada para estudo do controle genético de características quantitativas é o estudo de variâncias. Esta metodologia apresenta algumas vantagens, entre elas, possibilitar estimar a herdabilidade e o ganho genético com a seleção, além de obter as estimativas sem o cancelamento de desvios genéticos de sinais opostos, como ocorre com os componentes de médias, pois esses são elevados ao quadrado. O emprego de variância, no entanto, exige cuidados específicos, pois ele normalmente é associado a erros acentuados porque os desvios são elevados ao quadrado (BERNARDO, 2002).

O controle genético para a tolerância ao alumínio em milho já foi estudado por diversos autores, empregando diferentes técnicas de avaliação e germoplasmas, (MAGNAVACA, 1982; PATERNIANI; FURLANI, 2002; CANÇADO et al., 2002). Contudo, os resultados obtidos são controversos. Por isso, o objetivo deste trabalho foi obter informações sobre o controle genético da tolerância ao alumínio em milho utilizando componentes de médias e variâncias.

Material e métodos

Para o estudo do controle genético da tolerância ao alumínio foram usadas duas linhagens mantidas pela Embrapa Milho e Sorgo (Cateto e L53) e as respectivas gerações F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂. Estas linhagens foram escolhidas por serem contrastantes quanto à tolerância ao alumínio, sendo a linhagem Cateto considerada tolerante e a L53 sensível.

Os genótipos foram avaliados em solução nutritiva de acordo com Magnavaca (1982) em dois experimentos com pH ajustado para 4, sendo um ensaio sem adição e outro com adição de alumínio (6ppm). Antes do transplântio para as bandejas contendo a solução nutritiva, as sementes foram desinfetadas e mantidas por 24 horas em solução completa com pH = 4 e sem alumínio. Posteriormente, essas sementes foram germinadas por três dias em papel de germinação úmido. A germinação teve início em 16/03/2009 e as plântulas foram transplantadas para solução em 19/03/2009. Os experimentos foram conduzidos durante dez dias em câmara de crescimento com 12 horas de luz e 12 horas de escuro com temperatura constante de 27°C durante o dia e 21°C durante a noite.

Anotaram-se as seguintes características: crescimento inicial de raiz seminal (CIR) realizado no momento do transplântio para as bandejas contendo a solução nutritiva e crescimento final da raiz seminal (CFR), realizado 10 dias após o transplântio. A partir destes dados, calculou-se o crescimento líquido de raiz seminal (CLR = CFR - CIR) e o crescimento relativo da raiz seminal (CRR = CFR-CIR/CIR) para os dois ambientes, com e sem alumínio.

Para cada experimento, calcularam-se as médias e variâncias do CLR e CRR de cada geração. Posteriormente foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos e também estimados os componentes de médias considerando o modelo aditivo-dominante. Para as análises utilizou-se o programa computacional Genes (CRUZ, 1997).

Resultados e discussão

As estimativas das médias e variâncias das características comprimento líquido de raiz seminal (CLR) e comprimento relativo de raiz seminal (CRR) estão apresentadas na Tabela 1. Foi verificado que o estresse causado pela presença de Al na solução provocou, em média, uma redução de 28% no CLR. Para a linhagem Cateto observou-se uma redução de 2% no



CLR e para a linhagem L53 uma redução de 54% confirmando a tolerância e sensibilidade destas linhagens ao Al, respectivamente. A mesma tendência pode ser observada para CRR, com uma redução em média de 22% quando as plantas foram cultivadas na presença de Al.

O CLR ou o CRR são preferidos para inferir sobre a tolerância de um dado genótipo ao alumínio, pois essas características retiram o efeito do crescimento inicial da raiz seminal (CIR). Um genótipo pode apresentar alta estimativa de crescimento final de raiz quando crescido em ambiente com Al, contudo, se o crescimento inicial da raiz for elevado, a estimativa do CFR também será elevado mesmo que o genótipo seja suscetível. Por isso, neste trabalho, a tolerância ao alumínio foi considerada quando os genótipos apresentaram altos valores de CLR e CRR em solução nutritiva contendo Al.

Para CLR e CRR, os resultados do cruzamento Cateto x L53 mostram que a tolerância ao Al em milho comportou-se como um caráter quantitativo (Tabela 1). As médias das gerações F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12} , para CLR e CRR foram superiores às médias do genitor tolerante no ensaio contendo 6ppm de alumínio, indicando dominância para tolerância ao Al. O F_1 teve comportamento superior em relação aos pais indicando presença de heterose nos dois ambientes. A geração F_1 apresentou, em média, 120 cm e 115 cm a mais de CLR em relação à média dos pais nos ambientes sem Al e com Al, respectivamente.

No ambiente sem Al, para a característica CLR, observou-se maior variância para a população RC_{12} seguida pelas populações F_2 e RC_{11} (Tabela 1). Entretanto, para a característica CRR, houve uma maior variância entre os indivíduos da linhagem L53 (0,79). Infere-se, portanto, que houve uma grande variação ambiental para CRR no ensaio sem alumínio em solução nutritiva.

As estimativas dos componentes de variâncias para CLR e CRR estão apresentados na Tabela 2. Para CLR, tanto no ambiente sem alumínio quanto no ambiente com alumínio, ambos os efeitos aditivos e não aditivos foram importantes para explicar a variação genética para essa característica. Contudo, houve predomínio dos efeitos não aditivos para discriminar os genótipos de milho quanto ao grau de tolerância ao alumínio. Constatou-se também que a herdabilidade no sentido amplo foi maior para CLR que para CRR e que o grau médio de dominância para CLR foi de 3,38 com estimativas de 23 genes controlando a tolerância ao Al. Para CRR, observou-se estimativas de variâncias negativas, não sendo possível, portanto, estimar o grau médio de dominância para essa característica em ambos os ensaios (Tabela 2).

No ensaio com alumínio não foi possível obter estimativa de herdabilidade no sentido restrito para CRR devido à ausência de variância aditiva. Por outro lado, para CLR a herdabilidade no sentido restrito foi de 13,37% e 89,69% no sentido amplo, indicando que essa característica é mais útil para o melhorista que CRR.

As estimativas dos componentes de médias considerando o modelo aditivo-dominante estão apresentados na Tabela 3. Os resultados mostram que as médias dos genótipos para CLR se ajustam ao modelo aditivo-dominante, com estimativas de R^2 de 89% no ambiente sem estresse e de 99,55% para o ambiente com estresse. Infere-se, portanto, que o modelo aditivo-dominante é suficiente para explicar a variabilidade para essas duas características. As estimativas dos parâmetros genéticos aditivos (\hat{a}) e de dominância (d) indicam que os efeitos de dominância correspondem à maior parte da variação genética para CLR, confirmando os resultados obtidos pela análise de componentes de variâncias.

A partir dos resultados das análises de componentes de médias e variâncias conclui-se que há predominância de efeitos de dominância para tolerância ao alumínio em milho.



Tabela 1 Número de plantas, médias e variâncias de comprimento líquido de raiz seminal (CLR) e comprimento relativo de raiz seminal (CRR), na ausência e presença de alumínio.

Geração	Sem Al					Com Al				
	N° Plantas	CLR		CRR		N° Plantas	CLR		CRR	
		Média	Var.	Média	Var.		Média	Var.	Média	Var.
Cateto	20	76,44	161,9	2,05	0,05	20	74,68	54,8	1,92	0,02
L-53	15	111,29	372,3	2,80	0,79	15	50,89	19,4	1,67	0,07
F1	25	214,36	335,6	3,23	0,08	25	178,11	156,4	2,66	0,06
F2	248	172,62	1058,5	2,71	0,28	246	125,05	745,4	2,26	0,13
RC11	78	148,54	519,6	2,64	0,10	81	131,16	440,0	2,25	0,08
RC12	81	208,46	1082,6	2,92	0,22	77	111,15	951,1	2,13	0,25
Média		155,29		2,73			111,84		2,15	

Tabela 2 Estimativas de variâncias fenotípicas, genotípicas e aditivas devido à dominância e de herdabilidades no sentido amplo e restrito, do grau médio de dominância e do número de genes controlando as características comprimento líquido de raiz (CLR) e comprimento relativo de raiz (CRR), nos ensaios com e sem alumínio em solução nutritiva

	Sem Al		Com Al	
	CLR	CRR	CLR	CRR
Var. fenotípica	1058,50	0,283	745,37	0,137
Var genotípica	768,57	-0,023	76,84	0,048
Var aditiva	514,89	0,25	99,68	-0,06
Var. dominância	253,68	-0,27	568,85	0,146
Var ambiental	289,94	0,30	76,84	0,05
Herdabilidade ampla (%)	72,61	-	89,69	65,05
Herdabilidade restrita (%)	48,64	87,29	13,37	-
Gmd	0,99	-	3,38	-
N° de genes	7	7	23	-

Tabela 3 Estimativas dos componentes de médias baseadas em modelo aditivo-dominante para CLR nos ensaios com e sem Al

	Sem Al			Com Al		
	CLR			CLR		
	estimativa	variância	t	estimativa	variância	t
m	107,87	5,84	44,65**	63,44	0,92	66,11**
a	31,86	5,59	13,47**	12,52	0,93	13,97**
d	121,16	19,63	27,35**	117,75	5,34	50,94**
R ²	89,34			99,55		
Gmd	3,80			9,40		

m: média; a: medida de efeito aditivo; d: medida dos desvios de dominância; GMD: grau médio de dominância.



Referências

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 368 p.

CANÇADO, G. M. de A.; PARENTONI, S. N.; BORÉM, A.; LOPES, M. A. Avaliação de nove linhagens de milho em cruzamentos dialélicos quanto à tolerância ao alumínio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, n. 4, p. 471-478, abr. 2002.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1997. 442 p.

FERREIRA, R. de P.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B. **Toxidez de alumínio em culturas anuais**. São Carlos, SP: Embrapa Pecuária Sudeste, 2006. 34 p. (Embrapa Pecuária Sudeste. Documentos, 63).

FURLANI, P. R.; DUARTE, A. P.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Tolerância ao alumínio em cultivares de milho. In: DUARTE, A. P.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. (Coord.). **Fatores bióticos e abióticos em cultivares de milho e estratificação ambiental**: avaliação IAC/CATI/Empresas -1999-2000. Campinas: IAC, 2000. p. 19-29. (IAC. Boletim científico, 5).

MAGNAVACA, R. **Genetic variability and the inheritance of aluminium tolerance in maize (*Zea mays* L.)**. 1982. 135 p. Tese (Doutorado) - University of Nebraska, Lincoln, 1982.

MAGNAVACA, R.; GARDNER, C. O.; CLARK, R. B. Evaluation of maize inbred lines for aluminum tolerance in nutrient solution. In: GABELMAN, H. W.; LONGHMAN, B. C. (Ed.). **Genetic aspects of plant mineral nutrition**. Dordrecht: Martinus Nijhoff Publishers, 1987. p. 225-265.

PARENTONI, S. N. **Estimativas de efeitos gênicos de diversos caracteres relacionados à eficiência e resposta ao fósforo em milho tropical**. 2008. 207 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2008.

PATERNIANI, M.; FURLANI, P. R. Tolerância à toxicidade de alumínio de linhagens e híbridos de milho em solução nutritiva. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 1, p. 11-16, 2002.

Apoio: FAPEMIG

