



GENES DE RESISTÊNCIA RELACIONADOS A GIBERELA NO TRIGO

GABRIELA VIANNA; MARCELI RAQUEL BURIN

RESUMO

O trigo (*Triticum aestivum*) é uma gramínea da família Poaceae, muito utilizada para produção de alimentos humanos e animais. Esse cereal é comumente acometido pela doença fúngica conhecida como Giberela, causada pelo agente microbiano *Gibberella zeae* (*Fusarium graminearum*). Por meio do melhoramento genético e as técnicas da biologia molecular tornou-se possível selecionar genótipos de interesse para o cruzamento e obtenção de novas cultivares resistentes a doença. Esse processo depende do conhecimento do sistema de defesa e da interação dos genes de resistência da planta, por isso essa pesquisa buscou investigar a base de dados existente referente aos QTLs (Quantitative Traits Loci) relacionados a resistência a giberela conhecidos atualmente. Como metodologia utilizou-se a plataforma Google Acadêmico para a realização da revisão bibliográfica, delimitando os resultados encontrados com palavras-chave como Resistência, Giberela, Genes, QTL e *Fusarium graminearum*, no período de 2018 a 2022. A partir da pesquisa foram encontrados quatro locos de resistência a giberela no trigo comum (*Triticum aestivum*), sendo eles o Fhb1, Fhb2, Fhb4 e Fhb5 e três em trigos silvestres Fhb3, Fhb6 e Fhb7. Dentre as cultivares existentes hoje, sabe-se que a Sumai-3 e a Frontana possuem maior resistência ao fungo. Portanto, por meio da revisão bibliográfica, foi possível perceber os poucos genes de defesa conhecidos relacionados a esse patógeno, sendo necessário novos mapeamentos de QTLs. Além disso, entendeu-se que a seleção assistida por marcadores é importante pois garante melhor segurança ao produtor e ao meio ambiente, bem como é mais eficaz na seleção das plantas que possuem genótipos de interesse.

Palavras-chave: Defesa; *Fusarium graminearum*; Loco; QTL;

ABSTRACT

Wheat (*Triticum aestivum*) is a type of grass of the Poaceae family, widely used for the production of human and animal food. The fungal disease known as Gibberella, caused by the microbial agent *Gibberella zeae* (*Fusarium graminearum*), commonly affects this cereal. Through genetic improvement and molecular biology techniques, it became possible to select genotypes of interest for crossing and obtaining new cultivars resistant to the disease. This process depends on the knowledge of the defense mechanism system and the interaction of the resistance genes of the plant, so this research sought to investigate the existing database referring to the QTLs (Quantitative Traits Loci) related to currently known FHB resistance. As methodology, the Google Scholar platform was utilised to carry out the bibliographic review, delimiting the results found with keywords such as Resistance, Gibberella, Genes, QTL and *Fusarium graminearum*, from 2018 to 2022. From the research, four were found Fhb1, Fhb2, Fhb4 and Fhb5 resistance loci in common wheat (*Triticum aestivum*), and three in wild wheat Fhb3, Fhb6 and Fhb7. Among the cultivars existing today, Sumai-3 and Frontana are known to have greater resistance to the fungus disease. Therefore, through the literature review, it was possible to perceive the few known defense genes related to this pathogen, requiring new QTL mappings. In addition, it was possible to understand that the marker-assisted selection is important because it guarantees better safety for the producer and the environment, as well as being more effective in the selection of plants that have genotypes of interest.

Key Words: Defense; *Fusarium graminearum*; Loci; QTL;



1 INTRODUÇÃO

O trigo (*T. aestivum*) pertencente à família Poaceae e gênero Triticum, é uma planta originada de cruzamentos de gramíneas silvestres nas bases dos rios Tigre e Eufrates (FRIZON, 2019). O trigo é uma planta autógama considerada uma cultura de primavera ou inverno, dependendo das condições climáticas para seu plantio (CRUZ, 2018). Esse cereal é utilizado, principalmente, para a fabricação de farinhas para a produção de pães e massas e seu subproduto, normalmente, é utilizado para a alimentação animal por meio de rações (FRIZON, 2019).

A Giberela é uma doença fúngica causada pelo agente microbiológico *Gibberella zeae* (*Fusarium graminearum*), de alto impacto na produtividade e qualidade dos grãos de trigo. Além disso, o fungo libera uma micotoxina prejudicial à saúde humana e animal (HUAMANÍ, 2021). Devido a isso, utilizam-se métodos de seleção de genes do trigo resistentes ao fungo para programas de melhoramento genético do trigo (MOURA, 2018). Assim, o presente trabalho pretende apresentar uma revisão bibliográfica referente aos genes de resistência do trigo a doença giberela.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

Para a realização da revisão bibliográfica, foi utilizado a ferramenta de pesquisa on-line Google Acadêmico, delimitando as pesquisas de referências publicadas a partir do ano de 2018 e utilizando como palavras-chave: Resistência, Giberela, Genes, QTL e *Fusarium graminearum*. Utilizou-se o programa Google docs para redigir a revisão.

2 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O *Gibberella zeae* é considerado a forma sexuada, porém sua forma assexuada é conhecida como *Fusarium graminearum* também sendo considerada a principal forma (LIMA et al., 2021). A forma sexuada do fungo (*G. zeae*) sobrevive em restos de culturas como milho e trigo, produzindo esporos assexuais (macroconídios) que são dispersos pela chuva e vento, os quais em condições ideais, libera os esporos sexuais (ascóporos) no ambiente (CRUZ, 2018). As características de uma planta infectada por giberela, normalmente são o despigmentação das espiguetas, com uma coloração de palha e grãos enrugados e pálidos (CEOLIN et al., 2020). Essa doença ocorre, principalmente, devido ao clima do local de plantio, uma vez que é favorável ao excesso de chuvas e temperaturas elevadas (LIMA et al., 2021).



A busca por cultivares mais resistentes utiliza muito o sistema de seleção assistida por marcadores moleculares, uma vez que esse método auxilia na redução do tempo de pesquisa, otimizando os custos e a produção de cruzamentos mais eficientes, sendo apenas necessário o conhecimento da localização da característica de resistência do alelo no gene, e a utilização de primers específicos para demarcar essas regiões (MOURA, 2018). A seleção pelos marcadores possibilita identificar os polimorfismos, sem interação com o meio e permite a avaliação genética em diferentes fases de desenvolvimento da planta (POLIDO et al., 2020).

Devido a susceptibilidade do trigo a giberela, a busca por cultivares com genes de resistência a giberela se tornou uma alternativa para o controle da doença, se tornando um método mais seguro tanto para o produtor quanto para o meio ambiente (FRIZON, 2019), porém não existem cultivares totalmente resistentes a doença sendo comercializadas. Entende-se que essa resistência no trigo é considerada quantitativa pois depende da interação de diversos genes (HUAMANÍ, 2021). Entre os tipos de resistência que o trigo possui em relação a giberela temos cinco, sendo eles o Tipo I, que se relaciona a resistência a infecção, o Tipo II que é resistente a propagação do fungo na espiga, o Tipo III que possui resistência com relação a infecção dos grãos, o Tipo IV possuindo resistência a micotoxinas e, por fim, o Tipo V que é considerado tolerante. (CEOLIN et al., 2020). Para identificar os genes resistentes de interesse, utiliza-se o mapeamento genético, investigando genes com características quantitativas e qualitativas (QTL) (FERREIRA et al., 2018).

Ao todo, foram identificados 556 QTLs nos 21 cromossomos do trigo dos quais sete locos são considerados mais importantes e, dentre esses, quatro estão presentes no *Triticum aestivum*, sendo eles Fhb1, Fhb2, Fhb4 e Fhb5, também foram encontrados três locos em trigos silvestres, Fhb3, Fhb6 e Fhb7 (HUAMANÍ, 2021). O principal gene de resistência estudado no mundo é o Fhb1, porém em uma de suas introgressões esse gene demonstrou um alelo de resistência com resultado negativo, podendo ser interpretado como uma interação desfavorável entre o Fhb1 e outros genes do trigo (FRIZON, 2019). Apesar do avanço da introgressão de genes resistentes ao *Fusarium spp.* no trigo, a obtenção de cultivares com maior resistência a doença ainda é lento, as cultivares Sumai-3 e a Frontana apresentam maior resistência atualmente (HUAMANÍ, 2020).

4 CONCLUSÃO

Portanto, a pesquisa demonstrou que por meio de seleção assistida por marcadores obtivemos um maior avanço no melhoramento de novas cultivares de trigo resistentes a



giberela. Porém, devido aos poucos genes conhecidos na literatura relacionados ao sistema de defesa da planta contra o *Fusarium graminearum*, os avanços no desenvolvimento de uma cultivar com um grau elevado de resistência continuarão sendo lentos.

REFERÊNCIAS

CEOLIN, M.; LIMA, M. I. P. M. Protocolo desenvolvido na Embrapa Trigo para avaliar resistências à giberela em trigo. **Alice Embrapa**, Passo Fundo, RS, 2020. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/223833/1/Ceolin-p35-MIC-MPG-2020-completo.pdf>. Acesso em: 15 abr. 2022.

CRUZ, L. C Isolamento e identificação de *Fusarium graminearum* em plantações de trigo na região sudoeste do Paraná e adaptações nutricionais e físicas de meios de cultura para indução de macronídeos e produção de micotoxinas. Orientador: Cleverson Busso. 2018. 36 f. Trabalho de conclusão de curso (Licenciatura em Ciências Biológicas) - **Universidade Tecnológica Federal do Paraná**, Dois Vizinhos, RS, 2018. Disponível em: <http://repositorio.utfpr.edu.br/jspui/handle/1/11142>. Acesso em: 15 abr. 2022.

FERREIRA, J. R.; CAMIOTTI, G. A.; TURCHETTO, C.; CONSOLI, L.; TORRES, G. A. M.; DEUNER, C. C.; SCAGLIUSI, S. M. M.; GODDARD, R.; NICHOLSON, P. BASE GENÉTICA DA RESISTÊNCIA DE TRIGO À BRUSONE: AVANÇOS VIA ESTUDOS DE QTLs. **Alice Embrapa**, [s. l.], 2019. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1110644/1/ID446212019RCBPTT2AtasResumos2018p299.pdf>. Acesso em: 15 abr. 2022.

FRIZON, P. Desenvolvimento de populações interespecíficas de trigo interespecíficas de trigo para a resistência à giberela. Orientador: Carolina Cardoso Deuner. 2019. 101 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - **Universidade de Passo Fundo**, Passo Fundo, RS, 2019. Disponível em: <http://tede.upf.br/jspui/bitstream/tede/1930/2/2019PatriciaFrizon.pdf>. Acesso em: 15 abr. 2022.

HUAMANI, J. V. Caracterização de genótipos brasileiros de trigo (*Triticum aestivum* L.) quanto a caracteres agronômicos e resistência tipo II à giberela. Orientador: Antonio Costa de Oliveira. 2021. 152 f. Disertação (Pós-Graduação em Agronomia) - **Universidade Federal de Pelotas**, Pelotas, RS, 2021. Disponível em: <http://guaiaca.ufpel.edu.br:8080/handle/prefix/7998>. Acesso em: 15 abr. 2022.

LIMA, M. I. P. M.; TIBOLA, C. S.; PIRES, J. L. F.; CASTRO, R. L. de; SCHEEREN, P. L.; CAIERÃO, E.; CLEBSCH, C. C.; CEOLIN, M. C.; MUNARETTO, D. Avaliação de giberela e deoxinivalenol em cultivares de trigo do Ensaio Estadual de Cultivares de Trigo, em Coxilha, região do planalto médio do Rio Grande do Sul, em 2019. **Alice Embrapa**, Passo Fundo, RS, p. 1-8, 2021. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1132544>. Acesso em: 15 abr. 2022.

MOURA, M. M. Mapeamento de QTLs associados à resistência do trigo à giberela e a níveis de produção de deoxynivalenol, por desequilíbrio de ligação. Orientador: Giovani Benin. 2018. 110 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - **Universidade Tecnológica Federal do Paraná**, Pato Branco, PR, 2018. Disponível em: <http://repositorio.utfpr.edu.br/jspui/handle/1/3060>. Acesso

em: 15 abr. 2022.

POLIDO, P. B.; BONACINA, C.; ITO, T. M.; GARBÚGLIO, T. T.; SOUZA, S. G. H. de. Marcadores ISSR são eficazes para acessar a diversidade genética em germoplasma de trigo (*Triticum aestivum*). **Research, Society and Development**, Passo Fundo, RS, v. 9, ed. 12, p. 1-17, 2020. Disponível em: <https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/10648/9622>. Acesso em: 15 abr. 2022.