HERANÇA GENÉTICA DA TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM LINHAGENS MELHORADAS DE TRIGO

Briena Moreira Moreno (PIBIC/FA), Anderson Carlos Finger (Co-orientador), Rodrigo Rodrigues Matiello (Orientador), e-mail: rrmatiel@uepg.br

Universidade Estadual de Ponta Grossa/Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade

Ciências Agrárias/Agronomia/Fitotecnia/Melhoramento Vegetal

Palavras-Chave: *Triticum aestivum*, ação gênica, número de genes, melhoramento vegetal.

Resumo

O objetivo deste trabalho foi determinar os mecanismos envolvidos no controle genético da tolerância ao Al em linhagens de trigo, em relação à ação gênica e ao número de genes envolvidos. O experimento foi conduzido no delineamento de blocos aleatorizados, com três repetições. Os tratamentos foram dispostos em esquema de parcela subdividida, avaliando-se nas parcelas o efeito de seis famílias e nas subparcelas o efeito das gerações (parentais, F_1, F_2 e retrocruzamentos). A avaliação fenotípica da tolerância ao Al foi realizada através da metodologia da solução mínima (Ca + Al), avaliando-se o comprimento da raiz principal antes e após à exposição ao Al. Os resultados evidenciaram que a ação gênica aditiva foi predominante na tolerância ao Al, com um número de genes variando de 3,26 a 13,76.

Introdução

O trigo é uma das culturas agrícolas mais sensíveis a ação tóxica do alumínio (Al). O efeito tóxico principal é a inibição do crescimento radicular, reduzindo a absorção de água e nutrientes. Ampla variabilidade genética tem sido relatada para a tolerância ao Al em diversos germoplasma de trigo. O conhecimento da herança desta caraterística é de grande importância para o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes ao Al. Desta forma, este trabalho teve como objetivo determinar os mecanismos envolvidos no controle genético da tolerância ao Al em linhagens melhoradas de trigo do programa de melhoramento genético da UEPG, no que diz respeito à ação gênica e ao número de genes.

Materiais e Métodos

Foram avaliadas seis famílias, compostas pelas gerações: parentais, F_1, F_2 e retrocruzamentos. A avaliação fenotípica foi realizada para a tolerância ao Al, através da metodologia da solução mínima (Ca + Al). O delineamento experimental foi de blocos aleatorizados com três repetições. Os tratamentos foram dispostos em esquema de parcela subdividida, avaliando-se nas parcelas o efeito das famílias e nas subparcelas o efeito das gerações. Para cada plântula foi determinado o comprimento inicial (PL) e o final (SL) da raiz principal (48h em solução mínima). A partir desses valores foi determinado o DIF. Os dados de DIF foram submetidos as análises estatísticas e genéticas no programa Genes (Cruz, 2016).

Resultados e Discussão

A estimativa do número de genes (*n*) efetivos para a tolerância ao Al variou de 3,26 a 13,76 genes. Os efeitos genéticos demonstraram que a maior contribuição para a variação de DIF foi devido aos efeitos genéticos aditivos, com valores variando de 25,94 a 91,92%.

Tabela 1: Estimativas da variância fenotípica (σ^2_F), genotípica (σ^2_G), ambiental (σ^2_e), herdabilidade no sentido amplo ($\hat{h}^2_a$), heterose ($\hat{H}$), heterose percentual ($\hat{H}_{\%}$) e número de genes (*n*).

Parâmetros	Famílias					
	L34 x Ana	L59 x L62	L72 x L59	L72 x L62	L77 x L24	BH x Ana
$\hat{\sigma}^2_f$	0,37	0,08	0,09	0,08	0,48	0,90
$\hat{\sigma}^2_m$	0,07	0,04	0,03	0,03	0,11	0,09
$\hat{\sigma}^2_g$	0,30	0,05	0,06	0,05	0,38	0,81
$\hat{h}^2_a$	81,35	56,85	65,81	61,66	78,19	90,01
$\hat{H}$ (cm)	0,33	0,09	-0,28	-0,07	-0,28	0,53
$\hat{H}$ (%)	29,38	11,07	-23,97	-5,71	-10,53	28,40
N	6,32	8,71	13,76	7,34	5,06	3,26

Conclusões

As elevadas estimativas da variância genética, associada ao pequeno efeito ambiental para a tolerância ao Al, indicam possibilidade de sucesso e ganho com a seleção artificial.

O controle genético da tolerância ao Al possui herança poligênica, com ação gênica predominantemente aditiva com número médio de 7,4 genes.

Agradecimentos

Agradeço a Fundação Araucária (FA) pelo apoio financeiro para o desenvolvimento deste projeto e também pela bolsa de Iniciação Científica (PIBIC), ao meu Orientador Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello, ao meu co-orientador MSc. Anderson Carlos Finger e aos demais colegas de laboratório pela colaboração.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, v. 38, n. 4, p. 547 - 552, 2016.