

patv

AA

## Caracterização e Conservação de Acessos do BAG-Trigo do IAPAR

Luiz Gustavo Batista Ferreira<sup>1</sup>, Angélica Araújo de Oliveira<sup>2</sup>, Juarez Campolina Machado<sup>3</sup>, Lauro Akio Okuyama<sup>4</sup>, Valter Geraldo Moretto<sup>5</sup>, Quelson Luiz Martins de Almeida<sup>5</sup> e Deoclecio Domingos Garbuglio<sup>5</sup>.

### Resumo

O objetivo do presente trabalho foi avaliar, caracterizar e conservar parte dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Trigo (BAGT) do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), e promover o pré-melhoramento de modo a ampliar a base genética do programa de melhoramento de trigo da instituição. Para a caracterização e avaliação dos acessos, em abril de 2010 foi semeada na área experimental do IAPAR em Londrina, 209 acessos do BAGT-IAPAR e 16 cultivares testemunhas em delineamento de látice simples (15x15), e tomados dados de 15 características morfológicas e agronômicas. Pela análise de diversidade genética foram obtidos 3 grupos nos quais os genótipos IA 072118 e T092150 ficaram em dois grupos isolados e o terceiro grupo reunindo os demais 223 genótipos. Este fato não representa diretamente uma base genética estreita do BAGT-IAPAR, uma vez que mais de 99% da variação está contida, na realidade, nas variáveis agronômicas: dias para maturação (MAT), espigamento (ESP), altura de plantas (AP) e comprimento de espigas (CE). Tomando-se como base o agrupamento de médias por Scott-Knott para essas variáveis e peso de grãos por espiga (PGEsp) foi constatada a formação de 4 grupos para as variáveis AP e ESP; 3 grupos para PGEsp e 2 grupos para CE, refletindo ampla diversidade dos acessos dentro de cada variável e no conjunto dessas variáveis. Pelas análises de correlação foi constatado um valor positivo entre CE e PGEsp e valor negativo entre ESP e PGEsp, ambos significativos. Dessa forma o direcionamento de cruzamentos para incremento de produtividade, entre genótipos deste conjunto, deve ser no sentido da obtenção de plantas com espigamento mais precoce e com maior tamanho de espigas. Pode-se inferir que o conjunto de acessos avaliados apresenta ampla base genética para as variáveis agronômicas. Os 225 acessos caracterizados representam 49% do total de acessos de trigo no BAGT-IAPAR que foram regenerados e multiplicados, podendo ser direcionados para cruzamentos focando pré-melhoramento e/ou melhoramento para obtenção de novas cultivares.

### Introdução

Há uma crescente preocupação com o estreitamento da base genética das cultivares modernas de trigo, uma vez que os melhoristas têm preferido utilizar linhagens elites como genitores nos programas de melhoramento genético (Reif et al., 2005). Esta estratégia abre uma lacuna entre as atividades de recursos genéticos e de melhoramento. Enquanto os pesquisadores envolvidos com recursos genéticos coletam e conservam a variabilidade, os melhoristas não têm explorado a diversidade disponível. Neste contexto, é notória a enorme variabilidade genética de trigo armazenada em bancos de germoplasma *ex situ* (FAO, 1996) que não tem sido utilizada no desenvolvimento de novas cultivares.

Uma forma clássica dos melhoristas identificarem novos genes de interesse é identificar características potencialmente úteis em um banco de germoplasma. Isto pode ocorrer durante a rotina de manutenção e caracterização dos acessos e, sobretudo com ações de pré-melhoramento, uma vez que os genes com potencial de uso no melhoramento e mantidos nas coleções, somente serão utilizados se identificados e incorporados nos genótipos elites.

Assim, o objetivo do presente trabalho foi multiplicar, caracterizar, conservar e promover o pré-melhoramento dos recursos genéticos do Banco Ativo de Germoplasma de Trigo (BAGT) do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR).

<sup>1</sup>Graduando em Agronomia, Universidade Estadual de Londrina. Bolsista Iniciação Científica CNPq. [luiz\\_agronomia@yahoo.com.br](mailto:luiz_agronomia@yahoo.com.br)

<sup>2</sup>Graduando em Agronomia, Universidade Estadual de Londrina. Bolsista Fundação Araucária. [angelica.olivei@hotmail.com](mailto:angelica.olivei@hotmail.com)

<sup>3</sup>Embrapa Gado de Leite, Melhoramento e Genética Vegetal, Rua Eugênio do Nascimento, 610, CEP 36038-330, Juiz de Fora - MG. [juarez@cnpgl.embrapa.br](mailto:juarez@cnpgl.embrapa.br)

<sup>4</sup>Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), Área de Ecofisiologia, Rod. Celso Garcia Cid, km 375, C.P. 481, 86001-970, Londrina, PR. [okuyama@iapar.br](mailto:okuyama@iapar.br)

<sup>5</sup>IAPAR, Área de Melhoramento e Genética Vegetal, Rod. Celso Garcia Cid, km 375, C.P. 481, 86001-970, Londrina, PR. [ddgarbuglio@iapar.br](mailto:ddgarbuglio@iapar.br)

SP 5392  
P. 170

## Material e Métodos

Para a caracterização e avaliação dos acessos, em abril 2010 foi plantada uma amostra de 209 acessos do BAGT-IAPAR e 16 cultivares testemunhas (BRS 229, BRS 249, BRS GUAMIRIM, BRS PARDELA, BRS TANGARÁ, FUNDACEP 51, FUNDACEP HORIZONTE, IPR 129, IPR 130, IPR 136, QUARTZO, VALENTE, BRS 264, RAÍZES, BRS 208, EMBRAPA 42), utilizando o delineamento em látice simples (15 x 15), com duas repetições e tomados dados de 15 características morfológicas e agrônômicas. As parcelas foram constituídas de três linhas de dois metros de comprimento no espaçamento de 0,17 m entre fileiras, instalado na estação experimental de Londrina. Os tratos culturais foram àqueles recomendados para a cultura.

As características mensuradas no presente trabalho foram hábito vegetativo da planta (HV); altura da planta (AP); espigamento com valor expresso em dias (ESP); posição da folha bandeira (FB); coloração das aurículas (AUR); diâmetro do colmo (DC) utilizando valores de 3 colmos por linhagem; forma de espiga (FE); comprimento da espiga (CE); presença de arista (ARI); cor da espiga (CES); a coloração e textura do grão (CGR e TGR), cerosidade dos grãos (CERG), peso de grãos por espiga (PGEsp) e dias para maturação (MAT).

Os dados para a caracterização dos acessos foram obtidos apenas da linha central de cada parcela, avaliando todas as plantas para as características quantitativas e uma amostra de 10 plantas para as qualitativas, baseando-se nos critérios mínimos exigidos pela legislação brasileira (BRASIL, 1997) e segundo os descritores de trigo sugeridos pelo *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR, 1985). Para as variáveis qualitativas, foram utilizadas as escalas apresentadas nos respectivos documentos e estes valores foram transformados para  $\sqrt{x + 0,5}$ .

Para todas as características avaliadas foram realizadas as análises de variância, agrupamento de médias, análise de correlação linear simples, análise da diversidade genética utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância Euclideana média padronizada seguido de agrupamento pelo método de Tocher, conforme descritas por Cruz et al. (2004).

## Resultados e Discussão

Foi constatado que a média de eficiência do látice foi de 1,42% com IC<sub>50%</sub>: [99,3 ~ 103,4%], representando pouca eficiência em relação ao delineamento de blocos ao acaso. Treze variáveis, com exceção de ARI e CES, apresentaram significância pelo teste F (Tabela 1), indicando que pelo menos um genótipo difere dos demais para cada variável. Os coeficientes de variação oscilaram entre 4,82 (MAT) e 18,78% (CERG), indicando boa precisão experimental dada a magnitude de variação de cada característica analisada.

**Tabela 1.** Quadrados médios obtidos através de análise de variância, para 15 variáveis morfológicas e agrônômicas, em 225 acessos de trigo do BAG-Trigo do IAPAR. Safra 2010.

FV	GL	Quadrados Médios							
		ARI <sup>(1)</sup>	CESP <sup>(1)</sup>	FE <sup>(1)</sup>	CE	MAT	HV <sup>(1)</sup>	AP	PGEsp
Repetições	1	0.04	0.01	0.09	243.47	81.07	0.00	346.72	0.40
Genótipos	224	0.02	0.02	0.13*	190.12**	48.51**	0.11**	117.35**	0.20**
erro	224	0.02	0.02	0.10	66.47	27.35	0.03	37.01	0.06
Médias		5	1	3	91	108	3	90	1.45
CV%		6.57	9.85	16.2	8.93	4.82	9.89	6.76	17.57
<b>continuação...</b>									
FV	GL	ESP	FB <sup>(1)</sup>	AUR <sup>(1)</sup>	CERG <sup>(1)</sup>	TGR <sup>(1)</sup>	CGR <sup>(1)</sup>	DC	
Repetições	1	62.72	0.53	0.27	0.04	0.03	0.01	0.40	
Genótipos	224	80.31**	0.16**	0.11**	0.10**	0.11**	0.04**	0.46**	
erro	224	9.41	0.07	0.05	0.04	0.04	0.01	0.30	
Médias		64	3	1	1	4	3	3.94	
CV%		4.83	14.77	15.36	18.78	8.78	6.34	13.83	

\*, \*\* significativo a 5 e 1% pelo teste F



Variáveis analisadas: habito vegetativo da planta (HV); altura da planta (AP); espigamento com valor expresso em dias (ESP); posição da folha bandeira (FB); coloração das aurículas (AUR); diâmetro do colmo (DC) utilizando valores de 3 colmos por linhagem; forma de espiga (FE); comprimento da espiga (CE); presença de arista (ARI); cor da espiga (CES); a coloração e textura do grão (CGR e TGR), cerosidade dos grãos (CERG), peso de grãos por espiga (PGEsp) e dias para maturação (MAT).

<sup>(1)</sup>: Médias originais apresentadas, e análises realizadas com médias transformadas para  $\sqrt{x+0,5}$

Pela análise de diversidade genética e agrupamento pelo método de Tocher (Tabela 2), foram obtidos 3 grupos nos quais os genótipos IA 072118 e T092150 ficaram em dois grupos isolados e o terceiro grupo reunindo os demais 223 genótipos. Este fato não representa diretamente uma base genética estreita do BAGT-IAPAR, uma vez que mais de 99% da variação está contida, na realidade, nas variáveis agrônomicas MAT, ESP, AP e CE.

**Tabela 2.** Agrupamento de 225 genótipos do programa de melhoramento do IAPAR, com base no método de Tocher.

Grupos	Genótipos
I	IA 072118
II	T092150
III	Demais acessos caracterizados no experimento (n=223)

Tomando-se como base o agrupamento de médias por Scott-Knott (dados não apresentados) para essas variáveis e PGEsp, que faz parte dos componentes de produção em trigo, foi constatada a formação de 4 grupos para as variáveis AP e ESP; 3 grupos para PGEsp e 2 grupos para CE, refletindo ampla diversidade dentro de cada variável e no conjunto dessas variáveis. Pelas análises de correlação (Tabela 3) foi constatado um valor positivo entre CE e PGEsp e valor negativo entre ESP e PGEsp, ambos significativos. Dessa forma o direcionamento de cruzamentos, para incremento de produtividade, entre genótipos deste conjunto, deve ser no sentido da obtenção de plantas com espigamento mais precoce e com maior comprimento de espigas, onde esta última poderá afetar diretamente não só o número de grãos de por espigas, como também DC ( $r=0,37^{**}$ ).

**Tabela 3.** Estimativa de correlações fenotípicas entre 15 variáveis morfológicas e agrônomicas, obtidas em dados de 225 genótipos de trigo. Safra 2010

	ARI	CESP	FE	CE	MAT	HV	AP	ESP
ARI	1							
CESP	-0.14*	1						
FE	0.06	-0.15*	1					
CE	0.06	0.01	-0.03	1				
MAT	0.13	-0.18**	0.06	0.08	1			
HV	0.08	-0.10	0.07	0.08	0.30**	1		
AP	-0.23**	0.13*	-0.07	0.11	0.00	-0.04	1	
ESP	0.20**	-0.25**	0.09	0.10	0.65**	0.43**	-0.13*	1
FB	-0.05	0.07	0.03	-0.12	-0.12	-0.18**	-0.02	-0.22**
AUR	-0.11	0.04	-0.11	0.07	-0.09	-0.07	0.09	-0.19**
CERG	-0.01	0.02	0.08	0.14*	0.21**	0.23**	0.04	0.25**
TGR	-0.12	0.09	0.04	-0.10	-0.17*	-0.08	0.09	-0.17*
CGR	-0.13	0.09	0.05	-0.10	-0.17*	-0.08	0.09	-0.16*
DC	-0.01	-0.05	0.12	0.37**	0.16*	0.19**	0.05	0.11
PGEsp	0.00	0.03	0.09	0.36**	-0.08	-0.02	-0.06	-0.17*
continuação...								
	FB	AUR	CERG	TGR	CGR	DC	PGEsp	
FB	1							
AUR	-0.07	1						
CERG	0.10	-0.17*	1					

TGR	0.02	0.10	-0.06	1			
CGR	0.01	0.10	-0.06	0.99**	1		
DC	-0.11	-0.01	0.26**	-0.06	-0.05	1	
PGEsp	0.15*	-0.06	0.18**	-0.27**	-0.26**	0.34**	1

\*,\*\* significativo a 5 e 1% pelo teste t

Variáveis analisadas: hábito vegetativo da planta (HV); altura da planta (AP); espigamento com valor expresso em dias (ESP); posição da folha bandeira (FB); coloração das aurículas (AUR); diâmetro do colmo (DC) utilizando valores de 3 colmos por linhagem; forma de espiga (FE); comprimento da espiga (CE); presença de arista (ARI); cor da espiga (CES); a coloração e textura do grão (CGR e TGR), cerosidade dos grãos (CERG), peso de grãos por espiga (PGEsp) e dias para maturação (MAT).

Tendo em vista, ainda, a correlação positiva existente entre DC e PGEsp ( $r=0,34^{**}$ ), a seleção para genótipos com maiores espessuras do colmo poderão implicar em maiores rendimentos por espigas.

A seleção para materiais com espigamento mais precoce poderá resultar tanto em uma redução no número de dias para maturação fisiológica ( $r=0,65^{**}$ ), quanto para materiais de hábito vegetativo tendendo a prostrado ( $r=0,43^{**}$ ).

Pode-se inferir que o conjunto de acessos avaliados apresenta ampla base genética para as variáveis agrônomicas. Os 225 acessos caracterizados representam 49% do total de acessos de trigo no BAGT-IAPAR que foram regenerados e multiplicados, podendo ser direcionados para cruzamentos focando pré-melhoramento e/ou melhoramento para obtenção de novas cultivares, assim como, para programas de retrocruzamentos.

#### Agradecimentos

À Fundação Araucária e ao Conselho Nacional de Pesquisa-CNPq, pelo apoio financeiro e concessão de bolsas ao projeto.

#### Referências

BRASIL (1998) Secretaria de Desenvolvimento Rural. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. Portaria, n.215, de 14 de julho de 1998. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, n.134, p.38-41, 16 julho 2000, Seção 1.

CRUZ CD, REGAZZI AJ e CARNEIRO PCS. (2004) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** (volume 1). Editora UFV, Viçosa, 480p.

FAO Food and agriculture organization of the United Nations, (1996) **The state of the world's plant genetics resources for food and agriculture**. FAO, Rome.

IBPGR International Board for Plant Genetic Resources. (1995) **Wheat descriptors** (Revised), IBPGR, Rome, 12p.

REIF JC, ZHANG P e DREISIGACKER S. (2005) Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, v.110, p.859-864.



