



**LUCIANO LEONEL LOMBARDI**

**COMPORTAMENTO DE CULTIVARES BRASILEIRAS DE  
TRIGO COM GENE *Fhb1* QUANTO À RESISTÊNCIA À  
GIBERELA.**

**LAVRAS - MG  
2021**

**LUCIANO LEONEL LOMBARDI**

**COMPORTAMENTO DE CULTIVARES BRASILEIRAS DE TRIGO COM GENE  
*Fhb1* QUANTO À RESISTÊNCIA A GIBERELA.**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Profª Dra. Giovana Augusta Torres  
Orientadora

Me. Eduardo Caierão  
Co-orientador

**LAVRAS - MG  
2021**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Lombardi, Luciano Leonel.

Comportamento de cultivares brasileiras de trigo com  
gene *Fhb1* quanto à resistência a giberela. / Luciano Leonel  
Lombardi. - 2021.

56 p. : il.

Orientador(a): Giovana Augusta Torres.

Coorientador(a): Eduardo Caierão.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de  
Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. Giberela. 2. Fusarium. 3. Linhas Quase Isogênicas. 4  
FHB1. I. Torres, Giovana Augusta. II. Caierão, Eduardo. III.  
Título.

**LUCIANO LEONEL LOMBARDI**

**COMPORTAMENTO DE CULTIVARES BRASILEIRAS DE TRIGO COM GENE  
*Fhb1* QUANTO À RESISTÊNCIA À GIBERELA**

**PERFORMANCE OF BRAZILIAN WHEAT CULTIVARS CARRYING *Fhb1* GENE  
FOR RESISTENCE TO FUSARIUM HEAD BLIGHT**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

APROVADA EM 26 DE AGOSTO DE 2021

Dr<sup>a</sup>. Aurinelza Batista Teixeira Condé – EPAMIG

Dr. Luciano Consoli – EMBRAPA

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> Giovana Augusta Torres  
Orientadora

Me. Eduardo Caierão  
Co-orientador

**LAVRAS - MG  
2021**

## RESUMO

O Trigo é um dos cereais mais importantes do mundo. Dentre os principais estresses que limitam a produção, destaca-se a giberela, causada pelo fungo *Fusarium graminearum*. Inúmeros QTLs são reportados para a resistência, dentre eles, *Fhb1*, presente na cultivar Chinesa Sumai-3 e que confere resistência a propagação da infecção na espiga (Tipo II). As cultivares brasileiras resistentes apresentam um bom comportamento, mas não há resistência completa a essa doença descrita na literatura. O objetivo foi de verificar o efeito da introgressão do alelo do QTL *Fhb1* da cultivar Sumai-3, nas cultivares brasileiras BRS Parrudo e Quartzo, nos componentes de rendimento e na severidade de giberela nas espigas. O trabalho foi conduzido na Embrapa Trigo, no município de Passo Fundo. Linhas quase-isogênicas (NIL) para as duas cultivares recorrentes foram desenvolvidas por retrocruzamentos com a cultivar Sumai-3, com auxílio de marcadores moleculares para o QTL *Fhb1*. Em 2019, foi realizada a inoculação com *Fusarium graminearum* em 10 genótipos, sendo 3 NILs de BRS Parrudo (P01, P02 e P03); 3 NILs de Quartzo (Q01, Q02 e Q03); BRS Parrudo; Quartzo; Sumai-3 e CD116. Os genótipos foram semeados em baldes, em ambiente controlado, com delineamento de blocos casualizados e inoculação realizada na espiguetas central no estágio de florescimento, com manutenção de umidade por 48 horas. As avaliações foram realizadas aos 5, 15 e 25 dias após a inoculação, com contagem de espiguetas infectadas. Após a colheita, procedeu-se contagem e pesagem de grãos sadios e giberelados. Características agronômicas das espigas sadias mostraram grande similaridade entre as NILs e seus GRs. Nas espigas inoculadas, comparando todos os genótipos, foram verificadas diferenças ( $p > 0,01$ ). NIL P01, P02, P03, Q01 e Q03 tiveram comportamento igual a Sumai-3 nas variáveis Grãos sadios, Grãos giberelados, Espiguetas infectadas (EI) e Peso de mil sementes. Já para a variável Índice de doença, as NILs formaram um grupo intermediário, sendo Sumai-3 o genótipo com melhor comportamento. NIL Q02, Quartzo e CD116 produziram mais EI. Comparando NILs com GRs, em BRS Parrudo, verificou-se diferenças apenas para PMS total. Para as NILs com Quartzo, somente PMS sadios e giberelados não apresentaram diferenças. Comparando NILs com as cultivares como testemunhas, NILs P tiveram comportamento parecido com a Sumai-3 e o próprio GR. Já NILs Q, apenas Q02 na maioria das variáveis teve comportamento igual à CD116 e ao próprio GR. As NILs Q01 e Q03 apresentaram comportamento próximo ao da cultivar Sumai-3. Quanto ao progresso da doença, todos os genótipos apresentaram EI aos 5 dias. Aos 15 dias não foi verificado progresso da doença apenas em Sumai-3, BRS Parrudo, P01 e P03. Aos 25 dias Sumai-3 não progrediu. Comparando os genótipos aos 25 dias, no grupo com menos EI, juntamente com Sumai-3 estão Q01, Q03, P01, P02 e P03. Houve correlação entre a maioria das variáveis. A introgressão do alelo resistente para o loco *Fhb1* nas cultivares BRS Parrudo e Quartzo não alterou as características agronômicas relacionadas à espiga e foi efetivo para o aumento da resistência do tipo II à giberela.

**Palavras Chaves:** Giberela. *Fusarium*. Linhas Quase Isogênicas, FHB1.

## ABSTRACT

Wheat is one of the most important cereals in the world. Among the main stresses that limit production, Fusarium Head Blight (FHB) stands out, caused by the fungus *Fusarium graminearum*. Numerous QTLs are reported for resistance, including *Fhb1*, present in the Chinese cultivar Sumai-3 and which confers resistance to the spread of infection in the ear (Type II). Resistant Brazilian cultivars show good behavior, but complete resistance to this disease is not known. The objective of this study was to verify the introgression effect of the *Fhb1* allele of the cultivar Sumai-3 in two Brazilian cultivars, BRS Parrudo and Quartzo, severity of FHB and on yield components. The work was carried out at Embrapa Wheat, in Passo Fundo. Near-Isogenic Lines (NIL) of the two recurrent cultivars (GR) were developed by backcrossing with the Sumai-3 using molecular markers for the QTL *Fhb1*. In 2019, inoculation of *Fusarium graminearum* was carried out in 10 genotypes, 3 NILs BRS Parrudo (P01, P02 and P03); 3 NILs Quartzo (Q01, Q02 and Q03); BRS Parrudo; Quartzo; Sumai-3 and CD116. The genotypes were sown in buckets, in a controlled environment, with a randomized block design and inoculation carried out on the central spikelet in anthesis, with humidity maintained for 48 hours. The evaluations were carried out at 5, 15 and 25 days after inoculation, with a count of infected spikelets. After harvesting, healthy and fusarium damaged kernels (FDK) were counted and weighed. Agronomic characteristics of healthy ears showed great similarity between NIL and their GRs. In the inoculated ears, comparing all genotypes, differences were verified ( $p > 0.01$ ). NIL P01, P02, P03, Q01 and Q03 had the same behavior as Sumai-3 in the variables Healthy grains, Stir-fed grains, Infected spikelets (EI) and Weight of a thousand seeds, in the variable Disease index, they formed an intermediate group, with Sumai-3 being the genotype with the best behavior. NIL Q02, Quartzo and CD116 produced more EI. Comparing NILs with GRs, in BRS Parrudo, only total PMS showed differences, with Quartzo, only healthy and gibberellate PMS showed no differences. Comparing NILs with the cultivars as controls, NILs P had similar behavior to Sumai-3 and GR itself. As for NILs Q, only Q02 in most variables had a behavior equal to CD116 and to GR itself, Q01 and Q03 differed and showed behavior close to Sumai-3. Comparing NILs, in all variables, NIL Q02 had a lower behavior than the other NILs. In disease progress, all genotypes had EI at 5 days. At 15 days there was no progress of the disease only in Sumai-3, BRS Parrudo, P01 and P03, at 25 days Sumai-3 did not progress. Comparing the genotypes at 25 days, in the group with less EI, together with Sumai-3 are Q01, Q03, P01, P02 and P03, already with more EI, CD116 and Quartzo ( $p < 0.05$ ). There was a correlation of most variables, only Incidence showed a low correlation with the other variables. The inoculation guaranteed the infection for disease evaluation, the introgression of *FHB1* alleles in BRS Parrudo and Quartzo cultivars did not change the agronomic characteristics related to spike and was effective in increasing resistance to type II FHB.

**Keywords:** Gibberella. Fusarium. Near-Isogenic Lines. FHB1

## LISTA DE TABELAS

|  |    |
|--|----|
| Tabela 1 – Médias, teste F e coeficiente de variação (CV) para características agronômicas relacionadas as espigas sadias das cultivares Quartzo e BRS Parrudo (genitores recorrentes) e suas respectivas NILs em experimento com inoculação artificial de <i>Fusarium graminearum</i> sob ambiente protegido no ano de 2019, em Passo Fundo-RS. ....  | 27 |
| Tabela 2 – Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), giberelados (PMS-G), total (PMS-T) e índice FHB (I-FHB) de genótipos de trigo submetidos a inoculação artificial com <i>Fusarium graminearum</i> em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019. ....  | 31 |
| Tabela 3 – Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), giberelados (PMS-G), total (PMS-T) e índice FHB (I-FHB) em genótipos de trigo, considerando grupos de comparação NILs P com seu Genitor recorrente (BRS Parrudo) e NILs Q e seu Genitor recorrente (Quartzo) submetidos a inoculação artificial com <i>Fusarium graminearum</i> em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019. ....                             | 34 |
| Tabela 4 - Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), PMS giberelados (PMS-G), PMS total (PMS-T) e índice de doença (I-FHB) em genótipos de trigo, considerando grupos de comparação $\alpha$ e $\beta$ submetidos à inoculação artificial com <i>Fusarium graminearum</i> em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019. ....  | 36 |
| Tabela 5 - Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), giberelados (PMS-G), total (PMS-T) e índice FHB (I-FHB) em genótipos de trigo, considerando grupos de comparação $\alpha 2$ e $\beta 2$ , submetidos a inoculação artificial com <i>Fusarium graminearum</i> em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019. ....  | 37 |
| Tabela 6 - Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), PMS giberelados (PMS-G), PMS total (PMS-T) e índice de doença (I-FHB) em genótipos de trigo, submetidos à inoculação artificial com <i>Fusarium graminearum</i> em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019. ....   | 38 |
| Tabela 7 – Médias de espiguetas infectadas (%) em genótipos de trigo submetidos à inoculação artificial com <i>Fusarium graminearum</i> , em ambiente protegido, Passo Fundo – RS, 2019. ....  | 40 |
| Tabela 8 – Coeficiente de correlação linear de Pearson entre os caracteres grãos sadio (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil sementes sadias (PMS-S), peso de mil sementes gibereladas (PMS-G), peso de mil sementes total (PMS-T), índice de doença (I-FHB), severidade da doença (S) e proporção de espigas incidentes da doença (PEI) em genótipos de trigo submetidos à inoculação artificial de <i>Fusarium graminearum</i> , Passo Fundo-RS, 2019. .... | 42 |

## SUMÁRIO

|       |   |    |
|-------|---|----|
| 1     | INTRODUÇÃO.....                         | 9  |
| 2     | REFERENCIAL TEÓRICO.....                | 10 |
| 2.1   | A CULTURA DO TRIGO .....                | 10 |
| 2.2   | GIBERELA.....                           | 12 |
| 2.2.1 | Etiologia e epidemiologia.....          | 12 |
| 2.2.2 | Controle.....                           | 16 |
| 2.3   | MELHORAMENTO .....                      | 18 |
| 2.3.1 | Genes de resistência .....              | 19 |
| 2.3.2 | Métodos de melhoramento .....           | 20 |
| 3     | OBJETIVO.....                           | 22 |
| 4     | MATERIAL E MÉTODOS.....                 | 22 |
| 4.1   | MATERIAL GENÉTICO .....                 | 22 |
| 4.2   | EXPERIMENTO .....                       | 23 |
| 4.3   | AVALIAÇÕES .....                        | 24 |
| 4.4   | ANÁLISES .....                          | 26 |
| 5     | RESULTADOS E DISCUSÃO.....              | 27 |
| 6     | CONCLUSÃO.....                          | 42 |
|       | REFERÊNCIAS .....                       | 44 |
|       | ANEXO 1: PRODUTO TÉCNICO ATRELADO ..... | 52 |

## 1 INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos cereais mais importantes do mundo (BECCARI et al., 2019), com estimativa de produção mundial superior a 770 milhões de toneladas na safra 2020/2021. União Europeia, China e Índia são os maiores produtores mundiais do cereal, com produção anual superior a 100 milhões de toneladas cada (USDA, 2021). O Brasil produziu um total de 6,2 milhões de toneladas na safra 2020. Na região Sul se encontra a maior área semeada com a cultura do trigo. Juntos, os três estados do Sul foram responsáveis por mais de 90% dos 2,34 milhões de hectares semeados no Brasil (CONAB, 2021).

O Brasil consome atualmente mais de 13 milhões de toneladas por ano de trigo e, por não ser autossuficiente, necessita importar o cereal de outros países (CONAB, 2021). Diversas razões fazem com que o país não consiga atingir a autossuficiência. Destaca-se a opção dos produtores por culturas alternativas ao trigo, devido à falta de garantia de preço mínimo, o alto custo de produção e baixa liquidez do produto, associado ao risco a que está sujeita a cultura do trigo. Segundo a Conab (2021), do total da área semeada durante o verão, na região Sul do Brasil, que poderiam ser utilizados para o cultivo de trigo durante o inverno, está previsto que apenas 16% serão utilizados com o cultivo de trigo em 2021. Outro problema é que parte da produção nacional não atinge os padrões de qualidade exigidos pela legislação, sendo destinada para outros usos.

O Sul do Brasil, onde está concentrada a maior área semeada do cereal, é também a região de maior risco para a cultura, onde as condições climáticas típicas são propícias para o surgimento de estresses bióticos, especialmente doenças de espigas. Muitas doenças podem se expressar na cultura de trigo, sendo a giberela (*Fusarium graminearum*) a principal doença fúngica inerente ao cereal no Sul do Brasil (LIMA, 2012), impactando os grãos tanto quantitativa quanto qualitativamente. O fungo tem ação na contaminação dos grãos via metabólicos secundários tóxicos, conhecidos como micotoxinas, nocivas ao metabolismo humano e animal (LIMA, 2004).

A regulamentação dos limites máximos dos teores de micotoxinas em grãos e seus derivados (BRASIL, 2017) aliada aos prognósticos de aumento da temperatura e da umidade (SHAH et al., 2014) e, portanto, aumento da possibilidade da ocorrência de epidemias de giberela (SALGADO; MADDEN; PAUL, 2014), entre outros aspectos relacionados a problemas de comercialização da produção, têm deixado o produtor receoso quanto à semeadura ou não do cereal.

Possibilidades de danos para a saúde, déficit no volume de produção necessário para atender à demanda de 13 milhões de toneladas do grão com qualidade, sistema de produção altamente dependente da utilização de agroquímicos colocam o país em situação de dependência, com vulnerabilidades estratégicas, ambientais e econômicas, que justificam, sobremaneira, esforços na superação dessa doença, garantindo proteção da saúde, atendimento dos interesses econômicos, sustentabilidade e proteção do meio ambiente.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A cultura do trigo

O trigo, *Triticum aestivum* L. ( $2n=6x=42$ , genoma AABBDD), pertencente à família Poaceae, originou-se do cruzamento entre a espécie tetraploide *Triticum turgidum* L. ( $2n=4x=28$ , genoma AABB) e a diploide *Aegilops tauschii* ( $2n=2x=14$ , genoma DD). Assim como as demais espécies de *Triticum*, o trigo tem ciclo anual, é hermafrodita e, por ser autógama, a taxa de polinização cruzada nas lavouras é baixa (FEDERIZZI, et al, 1999).

De acordo com Tibola et al. (2013) a cultura do trigo contribui com quase 1/3 do total de grãos produzidos no mundo. É também importante para utilização em rotação de culturas, compondo sistemas sustentáveis de produção (DE MORI, 2015).

A projeção da produção mundial de trigo para a safra 2020/2021 divulgada em janeiro de 2021 é de que a safra ultrapasse 770 milhões de toneladas. Os maiores produtores mundiais do cereal, de acordo com esta projeção, são a União Europeia, a China e a Índia com perspectiva de produzirem mais da metade do todo trigo produzido no mundo (USDA, 2021).

No Brasil, a área de trigo semeada na safra de 2020 foi de 2,34 milhões de hectares, com produção de 6,2 milhões de toneladas. Para a safra de 2021, espera-se que a produção alcance 6,9 milhões de toneladas, em função da previsão de aumento da área plantada em relação a 2020 e de incremento da produtividade (CONAB, 2021).

As estimativas da necessidade do cereal para suprimento da demanda no país em 2021 estão previstas para 13 milhões de toneladas (CONAB, 2021), principalmente para alimentação humana, onde é a principal matéria-prima para a elaboração de pães, biscoitos, bolos e massas, além de ser utilizado também para alimentação animal (TIBOLA et al., 2013).

Com a previsão de a produção nacional atingir apenas 50% da demanda, a solução é a importação do cereal. Em levantamento que vem sendo realizado desde o ano de 2014, somente

nos anos de 2014 e 2015 o volume total importado ficou abaixo dos 5,5 milhões de toneladas, ficando abaixo da média de 2014 a 2020 que é da ordem dos 6,0 milhões de toneladas anual.

Em 2018, o Brasil precisou importar um total de 6,8 milhões de toneladas, oriundos, principalmente, da Argentina (5,9 milhões de toneladas), EUA (269 mil toneladas) e Canadá (197 mil toneladas). Os estados que mais importaram foram São Paulo, Ceará e Bahia, com aproximadamente 45% do total importado pelo País. O valor total destinado à importação de trigo no ano de 2018 superou 1,5 bilhões de dólares (CONAB, 2018). Em 2019, Argentina, EUA, Canadá e Paraguai foram os maiores exportadores do cereal para o Brasil.

No ano de 2020, levantamento da CONAB (2021), com dados divulgados no mês de junho, mostra que o Brasil importou 6,6 milhões de toneladas, quantidade superior para o período quando comparados com as médias desde 2014. Para a safra que se aproxima, diante da menor disponibilidade de trigo nacional em estoque e do atual ritmo das importações nacionais, espera-se que os embarques para esta safra atinjam um valor de aproximadamente 6,4 milhões de toneladas (CONAB, 2021).

No Brasil, os três estados do Sul são responsáveis por 90% da área plantada com trigo. Para o ano de 2021, a estimativa corresponde a um total de 2,2 milhões de hectares, com 51% no Paraná, 45% no Rio Grande do Sul e 4% em Santa Catarina (CONAB, 2021). Essa relevante superioridade em relação às demais regiões se justifica em virtude de a região Sul apresentar as melhores condições de clima para o cultivo de trigo de primavera no país (FEDERIZZI et al., 1999).

Todavia, as mesmas condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento vegetativo da cultura podem ser desfavoráveis na fase reprodutiva (LIMA, 2004), uma vez que a temperatura e precipitação pluvial podem favorecer o desenvolvimento de doenças, reduzindo a produtividade e a qualidade dos grãos (EMBRAPA, 2015). Dentre as doenças que atingem a cultura do trigo, a giberela tem se comportado como a de maior capacidade prejudicial nas condições de cultivo no Sul do Brasil (LIMA et al., 2006; LIMA, 2012).

No ano de 2009, após uma severa epidemia de giberela, estudos foram realizados para verificar a qualidade dos grãos colhidos quanto aos níveis de Desoxinivalenol (DON), principal micotoxina que afeta os grãos de trigo. Nesse estudo, conduzido com amostras de trigo colhidos no Rio Grande do Sul, de um total de 119 amostras de trigo, 47 amostras excederam o limite tolerado para DON (TIBOLA et al., 2013).

Já em 2017, devido às condições climáticas desfavoráveis durante a colheita no estado do Rio Grande do Sul, a produtividade média da safra de trigo foi de 1.186 kg/ha<sup>-1</sup>, ficando

abaixo da média nacional, de 2.215 kg/ha<sup>-1</sup>. Nesta mesma safra, a qualidade dos grãos colhidos foi muito comprometida, sendo apenas 30% do colhido adequadas para a panificação (CONAB, 2018).

Não há relato de cultivares que apresentem resistência completa à giberela, as cultivares brasileiras apresentam um bom comportamento em anos não epidêmicos, oriundo do germoplasma desenvolvido pelos programas de melhoramento ao longo de décadas. Segundo Del Ponte et al. (2009), a falta de cultivares com resistência em anos epidêmicos, condições climáticas favoráveis ao fungo e a utilização do sistema plantio direto fazem aumentar a importância da giberela no Brasil.

## 2.2 Giberela

A giberela ou FHB (*Fusarium Head Blight*) é considerada uma das doenças fúngicas mais importantes e destrutivas da cultura de trigo (*Triticum aestivum*) e cevada (*Hordeum vulgare*) (BOYACIOĞLU; HETTIARACHCHY, 1995; KAZAN; GARDINER; MANNERS, 2012; O'DONNELL et al., 2013). Inúmeras espécies de fungos foram identificadas como causadoras da giberela, entretanto, a espécie *Fusarium graminearum* é considerada a principal espécie que acomete trigo e outros cereais em todo o mundo (O'DONNELL et al., 2004, BAY; SHANER, 2004; DEL PONTE et al., 2015).

### 2.2.1 Etiologia e epidemiologia

De acordo com Dean et al. (2012), *Fusarium graminearum* é o 4º patógeno fúngico mais agressivo de todas as culturas com expressão econômica. Áreas importantes produtoras de trigo no mundo todo tem recebido grande atenção devido às graves epidemias causadas pelo fungo (STEINER et al., 2017), incluindo os EUA, Canadá, China e Norte da Europa (MCMULLEN et al., 2012).

Beccari et al. (2019) se reportam ao fungo *Fusarium graminearum* como a espécie mais agressiva, quando comparada com as demais espécies de *Fusarium*, devido a esta espécie ter a maior capacidade de depositar metabólitos secundários nos grãos das culturas atingidas. No Brasil, *Fusarium graminearum* é a espécie dominante, sendo detectada em 90% dos isolados coletados (TIBOLA et al., 2013).

O patógeno apresenta duas fases em seu ciclo de vida: saprofítica e parasitária. A fase saprofítica é caracterizada pela sobrevivência em restos culturais, com produção de corpos de frutificação e nomeada como *Gibberela zae* (Sexuada). O patógeno permanece nessa fase até que um hospedeiro atinja a fase reprodutiva, no estágio de espigamento, dando início à fase parasitária e passa a ser denominado *Fusarium graminearum* (Assexuada) (BAI; SHANER, 2004). Estas características que envolvem o ciclo de vida do fungo o tornam extremamente competitivo mantendo-o, de safra a safra, pois, na fase parasitária o fungo encontra uma diversidade enorme de hospedeiros suscetíveis com condições de ocorrer a infecção, mas principalmente por apresentar a fase saprofítica, com aumento da colonização fúngica e alimentação necrotrófica em restos culturais, nos quais, conseguem permanecer por longos períodos (REIS et al., 2011).

Dentre os principais hospedeiros do fungo *Giberela zea*, estão o trigo, o milho (*Zea mays*), a aveia (*Avena spp*), o centeio (*Secale cereale*), a cevada (*Hordeum vulgare*) e o triticale (x *Triticosecale*) (REIS; CASA; FORCELINI, 1995). Pelo fato de essas culturas ocuparem grandes áreas, são favorecidas as condições essenciais para a permanência do patógeno nas áreas de cultivo, seja em tecido morto, na palhada, seja em hospedeiros vivos, com o desenvolvimento da cultura, tornando inviável a eliminação por completo do fungo de uma safra para outra (VIANA, 2013).

Grandes regiões produtoras de trigo têm registrado um aumento significativo nas epidemias de FHB durante as últimas décadas (MCMULLEN et al., 2012; STEINER et al., 2017), justificado principalmente pela mudança nas práticas de manejo, com a maior utilização do sistema plantio direto e principalmente a utilização da cultura do milho, classificado como um dos principais hospedeiros de FHB, tornando as perdas mais frequentes (MCMULLEN et al., 2012).

Com a manutenção do patógeno na lavoura, conídios e ascósporos são produzidos pelo fungo. Pingos de água fazem a disseminação de conídios a curtas distâncias. Já os ascósporos são dependentes da hidratação dos peritécios pela água e quando liberados são disseminados pelo vento a longas distâncias. Com a disseminação por meio do ar, o inóculo se deposita preferencialmente nas anteras, nas quais os ascósporos germinam, penetram e atingem a flor (REIS; CASA; FORCELINI, 1995; TIBOLA et al., 2013).

Durante o período da antese ocorre o estágio mais propenso à infecção (YOSHIDA, 2012). Quando há a extrusão das anteras ocorrem os sintomas mais graves, caracterizando a infecção primária (KUBO et al., 2013). Entretanto, Su et al. (2018a), consideram o início da

infecção não somente quando o fungo atinge as anteras, mas quando os esporos se depositam em qualquer superfície de plantas suscetíveis/hospedeiras. Os ascósporos podem se depositar nas glumas, lema ou pálea, onde formarão tubos germinais e, por conseguinte, desenvolver hifas, as quais colonizam as superfícies durante a antese, não encontrando nenhuma barreira fisiológica o micélio se move por toda a ráquis através dos feixes vasculares (KHEIRI; MOOSAWI JORF; MALIHIPOUR, 2019).

A ráquis tem papel fundamental no avanço da doença. Os vasos interligados formam um caminho de propagação dos fungos na espiga. Kheiri; Moosawi e Malihipour (2019) encontraram nos vasos do xilema da ráquis grande quantidade de hifas de *Fusarium graminearum*. A implicação deste fenômeno é a colonização de todos os componentes espiga (REIS; CASA; FORCELINI, 1995).

O desenvolvimento do fungo causador da giberela é fortemente influenciado pelas condições do ambiente, especialmente precipitação pluvial e temperatura (MCMULLEN; JONES; GALLENBERG, 2007), além da necessidade de quantidade suficiente de esporos no ambiente.

Reis et al. (2011) detectaram quantidade de esporos no ambiente superior ao mínimo necessário para instalação da doença. Os mesmos autores reforçam que em regiões produtoras de grãos dificilmente não são encontrados esporos no ar. Corroborando essas informações, Tibola et al. (2013) acrescentam que o inóculo é presença contínua no ambiente ao longo do ano.

A giberela foi detectada em diversas partes do mundo onde há o cultivo de cereais, com maior frequência onde o clima quente está associado com altas precipitações pluviais (MCMULLEN; JONES; GALLENBERG, 2007). A doença é mais observada em regiões onde as temperaturas altas coincidem com períodos de chuva durante o estágio de florescimento da cultura (REIS; CASA; FORCELINI, 1995), pois a infecção do fungo depende do molhamento dos sítios de infecção (REIS et al., 2016).

O fungo pode se desenvolver numa amplitude significativa de temperatura. Somente faixas de temperaturas extremas fazem com que o fungo paralise o crescimento. Estudos demonstraram que em temperatura abaixo de 4°C e acima de 36°C não se observou crescimento do fungo. Todavia, na medida em que a temperatura mínima foi sendo elevada ou a temperatura máxima foi sendo reduzida para patamares de 8°C e 32°C já se observou um crescimento lento, e entre 12°C a 28°C houve um rápido desenvolvimento do fungo (BAI & SHANER, 1996). Estudos divergem quanto ao valor ótimo de temperatura e tempo de molhamento para o

desenvolvimento do fungo. Para Reis et al. (2005) a umidade ou período de molhamento da espiga durante a antese deve ser no mínimo de 72 h se a temperatura for de 20°C, já se a temperatura for de 25°C apenas 36 h de molhamento são suficientes para infecção. Por outro lado, Zoldan (2008) relata que temperaturas entre 24°C e 30°C associadas com precipitação pluvial de mais de 48 h são as condições mais favoráveis à infecção. Valores próximos foram relatados em outro estudo, que define o ambiente ideal para a infecção como sendo a combinação de temperatura entre 20 e 25 °C e um mínimo de 48 horas com espigas molhadas durante a antese (MCMULLEN; JONES; GALLENBERG, 2007). Ocorrendo molhamento por 72 horas com uma temperatura média do ar de 20°C, cerca de 80% das espigas do trigo podem desenvolver o fungo e tornar-se infectadas (REIS et al., 2005).

De acordo com Lima, (2004) e Del Ponte et al. (2004), as condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento do fungo são frequentes na região Sul do Brasil, favorecendo a ocorrência de epidemias. Del Ponte et al. (2009), conduzindo estudo acerca das mudanças climáticas ocorridas no Sul do Brasil nas últimas décadas, alertaram para a possibilidade de incidência de epidemias de giberela.

Na região sul do Brasil, nos anos em que ocorre o fenômeno La Niña, caracterizado pela baixa frequência de chuvas, durante a fase reprodutiva do trigo, a giberela pode ser considerada uma doença que causa poucos problemas, devido à falta de umidade. Porém, nos anos em que acontece o fenômeno oposto, o El Niño, marcado por chuvas mais frequentes associadas a temperaturas acima da média, as condições são extremamente favoráveis ao estabelecimento da doença (LIMA, 2004). Segundo Casa et al. (2004), devido a esta alternância dos fenômenos influenciando o clima, ocorre uma variação de ano a ano nos níveis de infecção das lavouras.

Com a colonização das espigas a partir do início da infecção, duas situações podem se desenvolver. Quando a colonização ocorre de forma lenta, os grãos se desenvolvem de forma irregular, demonstrando os efeitos característicos ocasionados pela doença, tais como grãos chochos, enrugados e por vezes róseos, apresentando espiguetas esbranquiçadas ou cor de palha. Já quando a colonização se dá de forma rápida sob condições favoráveis, pode ocorrer um abortamento floral com inibição da fertilização e consequente falha na produção (LIMA, 2004; SIOU et al., 2014). Quando os grãos são formados e não perdidos por ocasião da colheita, os grãos ficam descoloridos, chochos e com menor peso específico. Além disso, o agente patogênico pode secretar micotoxinas nos grãos, prejudicando a qualidade das sementes, tornando uma séria ameaça à saúde humana e animal (LIMA, 2004; TIBOLA et al., 2013; DWEBA et al., 2017).

Os danos da giberela em espigas de trigo podem ser classificados em quantitativos, com a redução da produtividade, ou qualitativos, com a perda do vigor da semente e a produção de micotoxinas (BAI; SHANER, 2004). Por outro lado, Viana (2013) classifica os danos como danos diretos, quando há má formação do grão ou o abortamento floral, e danos indiretos quando há a formação do grão, porém com a presença de micotoxinas produzidas pelo patógeno. A presença de micotoxinas em alguns grãos pode prejudicar um lote inteiro de grãos (TIBOLA et al., 2013). Diversas micotoxinas são produzidas por espécies de *Fusarium* em trigo, entretanto a micotoxina Desoxinivalenol (DON) é a mais comumente encontrada em grãos de trigo (DEL PONTE et al., 2015).

Atualmente, países do mundo inteiro estão atualizando suas legislações quanto ao teor permitido de micotoxinas nos grãos de trigo. No Brasil, uma portaria do MAPA de 2011, reformulada por uma Resolução da Diretoria Colegiada RDC Nº138/2017, dispõe sobre os Limites Máximos Tolerados (LMT) para micotoxinas em alimentos e LMT de Desoxinivalenol (DON) em trigo e subprodutos e altera prazo. A partir de 1º de Janeiro de 2019, a resolução determina LMT de DON de 1000 parte por bilhão (ppb) para trigo integral, trigo para kibe, farinha de trigo integral e farelo de trigo e 750 ppb na farinha de trigo, massas, crackers, biscoitos de água e sal e produtos de panificação (BRASIL, 2011; BRASIL, 2017).

### 2.2.2 Controle

Importante ter o conhecimento da forma e da estrutura de disseminação do fungo, as quais dependem do manejo e das práticas agrícolas adotadas nas regiões de cultivo, para tomada de decisões e planejamento de estratégias para prevenção e controle de possíveis epidemias de FHB (KARLSSON et al., 2017). Entre as estratégias de controle, Tibola et al. (2013) citam o controle genético das cultivares, o controle químico e cultural como fundamentais.

Para Teles Neto (2004), os principais métodos de controle são: a utilização de cultivares com resistência genética, a obtenção de plantas geneticamente modificadas, o controle biológico, o escalonamento da semeadura, a rotação de culturas, o tratamento de sementes e o tratamento químico dos sítios de infecção. Wegulo et al. (2015) acrescentam ainda os sistemas de previsão da doença como uma ferramenta de controle.

Todavia, Dweba et al. (2017) enfatizam que não se obtém êxito no controle de FHB quando se utiliza uma única estratégia de controle. Normalmente, os métodos de controle são utilizados de forma associada pelos produtores. Dentre as opções disponíveis para

prevenção/controlo da doença estão a utilização de cultivares com maior tolerância, o escalonamento da sementeira e o uso de fungicidas (TIBOLA et al., 2013). O método mais utilizado é o controle por agentes químicos (WEGULO et al., 2015). Entretanto, a eficiência pode ser relativamente baixa, principalmente quando a aplicação não for realizada no momento ideal (ALVES, 2010). Agravante para a ineficiência dos manejos de controle é a grande quantidade de inóculo presente no ambiente durante todo ano (REIS et al., 2011; TIBOLA et al., 2013).

Nem mesmo os melhores fungicidas podem ser eficientes quando não há associação com resistência da cultivar. Assim, uma solução sustentável passa pelo melhoramento genético com a obtenção de cultivares resistentes (DWEBA et al., 2017; ALVES, 2010).

A forte dependência dos efeitos climáticos de ano a ano dificultam montar uma estratégia única, que possa ser eficaz no controle do patógeno, entretanto, o desenvolvimento de cultivares resistentes é uma possibilidade promissora (SHAH et al., 2014).

O Brasil dispõe de cultivares com grande capacidade produtiva, com diversidade de arquitetura de plantas, tolerantes à maioria dos patógenos que acometem a cultura. Porém, para alguns fungos, como *Fusarium graminearum*, não há evidências de cultivares com resistência em níveis satisfatórios, apenas de combinações genéticas que apresentam moderada resistência ao fungo em anos não epidêmicos (ALVES, 2010; TIBOLA et al., 2013).

A resistência genética às doenças das culturas econômicas é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético (MCMULLEN et al., 2012; VIANA, 2013), sendo apontada como a melhor, a mais efetiva e sustentável estratégia de controle (RUDD et al., 2001; BUERSTMAYR et al., 2012; GILBERT; HABER, 2013). Assim, a busca por cultivares resistentes dentro dos programas de melhoramento é um desafio contínuo (BISCHOF; EICHMANN; HÜCKELHOVEN, 2011).

A criação de cultivares resistentes ao FHB com adaptação às regiões produtivas constitui a forma de menor custo para aumentar a segurança alimentar de forma sustentável e ambientalmente correta (STEINER et al., 2019). Os mesmos autores reforçam que o controle mais eficiente ao FHB é com o uso de cultivares resistentes. Entretanto, alertam que a obtenção de cultivares com resistência depende da disponibilidade de genótipos com alelos de resistência para serem utilizadas nos programas de melhoramento, além de estratégias eficientes de recombinação e seleção dos alelos de resistência.

A resistência genética ao FHB pode ser expressa na forma ativa, ou seja, relacionada com a morfologia da cultivar ou na forma passiva, relacionada a processos fisiológicos, com

produção de compostos que inibem a infecção quando os patógenos se instalam (MESTERHÁZY, 1995; RUDD et al., 2001).

Algumas características morfológicas e fenológicas se correlacionam positivamente com a resistência da cultivar ao FHB. Altura da planta e capacidade de reter a antera durante a antese são as que desempenham o papel mais importante (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009; BUERSTMAYR et al., 2012). Contudo, Viana (2013) demonstrou não haver diferença significativa na resistência morfológica, concluindo que os esforços devem ser direcionados na obtenção da resistência por processos fisiológicos.

A resistência fisiológica tem apresentado melhores resultados quando comparados os genótipos resistentes e suscetíveis. Estudos demonstram a existência de cinco tipos de resistência ao fungo que causa infecção por giberela em trigo: resistência à infecção inicial – tipo I; resistência à propagação da infecção nas espigas – tipo II; redução do acúmulo de micotoxinas nos grãos – tipo III; resistência dos grãos à infecção – tipo IV; e tolerância – tipo V (MESTERHÁZY, 1995).

Dos tipos de resistência já identificados, as mais estudadas são as dos tipos I e II (SHAH et al., 2014). Os genótipos que apresentam resistência do tipo I ou do tipo II, em condições climáticas favoráveis à instalação da infecção e na presença do fungo, podem parecer suscetíveis no campo, diferindo apenas na forma como o fungo se estabelece. Enquanto que, genótipos com resistência do tipo I apresentam poucos pontos de infecção, com propagação entre as espiguetas podendo atingir toda a espiga, os genótipos com resistência do tipo II apresentam inúmeros pontos iniciais de infecção, porém, sem propagação dentro da espiga (BAI; SHANER, 2004). A associação de resistência do tipo I e II no mesmo genótipo pode garantir uma menor severidade de giberela (MIEDANER; MOLDOVAN; ITTU, 2003; ALVES, 2010; YAN et al., 2011). A resistência do tipo II, com resistência à propagação da infecção na espiga é a mais estudada e considerada a mais estável para ser utilizada nos programas de melhoramento genético (SU et al., 2018b; ZHANG et al., 2018).

### 2.3 Melhoramento

O passo inicial para obter cultivares resistentes por meio de programas de melhoramento genético é a identificação de alelos de resistência (BAI; SU; CAI, 2018a). Populações segregantes devem ser formadas a partir de cruzamentos com no mínimo um genitor com alelos de resistência à FHB (STEINER et al., 2017). Entretanto, de todos os genes identificados e

correlacionados com resistência ao FHB, poucos realmente expressam ganhos significativos no melhoramento (BUERSTMAYR et al., 2012).

### 2.3.1 Genes de resistência

Atualmente, vários QTLs (*Quantitative trait loci*) de resistência à FHB foram identificados (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009). De acordo com Dweba et al. (2017) estão identificados e mapeados mais de 100 QTLs para resistência a FHB. Porém, apenas alguns QTLs foram validados e estão sendo utilizados com sucesso nos programas de melhoramento (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009).

Steiner et al. (2017) destacam que quando o objetivo é a busca da identificação dos genes que são responsáveis para resistência ao FHB, deve se dar prioridade para QTLs que tenha maior influência na variabilidade para resistência. Numerosos estudos de mapeamento identificaram e comprovaram a existência de QTLs com efeito maior e que podem incrementar a resistência ao FHB, com destaques aos genes *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, *Fhb5*, *Fhb7*, *Qfhs.ifa-5A* e *Qfhs.nau-2DL* (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009).

Dentre os citados, o QTL de maior efeito na indução à resistência é o *Fhb1*, este QTL foi identificado em Sumai-3 e é o mais reconhecido em todo o mundo e continua sendo um dos QTL mais utilizados quando se busca aumentar a resistência a FHB (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009; SHAH et al., 2014; SU et al., 2018b). *Fhb1* tem sido utilizado nos programas de melhoramento de trigo de primavera nos EUA (ZHANG et al., 2018), e está relacionado à resistência do tipo II, com até 60% da variação do caráter devido a este QTL (ANDERSON et al., 2001).

De acordo com McMullen et al. (2012) e Su et al. (2018b), a expressão da resistência à FHB numa cultivar depende dos QTLs situados nos cromossomos 3B e 5A, tornando Sumai-3 e seus descendentes vastamente citados como os mais utilizados nos programas de melhoramento para transferência de resistência a FHB (BAI; SHANER, 2004; BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009).

Na cultivar Sumai-3, foram identificados e validados os QTLs com maior expressão na resistência ao FHB (ANDERSON et al., 2001). Além do *Fhb1*, localizado no cromossomo 3BS (ANDERSON, 2007; RAWAT et al., 2016), o *Fhb5* no cromossomo 5AS (BUERSTMAYR et al., 2003; SOMERS; ISAAC; EDWARDS, 2004) e o *Fhb2* no cromossomo 6BS (ANDERSON et al., 2001; CUTHBERT; SOMERS; BRULÉ-BABEL, 2007), estes QTLs são os mais

comumente usados em cruzamentos em nível mundial (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009; ZHUANG; GALA; YEN, 2013; SCHERLOSKI et al., 2015).

Giancaspro et al. (2018), comprovaram a eficiência da utilização de descendentes originados do cruzamento de Sumai-3 com um genótipo suscetível a FHB. Em estudo histológico conduzido com essa cultivar e um genótipo suscetível, Ha et al. (2016) notaram grande diferença no crescimento do micélio entre as espiguetas, comprovando a resistência de Sumai-3. Em outro estudo comprovou a capacidade do alelo favorável do gene *Fhb1* em transformar a micotoxina DON em uma molécula menos tóxica (LEMMENS et al., 2007).

### 2.3.2 Métodos de melhoramento

Nos caracteres de herança quantitativa, como é o caso da resistência a FHB, a variância do caráter depende da ação de inúmeros genes (SNIJDERS, 1990; ANDERSON et al., 2001; CUTHBERT et al., 2006), sendo influenciada também por fatores ambientais (MIEDANER et al., 2006; BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009; VIANA, 2013). Consequentemente, alguns métodos de melhoramento com base apenas no fenótipo ficam limitados quando se trata de uma característica quantitativa, sendo um desafio para o melhorista que enfrenta alta influência do ambiente (BUERSTMAYR; BAN; ANDERSON, 2009).

Para minimizar essas dificuldades, Viana (2013) propõe a utilização de marcadores moleculares para auxílio na identificação de indivíduos com alelos de resistência, pois possibilita a seleção com base no genótipo. O uso de marcadores moleculares aumenta a probabilidade de selecionar os genótipos com os alelos desejáveis (ZEB et al., 2009), além de ter a vantagem de não ser influenciado pelo ambiente (REIS et al., 2011).

Marcadores moleculares são ferramentas baseadas em sequências específicas do genoma que servem para auxiliar os melhoristas na obtenção de genótipos superiores, especialmente na seleção de caracteres de herança quantitativa, com pronunciado efeito do ambiente (STEINER et al., 2017), quando se reportam a um ou mais genes de interesse torna a estratégia de seleção mais eficaz (DWEBA et al., 2017).

A seleção assistida por marcadores (MAS) é baseada em marcas moleculares associadas aos genes de interesse (STEINER et al., 2017) e é largamente utilizada em programas de melhoramento na obtenção de resistência, com inúmeros casos de sucessos (MIEDANER et al., 2006). A prática de piramidação de QTLs, comum em programas de melhoramento, também pode ser acelerada com a utilização desta ferramenta (STEINER et al., 2019). Entretanto, a

eficácia deste método é dependente da existência de QTLs de grande efeito para resistência, com estabilidade e com marcadores finamente ligados, obtendo genótipos com resistência de forma mais ágil (STEINER et al., 2017).

O gene *Fhb1* foi identificado como QTL de grande efeito, sendo viável a utilização da técnica da seleção assistida por marcadores (CHEN et al., 2007; LIU et al., 2008). Todavia, para utilização da seleção assistida na transferência dos alelos de *Fhb1* para outros genótipos é necessário um marcador confiável, que segregue com o alelo e seja de fácil utilização nos laboratórios (SCHWEIGER et al., 2016).

O primeiro marcador relatado para o gene *Fhb1* foi desenvolvido em 1999, desde então, inúmeros outros marcadores foram desenvolvidos, os primeiros a serem utilizados tinham cerca de 10 Centimorgan de distância de *Fhb1*, mais tarde, um mapeamento mais acurado resultou em marcadores mais próximos, incluindo UMN10 (CUTHBERT et al., 2006; LIU et al., 2008; SCHWEIGER et al., 2016) considerado um marcador confiável (LIU et al., 2008). Foi validado em muitas populações e sua utilização em programas de melhoramento aumentou a seleção de genótipos com os alelos favoráveis de *Fhb1* (ZHANG et al., 2018).

No estudo conduzido por Liu et al. (2008), os autores não encontraram recombinações, demonstrando que o marcador estava fortemente ligado ao gene *Fhb1*. Steiner et al. (2019) afirmam que quando o objetivo é a introgressão dos alelos de *Fhb1*, o marcador UMN10 tem sido amplamente utilizado pelos programas de melhoramento de genético de trigo em todo o mundo.

Schweiger et al. (2016) relatam que em alguns casos um sinal falso positivo pode acontecer sendo de extrema necessidade associar seleção fenotípica com a seleção molecular. Entretanto, no caso da fenotipagem não ser realizada em condições controladas, mas em condições de campo, a recomendação é que não se conclua baseado em apenas um ano, pois pode ser fortemente influenciado pelas condições ambientais. Desta forma a seleção fenotípica para resistência FHB necessita ser repetida por dois ou mais anos e locais para aumentar a confiabilidade e precisão.

Além da fenotipagem realizada com a avaliação da espiga após inoculação, em ambiente controlado, muito utilizada para fenotipagem da resistência tipo II, Alisaac et al. (2018) propõem também a utilização da diferença de coloração das espigas para tornar mais ágil a classificação da doença.

### 3 OBJETIVO

Verificar o efeito da introgressão do alelo favorável do QTL *Fhb1* nas linhas quase isogênicas (NIL) das cultivares BRS Parrudo e Quartzo nas características agrônômicas relacionadas aos componentes de rendimento da cultura e na severidade da giberela.

### 4 MATERIAL E MÉTODOS

#### 4.1 Material genético

Foram utilizadas linhas quase-isogênicas (NIL-“Near-Isogenic Lines”) das cultivares BRS Parrudo e Quartzo. As NILs foram desenvolvidas durante os anos de 2014 até 2018, pela equipe do programa de melhoramento genético de trigo e de biotecnologia da Embrapa Trigo, Passo Fundo - RS. Inicialmente foram feitos cruzamentos entre a cultivar chinesa Sumai-3, detentora de alelos favoráveis de genes que conferem resistência ao fungo *Fusarium graminearum*, entre eles *Fhb1* (ANDERSON, 2007; RAWAT et al., 2016) e as cultivares brasileiras adaptadas e recomendadas para a região sul do Brasil, BRS Parrudo e Quartzo (CUNHA; CAIERÃO; ROSA, 2016).

A técnica de retrocruzamento (RC) assistido por marcadores moleculares foi utilizada para a introgressão do alelo (OPENSHAW; JARBOE; BEAVIS, 1994). Todos os ciclos da cultura foram conduzidos em ambientes protegidos e controlados com solo corrigido, de acordo com a recomendação para a cultura do trigo (CUNHA; CAIERÃO; ROSA, 2016). As plantas obtidas passaram pelo processo de genotipagem para detecção do alelo de *Fhb1*, por meio de reação em cadeia da polimerase (PCR) com o primer *UMN10* (CUTHBERT et al., 2006; LIU et al., 2008; SCHWEIGER et al., 2016) realizada no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Trigo e seguiu a metodologia descrita por Frizon, (2016).

Ao final de 2018, após três ciclos de retrocruzamentos e dois ciclos de multiplicação de sementes foram obtidas NILs de BRS Parrudo (BRS Parrudo/Sumai-3//3\*BRS Parrudo) e NILs de Quartzo (Quartzo/Sumai-3//3\*Quartzo) com recuperação de 93,75% da constituição genética das cultivares utilizadas como genitores recorrentes (GR), de acordo com a equação  $\%GR = 100 [1 - (0,5)^{n-1}]$  onde, n= número de retrocruzamentos (OPENSHAW; JARBOE; BEAVIS, 1994).

Foram testados 10 genótipos: 1) NIL 1 da cultivar BRS Parrudo (NIL P01); 2) NIL 2 da cultivar BRS Parrudo (NIL P02); 3) NIL 3 da cultivar BRS Parrudo (NIL P03); 4) NIL 1 da cultivar Quartzo (NIL Q01); 5) NIL 2 da cultivar Quartzo (NIL Q02); 6) NIL 3 da cultivar Quartzo (NIL Q03); 7) Cultivar BRS Parrudo (Genitor Recorrente); 8) Cultivar Quartzo (Genitor Recorrente); 9) Sumai-3 (Genitor doador e testemunha resistente); 10) CD 116 (Testemunha suscetível) (CUNHA; CAIERÃO; ROSA, 2016).

## 4.2 Experimento

O experimento foi conduzido na unidade da Embrapa Trigo, no município de Passo Fundo/RS, localizado a 687 m de altitude, latitude 28°23' S, longitude 52°40' W, durante o ano de 2019 e consistiu na inoculação artificial do patógeno causador de Giberela em Trigo (*Fusarium graminearum*) nos genótipos, em ambiente protegido denominado casa-de-vegetação, para verificar a resistência do tipo II ao fungo *Fusarium graminearum* (MESTERHÁZY, 1995).

A semeadura foi realizada no mês de julho em baldes, com densidade de semeadura de oito (8) sementes por vaso. O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso, com três repetições, perfazendo um total de 30 parcelas. Os baldes permaneceram em telado coberto durante o desenvolvimento vegetativo, quando as plantas atingiram o estágio 10 da escala modificada de Feekes & Large (Lima, 2002), os baldes foram transferidos para uma casa de vegetação, toda fechada com vidros e com controle de temperatura. A condução do ensaio seguiu as Informações Técnicas para a Cultura e Trigo e Triticale (CUNHA; CAIERÃO; ROSA, 2016).

Para proceder à inoculação das espigas, o fungo *Fusarium graminearum* foi cultivado em Batata-Dextrose-Ágar (BDA), a 25° C em placas de Petri. A obtenção de esporos foi realizada através da raspagem das placas de Petri, onde os conídios foram removidos com água destilada e com auxílio de um pincel. A concentração foi ajustada para  $5 \times 10^4$  esporos/ml, com contagem realizada em microscópio óptico na Câmara de Neubauer (ALVES et al., 2013). A suspensão de conídios sempre foi preparada momentos antes da inoculação e eliminada após cada processo de inoculação.

No momento em que as espigas atingiram o estágio de antese nas flores medianas da espiga, com extrusão de anteras, a inoculação foi realizada. Aproximadamente 0,5 ml da suspensão de esporos (macroconídios) foi injetada entre a lema e a pálea de uma espigueta, de cada espiga, utilizando uma seringa com agulha hipodérmica. O ponto de infecção em cada espiga foi em

uma das espiguetas localizada no terço médio da espiga. Após a inoculação, a espiga foi umedecida com auxílio de um borrifador manual (Spray), e coberta com um saco plástico por 48 h para manutenção da umidade na espiga, adaptado do modelo descrito por Cuthbert et al., (2006) e Alves et al., (2013).

Cada parcela teve de 4 a 5 espigas inoculadas, obtendo-se de 12 a 15 espigas inoculadas para cada genótipo. As demais espigas de cada parcela tiveram seu desenvolvimento normal. Duas destas espigas, consideradas sadias, de cada parcela foram utilizadas para avaliação das características agrônômicas relacionadas à espiga. As espigas utilizadas no ensaio, sadias e inoculadas, tão logo atingiram o ponto de colheita, foram colhidas individualmente e receberam uma identificação com o número da parcela e número da espiga. Estas espigas permaneceram acomodadas em freezer, para manutenção de suas características até o processo de trilha, no momento das avaliações.

### 4.3 Avaliações

Nas espigas sadias, antes da colheita, foi identificado o tempo de antese (ANT) que consiste no intervalo de dias entre a data da emergência até o início da fase de antese, sendo considerada neste estudo a data que iniciou a extrusão das anteras. Após a colheita, foi avaliado o número de espiguetas por espiga (NE), número total de grãos produzidos por espiga (NG), número de grãos por espiguetas (NGE), utilizando a seguinte expressão,  $NGE = NG/NE$  e o peso de mil sementes (PMS) obtido pela expressão,  $PMS = PTG/NG * 1000$  onde, PTG = peso total dos grãos, NG = número de grãos. Para cada parcela foi utilizada a média das duas espigas sadias colhidas.

Nas espigas inoculadas, as avaliações foram iniciadas logo após as inoculações. Por meio de observação visual, foram contadas todas as espiguetas que apresentavam sintomas de infecção da doença aos 5, 15 e 25 dias após a inoculação (DAI), a espiguetas onde ocorreu a inoculação foi desconsiderada na contagem, estes dados foram utilizados para estimar a velocidade de infecção da doença e a proporção de espigas incidentes (PEI) em relação à testemunha resistente. As demais avaliações foram realizadas após a colheita, quando cada espiga passou pelo processo de trilha manual, espiguetas por espiguetas com a identificação de cada grão produzido quanto à sanidade e identificação dos antécios onde não houve a produção de grãos.

Desta forma grãos com sintomas característicos de giberela descritos por Lima (2004) foram contabilizados como grãos giberelados (GG), e os grãos sem sintomas foram contabilizados

como grãos sadios (GS). Os dois antécios laterais desenvolvidos e que não conseguiram produzir grãos, foram considerados como abortamento floral. Após a separação, os grãos foram contabilizados e pesados conforme a classificação por sanidade, resultando nas seguintes variáveis:

- i. Grãos sadios (GS): percentual de grãos sadios produzidos, obtido por meio da expressão,  $GS = TGS/TGP*100$ , onde: TGS = total de grãos sadios produzidos; TGP= total de grãos produzidos.
- ii. Grãos giberelados (GG): percentual de grãos giberelados produzidos, obtido por meio da expressão,  $GG = TGG/TGP*100$ , onde: TGG = total de grãos giberelados produzidos; TGP= total de grãos produzidos.
- iii. Grãos giberelados reais (GGR): percentual de grãos giberelados reais, considerando todo abortamento floral como grãos giberelados, obtido por meio da expressão  $GGR = ((MGES-MGPEI) + MGGEI) / MGES * 100$ , onde: MGES= média de grãos produzidos na espiga sadia; MGPEI = média de grãos produzidos na espiga inoculada, MGGEI= média de grãos giberelados produzidos na espiga inoculada.
- iv. Espiguetas infectadas (EI): percentual de espiguetas infectadas, considerando espiguetas infectadas quando ao menos um grão apresentasse sintoma de giberela ou apresentasse abortamento floral (somente os dois antécios principais), obtido por meio da expressão  $EI = TEI/TEE*100$  onde: TEI = total de espiguetas infectadas; TEE = total de espiguetas da espiga.
- v. Índice de doença (I-FHB): esta variável considera a severidade (S) e a proporção de espigas incidentes (PEI) da doença, adaptado do índice proposto por Balut et al. (2013), utilizado para infecção natural. As espigas foram avaliadas individualmente quanto à PEI e S, formando um índice para cada parcela. O dado de S foi obtido por meio da variável espiguetas infectadas (EI). A PEI foi calculada tendo como base a testemunha resistente, utilizando a avaliação de espiguetas infectadas realizada aos 25 DAI, sendo que toda espiga com valor de espiguetas infectadas iguais ou acima do valor médio da testemunha resistente (Sumai-3), no mesmo bloco de casualização, foi considerada como espiga incidente e valores abaixo da média da testemunha, foram consideradas não incidentes. A proporção de espigas incidentes (PEI) foi calculada por meio da expressão  $PEI = NECI/NE*100$ , onde: NECI = número de espigas consideradas incidentes, NE = número de espigas. Para o cálculo do I-FHB foi utilizada a seguinte expressão  $I-FHB = S*PEI$ .

- vi. Peso de mil sementes sadias (PMS-S): peso em gramas de mil sementes dos grãos sadios produzidos, obtidos por meio da expressão,  $PMS-S = PGS/TGSP \cdot 1000$ , onde: PGS = peso em gramas dos grãos sadios, TGSP = total de grãos sadios produzidos.
- vii. Peso de mil sementes gibereladas (PMS-G): peso em gramas de mil sementes dos grãos giberelados produzidos, obtidos por meio da expressão,  $PMS-G = PGG/TGGP \cdot 1000$ , onde: PGG = peso em gramas dos grãos giberelados, TGGP = total de grãos giberelados produzidos.
- viii. Peso de mil sementes total (PMS-T): peso em gramas de mil sementes dos grãos produzidos, obtidos por meio da expressão,  $PMS-T = PGP/TGP \cdot 1000$ , onde: PGP = peso em gramas dos grãos produzidos, TGP = total de grãos produzidos.

#### 4.4 Análises

Para o procedimento de análises, os genótipos foram divididos em grupos. Nas variáveis obtidas das espigas sadias, as NILs foram comparadas com seus respectivos genitores recorrentes (GR). Nas variáveis com ação do patógeno inoculado, oito grupos de comparação foram formados. O grupo T inclui todos os genótipos enquanto o grupo N é formado apenas pelas NILs. Nos demais grupos, os grupos de NILs foram comparadas com as cultivares utilizadas, ao menos uma cultivar foi utilizada em cada comparação e estas cultivares foram consideradas como testemunhas em cada grupo de comparação. Nos grupos denominados  $\alpha$  e  $\beta$ , as NILs foram comparadas com seu respectivo GR, nos grupos denominados  $\alpha_1$  e  $\beta_1$  as NILs foram comparadas com os dois genitores e nos grupos de comparação  $\alpha_2$  e  $\beta_2$  as NILs foram comparadas com as duas cultivares controles. Os dados obtidos de cada variável foram avaliados quanto aos pressupostos de independência, distribuição normal e homogeneidade dos resíduos utilizando o teste de “Lilliefors”. No caso de identificação de variância heterogênea, os dados foram transformados para atender aos pressupostos da análise de variância. Após as transformações, os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e quando significativos, as médias comparadas com os testes de Scott-Knott (5%), nos grupos de comparação T, N e o teste de Dunnett 5%, nos grupos de comparação  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\alpha_1$ ,  $\beta_1$ ,  $\alpha_2$  e  $\beta_2$ . Para o teste de velocidade de infecção foi utilizado um esquema fatorial, com dois fatores: ambientes e genótipos, considerando os dias após a inoculação como ambientes. Todas as variáveis foram

associadas pelo teste de correlação linear de Pearson. As análises foram realizadas com o auxílio do software estatístico Genes (CRUZ, 1998).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As características agrônômicas relacionadas à espiga (sadias) permitiram comparar o comportamento das NILs com o de seus respectivos GR e, portanto, o efeito da presença do gene *Fhb1* no desempenho dos genótipos (Tabela 1).

No presente estudo, foi considerado para critério de comparação, o estágio de antese dos genótipos, momento no qual foi realizada a inoculação. Quartzo e suas NILs tiveram florescimento a partir de 95 dias da semeadura com variação máxima de 2 dias em NIL Q03, enquanto que, no grupo de BRS Parrudo e suas NILs, o florescimento aconteceu somente após os 105 dias se estendendo até 109 dias.

Tabela 1 – Médias, teste F e coeficiente de variação (CV) para características agrônômicas relacionadas as espigas sadias das cultivares Quartzo e BRS Parrudo (genitores recorrentes) e suas respectivas NILs em experimento com inoculação artificial de *Fusarium graminearum* sob ambiente protegido no ano de 2019, em Passo Fundo-RS.

| Genótipos/Nil | ANT (dias)          | NE                | NGE                 | NG                  | PMS (g)             |
|---------------|---------------------|-------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| Quartzo       | 95.07               | 12.83             | 2.09                | 27.17               | 37.22               |
| NIL Q01       | 96.40               | 13.33             | 1.95                | 26.17               | 29.12               |
| NIL Q02       | 97.00               | 12.67             | 1.94                | 24.50               | 28.63               |
| NIL Q03       | 97.33               | 13.00             | 2.00                | 26.00               | 32.35               |
| Teste F       | 18.41 <sup>ns</sup> | 100 <sup>ns</sup> | 100 <sup>ns</sup>   | 100 <sup>ns</sup>   | 3.02*               |
| CV (%)        | 1.20                | 8.46              | 10.75               | 18.11               | 8.75                |
| <br>          |                     |                   |                     |                     |                     |
| BRS Parrudo   | 108.27              | 12.67             | 1.91                | 24.17               | 29.45               |
| NIL P01       | 108.05              | 13.17             | 1.97                | 25.83               | 28.64               |
| NIL P02       | 109.13              | 12.67             | 2.11                | 26.83               | 28.21               |
| NIL P03       | 105.93              | 13.83             | 2.11                | 29.17               | 27.52               |
| Teste F       | 27.20 <sup>ns</sup> | 100 <sup>ns</sup> | 31.87 <sup>ns</sup> | 44.27 <sup>ns</sup> | 100.0 <sup>ns</sup> |
| CV (%)        | 1.69                | 7.88              | 7.10                | 13.45               | 11.27               |

Antese (ANT), Número de espiguetas (NE), Número de Grãos por Espiguetas (NGE), Número de Grãos por Espiga e Peso de Mil Sementes (PMS) ns= não significativo \* = 0,05 \*\* = 0,01 Teste F.

Quando a comparação se dá entre os grupos, nota se que, no grupo com Quartzo a antese antecipou de 8 a 14 dias do que no grupo de BRS Parrudo e suas NILs, ao contrário do esperado, uma vez que, de acordo com seus obtentores, BRS Parrudo e Quartzo estão descritas como de ciclo precoce e médio, respectivamente (CUNHA, CAIERÃO, ROSA, 2016). Uma possível

causa da diferença de antese entre os materiais testados pode ter sido a semeadura do ensaio, realizada no final do período recomendado.

Já, na comparação entre as NILs e o respectivo GR, não foram verificadas diferenças médias significativas, exceto para PMS no grupo com Quartzo. Diferentemente do encontrado, Suzuki; Sato; Takeuchi (2012), em estudo conduzido com introgressão de alelos de Sumai-3, verificaram que as NILs tiveram atraso na antese, quando comparadas com seu GR. Já Bakhsh et al. (2013) notaram adiantamento no espigamento, quando os genótipos utilizados continham os alelos de *Fhb1*.

As variáveis NE, NGE e NG são características correlacionadas a fertilidade e ao tamanho da espiga de cada cultivar. Em ambos os grupos, estas características não tiveram médias diferentes, sendo observada grande similaridade das NILs com seus respectivos GRs (Tabela 1).

A variável PMS foi a única variável na qual houve variação significativa entre os genótipos ( $p > 0,05$ ), mas apenas no grupo da cultivar Quartzo. Os PMS verificados para as cultivares Quartzo e BRS Parrudo ficaram em 37,22 e 29,45 g, respectivamente. Quartzo foi superior às suas NILs, não diferindo apenas de NIL Q03.

A diferença encontrada entre Quartzo e suas NILs pode estar atrelada ao manejo realizado durante o experimento. O tratamento fitossanitário ocorreu até os genótipos atingirem o estágio 10 da escala modificada de Feekes & Large (LIMA, 2002), sendo que após este estágio foram observados uma forte pressão de Oídio (*Blumeria repentis*) nas NILs de Quartzo, que pode ter ocasionado a redução de PMS.

Em síntese, com relação às características agronômicas, foram encontradas grandes similaridades entre as NILs e seus respectivos GRs, assim como relatado por Balut et al. (2013) e Li et al. (2019) para genótipos portadores do gene *Fhb1*. Portanto, o efeito da introgressão de alelos de *Fhb1* não afeta de forma relevante o desempenho agrônomico, sendo viável a introgressão dos alelos de resistência a *Fhb1* em genótipos de interesse sem provocar queda no desempenho já obtido.

Entretanto, Ma et al. (2019) concluíram que algumas características agronômicas indesejáveis estão entre os principais fatores para escassa utilização comercial de cultivares obtida por meio de cruzamentos com genótipos antigos ou não adaptada. Para contornar este problema Bai; Su; Cai, (2018a) relatam que a utilização de retrocruzamento assistido por marcador, com o propósito de transferir alelos de *Fhb1*, tem sido o método mais eficaz,

reduzindo assim, características agrônômicas indesejadas quando se utiliza fontes chinesas diretamente em programas de melhoramento.

Nas variáveis relacionadas ao efeito do patógeno inoculado, os genótipos foram separados em grupos para as avaliações estatísticas (Quadro 1).

Quadro 1 – Resumo da análise de variância para as variáveis Grãos sadios (GS), Grãos giberelados (GG), Grãos giberelados reais (GGR), Espiguetas infectadas (EI), Peso de mil grãos sadios (PMS-S), PMS giberelados (PMS-G), PMS total (PMS-T) e Índice de doença (I-FHB) comparando todos os genótipos (T), as NILs de BRS Parrudo e BRS Parrudo ( $\alpha$ ), as NILs de BRS Parrudo e os dois genitores ( $\alpha 1$ ), as NILs de BRS Parrudo e as duas testemunhas ( $\alpha 2$ ), as NILs de Quartzo e Quartzo ( $\beta$ ), as NILs de Quartzo e os dois genitores ( $\beta 1$ ), as NILs de Quartzo e as duas testemunhas ( $\beta 2$ ) e somente as NILs (N) no experimento com inoculação artificial de *Fusarium graminearum*, sob ambiente protegido no ano de 2019, Passo Fundo-RS.

| T                  |        |                      |         |       |       | $\alpha$           |        |                      |         |       |       |
|--------------------|--------|----------------------|---------|-------|-------|--------------------|--------|----------------------|---------|-------|-------|
| Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) | Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) |
|                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |
| GS <sup>1</sup>    | 0.0067 | 0.4027**             | 0.0041  | 1.76  | 3.63  | GS <sup>1</sup>    | 0.0017 | 0.0023 <sup>ns</sup> | 0.001   | 1.94  | 1.63  |
| GG <sup>1</sup>    | 0.0717 | 0.3977**             | 0.0256  | 1.34  | 11.89 | GG <sup>1</sup>    | 0.0313 | 0.1082 <sup>ns</sup> | 0.0228  | 1.08  | 13.96 |
| GGR <sup>1</sup>   | 0.1314 | 0.1657**             | 0.037   | 1.55  | 12.43 | GGR <sup>1</sup>   | 0.1209 | 0.0157 <sup>ns</sup> | 0.0774  | 1.37  | 20.33 |
| EI <sup>1</sup>    | 0.05   | 0.131**              | 0.0196  | 1.6   | 8.78  | EI <sup>1</sup>    | 0.0629 | 0.0106 <sup>ns</sup> | 0.023   | 1.47  | 10.3  |
| PMS-S <sup>1</sup> | 0.0016 | 0.0077**             | 0.0011  | 1.47  | 2.28  | PMS-S <sup>1</sup> | 0.0001 | 0.0011 <sup>ns</sup> | 0.0003  | 1.49  | 1.14  |
| PMS-G <sup>1</sup> | 0.0039 | 0.0362**             | 0.0078  | 1.07  | 8.29  | PMS-G <sup>1</sup> | 0.0059 | 0.0051 <sup>ns</sup> | 0.0058  | 1.1   | 6.92  |
| PMS-T              | 1.7299 | 158.7272**           | 3.8086  | 22.8  | 8.56  | PMS-T              | 6.3532 | 17.4801**            | 1.4875  | 27.11 | 4.5   |
| I-FHB <sup>1</sup> | 0.0054 | 0.4956**             | 0.073   | 1.38  | 19.54 | I-FHB <sup>1</sup> | 0.1153 | 0.0574 <sup>ns</sup> | 0.0824  | 1.32  | 21.74 |
| $\alpha 1$         |        |                      |         |       |       | $\alpha 2$         |        |                      |         |       |       |
| Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) | Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) |
|                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |
| GS <sup>1</sup>    | 0.0036 | 0.0017 <sup>ns</sup> | 0.001   | 1.94  | 1.64  | GS <sup>1</sup>    | 0.0009 | 0.8251**             | 0.0015  | 1.72  | 2.22  |
| GG <sup>1</sup>    | 0.0887 | 0.0813 <sup>ns</sup> | 0.0356  | 1.08  | 17.48 | GG <sup>1</sup>    | 0.0311 | 0.5903**             | 0.0303  | 1.23  | 14.12 |
| GGR <sup>1</sup>   | 0.1388 | 0.0132 <sup>ns</sup> | 0.0583  | 1.38  | 17.52 | GGR <sup>1</sup>   | 0.0532 | 0.2328*              | 0.0504  | 1.5   | 14.94 |
| EI <sup>1</sup>    | 0.0825 | 0.0104 <sup>ns</sup> | 0.0256  | 1.46  | 10.96 | EI <sup>1</sup>    | 0.032  | 0.1835**             | 0.0249  | 1.54  | 10.23 |
| PMS-S <sup>1</sup> | 0.0001 | 0.00218*             | 0.0003  | 1.5   | 1.21  | PMS-S <sup>1</sup> | 0.0003 | 0.0145**             | 0.0006  | 1.47  | 1.65  |
| PMS-G <sup>1</sup> | 0.0053 | 0.0273 <sup>ns</sup> | 0.0075  | 1.14  | 7.6   | PMS-G <sup>1</sup> | 0.0067 | 0.0468**             | 0.0064  | 1.12  | 7.17  |
| PMS-T              | 2.1401 | 19.7145*             | 2.9788  | 27.77 | 6.21  | PMS-T              | 2.1306 | 261.6492**           | 1.9547  | 24.26 | 5.76  |
| I-FHB <sup>1</sup> | 0.011  | 0.4507 <sup>ns</sup> | 0.1422  | 1.16  | 32.64 | I-FHB <sup>1</sup> | 0.0066 | 0.8355*              | 0.1245  | 1.25  | 28.26 |
| $\beta$            |        |                      |         |       |       | $\beta 1$          |        |                      |         |       |       |
| Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) | Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) |
|                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |
| GS <sup>1</sup>    | 0.0074 | 0.0722*              | 0.0084  | 1.78  | 5.16  | GS <sup>1</sup>    | 0.0077 | 0.0702**             | 0.0069  | 1.81  | 4.6   |
| GG <sup>1</sup>    | 0.0321 | 0.2092**             | 0.0129  | 1.52  | 7.48  | GG <sup>1</sup>    | 0.0846 | 0.2776**             | 0.0293  | 1.43  | 12.01 |
| GGR <sup>1</sup>   | 0.0324 | 0.1011*              | 0.0201  | 1.65  | 8.6   | GGR <sup>1</sup>   | 0.0464 | 0.1083*              | 0.0163  | 1.6   | 7.96  |
| EI <sup>1</sup>    | 0.0041 | 0.1099*              | 0.0125  | 1.67  | 6.68  | EI <sup>1</sup>    | 0.0255 | 0.1245**             | 0.0173  | 1.62  | 8.11  |
| PMS-S <sup>1</sup> | 0.0051 | 0.0027 <sup>ns</sup> | 0.0012  | 1.46  | 2.41  | PMS-S <sup>1</sup> | 0.0044 | 0.0057*              | 0.0012  | 1.47  | 2.34  |
| PMS-G <sup>1</sup> | 0.0067 | 0.018 <sup>ns</sup>  | 0.0094  | 1     | 9.64  | PMS-G <sup>1</sup> | 0.0023 | 0.0646*              | 0.0111  | 1.06  | 9.92  |
| PMS-T              | 0.0216 | 83.2968**            | 6.3944  | 20.28 | 12.47 | PMS-T              | 0.8266 | 124.2897**           | 5.4045  | 22.31 | 10.42 |
| I-FHB <sup>1</sup> | 0.0026 | 0.1914*              | 0.0266  | 1.52  | 10.75 | I-FHB <sup>1</sup> | 0.0561 | 0.7697**             | 0.061   | 1.31  | 18.8  |
| $\beta 2$          |        |                      |         |       |       | N                  |        |                      |         |       |       |
| Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) | Variáveis          | Blocos | Quadrado Médio       |         | Média | CV(%) |
|                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |                    |        | Tratamentos          | Resíduo |       |       |
| GS <sup>1</sup>    | 0.0157 | 0.7341**             | 0.0047  | 1.64  | 4.19  | GS <sup>1</sup>    | 0.0066 | 0.0414**             | 0.0045  | 1.89  | 3.54  |
| GG <sup>1</sup>    | 0.0953 | 0.4138**             | 0.0261  | 1.47  | 11    | GG <sup>1</sup>    | 0.0116 | 0.2635**             | 0.0156  | 1.24  | 10.11 |
| GGR <sup>1</sup>   | 0.0477 | 0.1608**             | 0.0159  | 1.63  | 7.75  | GGR <sup>1</sup>   | 0.0909 | 0.0686 <sup>ns</sup> | 0.0474  | 1.47  | 14.79 |
| EI <sup>1</sup>    | 0.032  | 0.1799**             | 0.0149  | 1.64  | 7.42  | EI <sup>1</sup>    | 0.021  | 0.0647*              | 0.0191  | 1.53  | 9.05  |
| PMS-S <sup>1</sup> | 0.0008 | 0.0131**             | 0.0016  | 1.46  | 2.77  | PMS-S <sup>1</sup> | 0.0013 | 0.0016 <sup>ns</sup> | 0.001   | 1.48  | 2.14  |
| PMS-G <sup>1</sup> | 0.0022 | 0.0528*              | 0.0103  | 1.07  | 9.44  | PMS-G <sup>1</sup> | 0.0176 | 0.0079 <sup>ns</sup> | 0.0052  | 1.08  | 6.67  |
| PMS-T              | 0.5525 | 228.0548**           | 4.0162  | 20.95 | 9.57  | PMS-T              | 1.847  | 62.589**             | 2.5491  | 24.85 | 6.43  |
| I-FHB <sup>1</sup> | 0.0677 | 0.9285**             | 0.0554  | 1.35  | 17.42 | I-FHB <sup>1</sup> | 0.0416 | 0.0818 <sup>ns</sup> | 0.0633  | 1.34  | 18.79 |

Nota: <sup>1</sup> – dado transformado, \*e\*\* significância em 5% e 1% de probabilidade de erro, respectivamente pelo teste F. <sup>ns</sup> - não significativo. CV - coeficiente de variação.

Em todos os grupos testados, ao menos uma característica apresentou diferença significativa entre genótipos. No grupo onde todos os genótipos foram testados (T), todas as variáveis tiveram médias com diferenças significativas ( $p>0,01$ ).

Nos grupos de comparação com NILs de BRS Parrudo ( $\alpha$ ,  $\alpha 1$  e  $\alpha 2$ ), somente a variável PMS-T teve diferença nos três grupos. No grupo  $\alpha$ , exceto PMS-T todas as variáveis tiveram médias estatisticamente homogêneas.

Já no grupo  $\alpha 1$ , além de PMS-T, PMS-S ( $p>0,05$ ) também diferiu entre os genótipos. Em  $\alpha 2$ , todas as variáveis tiveram médias diferentes entre si, GS, GG, EI, PMS-S, PMS-G e PMS-T ( $p>0,01$ ) e GGR e I-FHB ( $p>0,05$ ).

Quando a comparação se deu nos grupos com GR Quartzo ( $\beta$ ,  $\beta 1$  e  $\beta 2$ ), o número de variáveis com diferença significativa aumentou dentro dos grupos. No grupo  $\beta$ , comparando NILs somente com GR, apenas PMS-S e PMS-G não diferiram entre si, já as demais variáveis testadas tiveram médias estatísticas diferentes, com as variáveis GS, GGR, EI e I-FHB a um nível de significância de 5% ( $p>0,05$ ) e as variáveis GG e PMS-T com nível de significância de 1% de probabilidade de erro ( $p>0,01$ ).

No grupo de comparação  $\beta 1$ , que inclui no teste as NILs e os dois genitores, todas as variáveis diferiram estatisticamente, com GS, GG, EI, PMS-T e I-FHB ( $p>0,01$ ) e GGR, PMS-S e PMS-G ( $p>0,05$ ), já na comparação com os dois genótipos controles, no grupo de comparação  $\beta 2$ , todas as variáveis tiveram médias estatísticas diferente ao nível de 1 % de significância ( $p>0,01$ ). Na comparação contendo somente as NILs (N), houve diferença significativa para as variáveis GS, GG, PMS-T ( $p>0,01$ ) e EI ( $p>0,05$ ).

No grupo de comparação T, contendo as médias de todos os genótipos (tabela 2), na característica GS as médias variaram de 5,04% a 94,34%, uma amplitude de aproximadamente 90%. Nesta variável houve a formação de três grupos de médias distintas. A cultivar CD 116 (5,04%) teve a menor quantidade de GS, sendo o genótipo de pior desempenho, NIL Q02 e Quartzo, forma um agrupamento intermediário, as demais NILs se comparam a Sumai 03 e BRS Parrudo, no grupo de melhor desempenho, com destaque para NIL P01 (94,34%) e NIL P02 (89,11%) as quais produziram mais GS de que a testemunha resistente Sumai 03 (86,55%).

Já na variável GG, também houve a formação de três grupos. Todavia, Quartzo (58,15%) e NIL Q02 (53,28%), que estavam no grupo intermediário para a variável GS, em GG, ambas se juntam a cultivar CD 116 (94,93%) no grupo com maior quantidade de GG produzido. Com valores entre 16,25% e 22,05%, formando um grupo intermediário, encontram-

se NIL P03, NIL Q03 e NIL Q01. Formando o grupo de melhor desempenho, NIL P01, NIL P02 e Sumai-3 com produção de GG de 5,66%, 10,89% e 13,45%, respectivamente.

Tabela 2 – Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), giberelados (PMS-G), total (PMS-T) e índice FHB (I-FHB) de genótipos de trigo submetidos a inoculação artificial com *Fusarium graminearum* em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019.

| Genótipos   | <u>GS</u><br>(%) | <u>GG</u><br>(%) | <u>GGR</u><br>(%) | <u>EI</u><br>(%) | <u>PMS-S</u><br>(g) | <u>PMS-G</u><br>(g) | <u>PMS-T</u><br>(g) | <u>I-FHB</u><br>(%) |
|-------------|------------------|------------------|-------------------|------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NIL Q 01    | 77.95 a          | 22.05 b          | 30.73 b           | 38.19 b          | 27.08 a             | 9.42 a              | 22.93 b             | 20.74 b             |
| NIL Q 02    | 46.72 b          | 53.28 a          | 57.36 a           | 64.25 a          | 28.37 a             | 10.94 a             | 17.03 c             | 46.60 a             |
| NIL Q 03    | 83.02 a          | 16.98 b          | 32.65 b           | 27.34 b          | 29.95 a             | 10.15 a             | 26.3 b              | 19.52 b             |
| NIL P 01    | 94.34 a          | 5.66 c           | 23.20 b           | 28.23 b          | 31.69 a             | 10.92 a             | 30.60 a             | 23.31 b             |
| NIL P 02    | 89.11 a          | 10.89 c          | 25.29 b           | 27.26 b          | 29.32 a             | 12.58 a             | 26.87 b             | 17.57 b             |
| NIL P 03    | 83.75 a          | 16.25 b          | 27.39 b           | 29.00 b          | 28.37 a             | 12.85 a             | 25.38 b             | 20.95 b             |
| Sumai-3     | 86.55 a          | 13.45 c          | 26.03 b           | 26.82 b          | 33.16 a             | 19.23 a             | 30.43 a             | 3.36 c              |
| CD 116      | 5.04 c           | 94.93 a          | 95.89 a           | 95.61 a          | 21.70 c             | 8.01 a              | 8.52 d              | 95.79 a             |
| Quartzo     | 41.85 b          | 58.15 a          | 74.07 a           | 71.34 a          | 25.39 b             | 7.00 a              | 14.85 c             | 62.78 a             |
| BRS Parrudo | 82.37 a          | 17.63 b          | 27.18 b           | 38.06 b          | 29.63 a             | 10.54 a             | 25.61 b             | 36.21 b             |

Letras iguais na mesma coluna perfazem mesmo grupo, com médias estatisticamente homogêneas pelo teste de Scott & Knott (5%).

Entretanto, quando foram contabilizados os grãos giberelados e os grãos abortados (variável GGR), foram formados apenas dois grupos. No grupo de desempenho inferior, novamente foram agrupadas CD 116, Quartzo e NIL Q02 com GGR acima dos 50%, chegando a 95,89% em CD 116. Nesta variável, NIL P03, NIL Q03 e NIL Q01, que formavam um grupo intermediário na variável GG, se agruparam com os demais genótipos, no grupo de melhor desempenho, com variação de 23,20% a 32,65% de GGR.

De acordo com Rudd et al., (2001), o mecanismo de ação das cultivares resistente a giberela do tipo II, ocorre na ráquis, inibindo e isolando o patógeno, tornando livres os feixes vasculares para a passagem de fotoassimilados para a produção e enchimento dos grãos. Uma vez que *Fusarium graminearum* tem a capacidade de se instalar e percorrer os feixes vasculares da ráquis e ter acesso a todas as espiguetas, genótipos suscetíveis podem produzir grãos com baixo peso específico, chocos e até mesmo não produzir grãos, configurando um dos motivos de abortamento floral (LIMA, 2004; SIOU et al., 2014). Genótipos com resistência concedida por *Fhb1* conseguem regular a imunidade por meio de uma proteína gerada tão logo inicie a infecção (HAO et al., 2020), fazendo com que haja a redução da morte das células hospedeiras ou fazendo com que estas não respondam a infecção (ELDAKAK et al., 2018).

Desprende-se dessas informações de GG e GGR, o efeito fisiológico de abortamento floral decorrente da velocidade de infecção na condição do patógeno presente na espiga, relatado por Lima et al. (2004) e Siou et. al. (2014). Considerando Sumai-3 como testemunha resistente, a diferença entre os GG e GGR, vai de 13,45% em GG para 26,03% em GGR, ou seja, aproximadamente 13% dos grãos possíveis não foram produzidos, já na cultivar CD 116, testemunha suscetível, teve 94,93% de GG e 95,89% de GGR, apenas 1% de abortamento floral. Apesar de Sumai-3 (testemunha resistente) ter cerca de 70% menos GGR que CD 116 (testemunha suscetível), neste estudo apresentou maior abortamento floral, diferença entre GGR e GG, o que pode indicar uma diferença na velocidade de colonização na ráquis. CD 116 produziu 94,93% de grãos com sintomas de giberela e apenas 0,96% de abortamento floral, o que caracteriza uma colonização lenta do patógeno de acordo com o relatado por Lima et al. (2004) onde o patógeno coloniza de forma que o genótipo consiga produzir grãos, mesmo que giberelados, sem uma ação efetiva do genótipo para o controle da doença. Já Sumai-3 produziu 13,45% de grãos giberelados e 12,58% de abortamento floral, isso indica uma rápida colonização, conforme relatado por Siou et al. (2014) caracterizada por uma avanço rápido da doença, em contrapartida uma reação rápida do genótipo contra o avanço da doença, fazendo com que apenas espiguetas próximas a inoculação tenha sintomas de infecção ou abortamento floral.

De acordo com o desempenho das cultivares na variável GGR, fica perceptível a classificação quanto à resistência à FHB. A cultivar CD 116, que é classificada com suscetível (S), teve 95,89% de GGR. As cultivares Quartzo (MS), BRS Parrudo (MR) e Sumai-3 (R), apresentaram valores decrescentes de GGR (74,07%, 27,18 e 26,03%, respectivamente), coerentes com sua classificação indicativa à giberela.

A variável GGR permite estimar a perda de produtividade, uma vez que leva em consideração os grãos produzidos que estão giberelados e que provavelmente, em virtude de seu peso, serão perdidos no processo de colheita, e os grãos que não foram produzidos por efeito do abortamento floral. Dessa forma, é possível inferir que a perda de produtividade vai de 23% a mais de 95%. Estes dados demonstram a real capacidade destrutiva da doença em condições favoráveis à ação do patógeno, citada por O'Donnell et al. (2013).

Para a variável EI, dois grupos com médias homogêneas foram formados. Os grupos foram constituídos pelos mesmos genótipos que formaram os dois grupos para a variável GGR. No grupo de melhor desempenho, Sumai-3 apresentou o menor número de EI (26,82%), merecendo destaque o desempenho dos genótipos NIL Q03, NIL P01, NIL P02 e NIL P03 com

valores abaixo de 30%, enquanto NIL Q01 e BRS Parrudo apresentaram média de cerca de 38%. Os demais genótipos formam o grupo com quantidade de EI superior a 60% chegando a mais de 95% em CD 116.

Novamente, como constatado na variável GGR, é notável a diferença de EI entre as duas testemunhas, validando-as como testemunhas suscetível e resistente. Possível inferir, também, valores intermediários dos genitores recorrentes GRs, validando as classificações previamente realizadas pelos obtentores como moderadamente resistente e moderadamente suscetível para BRS Parrudo e Quartzo, respectivamente.

Na variável PMS-S, os genótipos foram agrupados em três grupos: a) CD 116 (21,70 g), com o menor valor; b) Quartzo (25,39 g), formando um grupo intermediário e c) os demais genótipos formando o grupo de melhor desempenho com médias homogêneas, variando de 27,08 g a 33,16 g.

Os grãos sadios, produzidos pelas espigas inoculadas, deveriam ter seus PMS muito parecidos em condições de cultivo normal. Entretanto, pode se inferir que as cultivares com maior grau de suscetibilidade não conseguem, mesmo em grãos considerados sadios, produzir grãos pesados. Ou seja, a ação do patógeno interfere na geração do produto final, até mesmo nos grãos em que visualmente não se nota a presença de giberela.

Já nos PMS-G não se verifica diferenças estatísticas entre os genótipos. No entanto, pode-se observar que os grãos giberelados produzidos por CD 116, Quartzo e NIL Q01 tiveram PMS inferior a 10 g, enquanto que, para Sumai-3, os grãos giberelados tiveram PMS com 19,23 g. Com a variável PMS é possível complementar o assunto abordado para a variável GGR com relação à perda de produtividade. Valores baixos de PMS remetem à algum estresse, biótico ou abiótico, ocorrido durante a condução da cultura, deixando os grãos leves, os quais são facilmente perdidos no processo de colheita. Na variável PMS-G, fica evidente o principal efeito ocasionado em grãos giberelados citado por Bai; Shaner, (2004), os quais alertam para a perda durante a colheita dos grãos que tiveram suas espigas infectadas durante o florescimento, pois o grão pode não se desenvolver ou quando desenvolve de tão pequeno pode se quebrar ou em razão do baixo peso se perder durante a colheita.

Comparando o desempenho das NILs, na variável PMS-S, confrontando os valores de PMS-S nas espigas inoculadas (Tabela 2) com os valores de PMS das espigas sadias (Tabela 1) verifica-se grande similaridade entre os dados apresentados, demonstrando que os grãos produzidos, e que não foram afetados pela ação do patógeno, têm capacidade de enchimento de grãos mesmo com a espiga infectada, mantendo o padrão de peso das espigas sem inoculação.

O PMS-T tem grande relação com a quantidade de GG produzidos. Em NIL P01, que teve apenas 5,66% de GG, o PMS-T foi de 30,60 g, enquanto CD 116, que produziu 94,93 % de GG o PMS-T foi de 8,52 g.

Os valores médios de I-FHB tiveram variação de 3,36% a 95,79%, exatamente nos dois controles, resistente e suscetível respectivamente. Os genótipos formaram três grupos com médias homogêneas. Sumai-3 (3,36%) com menor I-FHB obteve o melhor comportamento na rápida ação de controle da doença, com desempenho isolado das demais. No grupo de pior desempenho, CD 116 (95,79%) não diferiu de Quartzo e NIL Q02, com valores de 62,78% e 46,60%, respectivamente. BRS Parrudo, com 36,21%, foi o genótipo com pior desempenho entre os genótipos que compuseram o grupo intermediário, junto com NIL Q01, NIL Q03, NIL P01, NIL P02 e NIL P03 com valores entre 17,57% a 23,31%. Como I-FHB leva em consideração a severidade e incidência da doença, é uma variável de extrema importância na avaliação dos genótipos, para a qual se destacaram NIL P02 (17,57%) e NIL Q03 (19,52%).

Os grupos de comparação  $\alpha$  e  $\beta$  (tabela 03), levam em consideração somente os dados das NILs e os GRs correspondentes. No grupo  $\alpha$  a comparação das médias ocorre com as NIL P01, NIL P02 e NIL P03 com o GR BRS Parrudo e no grupo  $\beta$ , compara as médias das NIL Q01, NIL Q02 e NIL Q03 com o GR Quartzo.

Tabela 3 – Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), giberelados (PMS-G), total (PMS-T) e índice FHB (I-FHB) em genótipos de trigo, considerando grupos de comparação NILs P com seu Genitor recorrente (BRS Parrudo) e NILs Q e seu Genitor recorrente (Quartzo) submetidos a inoculação artificial com *Fusarium graminearum* em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019.

| Genótipos   | <u>GS</u><br>(%) | <u>GG</u><br>(%) | <u>GGR</u><br>(%) | <u>EI</u><br>(%) | <u>PMS-S</u><br>(g) | <u>PMS-G</u><br>(g) | <u>PMS-T</u><br>(g) | <u>I-FHB</u><br>(%) |
|-------------|------------------|------------------|-------------------|------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NIL P01     | 94.34            | 5.66             | 23.19             | 28.22            | 31.68               | 10.91               | 30.59               | 23.31               |
| NIL P02     | 89.10            | 10.90            | 25.29             | 27.25            | 29.32               | 12.58               | 26.87 a             | 17.57               |
| NIL P03     | 83.75            | 16.25            | 27.38             | 28.99            | 28.36               | 12.84               | 25.37 a             | 20.95               |
| BRS Parrudo | 82.37            | 17.63            | 27.18             | 38.05            | 29.63               | 10.54               | 25.60 a             | 36.20               |
| NIL Q01     | 77.94            | 21.54            | 30.73             | 38.19 a          | 27.07               | 9.42                | 22.93               | 20.74               |
| NIL Q02     | 46.72 a          | 53.28 a          | 57.36 a           | 64.24 a          | 28.37               | 10.94               | 17.03 a             | 46.59 a             |
| NIL Q03     | 83.02            | 16.98            | 32.64 a           | 27.33            | 29.94               | 10.15               | 26.30               | 19.52               |
| Quartzo     | 41.84 a          | 58.16 a          | 74.06 a           | 71.34 a          | 25.39               | 6.99                | 14.85 a             | 62.77 a             |

Letras iguais na coluna indicam médias estatisticamente homogêneas pelo teste de Dunnet (5%).

No grupo  $\alpha$ , somente a variável PMS-T teve médias estatisticamente diferentes. NIL P01 com PMS-T de 30,59 g, produziu grãos com maior peso, superando as demais NILs e BRS Parrudo que não diferiram entre si. Observa-se que na variável, Grãos Sadios, o genótipo NIL P01 produziu, aproximadamente, 12% mais e o genótipo NIL P02 apresentou 10,75% menos espiguetas infectadas que o genitor recorrente BRS Parrudo. Considerando o I-FHB, que tem como parâmetros a incidência e a severidade de doença, NIL P02 (17,57%) apresentou expressão 50% menor, quando comparado com BRS Parrudo (36,20%). Esse valor de I-FHB de BRS Parrudo é superior ao valor obtido por NIL P01 (23,30%) e NIL P03 (20,95%).

No grupo  $\beta$ , com as NIL Q01, NIL Q02 e NIL Q03 e GR Quartzo, em todas as variáveis as NILs tiveram desempenho superior em relação ao GR, Quartzo. Entretanto, nas variáveis PMS-S e PMS-G as três NILs tiveram médias que não diferiram estatisticamente.

Para a produção de GS, Quartzo (41,84%) se comparou a NIL Q02 (46,72%). Já NIL Q01 (77,94%) e NIL Q03 (83,02%) tiveram desempenho superior a Quartzo, expressado também em GG. Já em GGR, apenas NIL Q01 (30,73%) não se comparou a Quartzo (74,06%), sendo que NIL Q03 (32,64%) e NIL Q02 (57,30%) foram comparáveis a Quartzo. Vale ressaltar que NIL Q03 obteve valor de GGR cerca de 2% acima de NIL Q01, suficiente para não ser ranqueado como superior a Quartzo, junto com NIL Q01.

A quantidade de espiguetas infectadas mostra um desempenho mais eficiente de NIL Q03 (27,34%), enquanto que os genótipos NIL Q01 (38,19%) e NIL Q02 (64,20%) apresentaram desempenho próximo a Quartzo (71,34%)

Para as variáveis PMS-T e I-FHB, novamente os genótipos NIL Q01 e NIL Q03 se sobressaíram em relação a Quartzo e NIL Q02. Em I-FHB, NIL Q01 e NIL Q03 tiveram valores cerca de três vezes menor que Quartzo. Considerando todas as variáveis apenas NIL Q02 não diferiu do GR.

Na variável EI, em ambos os grupos, as NILs superaram os genitores recorrentes. As NILs de BRS Parrudo tiveram de 8 a 11% menos EI que BRS Parrudo, enquanto as NILs de Quartzo, tiveram de 7 a 44% de EI a menos em relação a Quartzo. De acordo com estudo conduzido por Li et al. (2019), o efeito de *Fhb1* em cultivares altamente suscetíveis é maior que em cultivares com níveis maiores de resistência, assim o efeito de *Fhb1* depende dos GRs utilizados. Todavia, quando GRs com certo grau de resistência a FHB, originados de QTLs de efeito menores, quando associados a *Fhb1* de Sumai-3 podem apresentar efeitos aditivos (BAI; SU; CAI, 2018a).

Os dados apresentados para EI se aproximam de dados encontrados no trabalho conduzido por Bai; Su; Cai, (2018a) com cultivares de trigo, onde obtiveram redução na gravidade de FHB de 20 a 50%, quando comparados aos genitores recorrentes.

Corroborando, Ma et al., (2019) também identificaram genótipos com maior resistência, enquanto que as linhas variaram de 17 a 40% o genitor recorrente teve 49% de espiguetas infectadas. Balut et al., (2013) trabalhando com genótipos que continham a presença de *Fhb1* notaram a redução média de 32% nos valores de espiguetas infectadas.

No grupo de comparação  $\alpha 1$  e  $\beta 1$  (Tabela 04), que incluem as NILs com seus respectivos genitores (recorrente e doador), o comportamento dos genótipos dentro dos grupos testados foi muito similar ao comportamento dos grupos de comparação  $\alpha$  e  $\beta$ .

Em  $\alpha 1$ , nas variáveis GS, GG, GGR, EI e I-FHB as NILs não tiveram médias que diferissem estatisticamente de Sumai-3 e BRS Parrudo. Cabe ressaltar que apenas na variável I-FHB as NILs não apresentaram valores próximos a Sumai-3.

Considerando o grupo de comparação  $\alpha 1$  em relação ao grupo T, na variável I-FHB, as NILs que haviam se agrupado apenas com GR em T, em  $\alpha 1$ , não há médias estatisticamente heterogêneas entre os genótipos, com comportamento similar a Sumai-3.

Tabela 4 - Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), PMS giberelados (PMS-G), PMS total (PMS-T) e índice de doença (I-FHB) em genótipos de trigo, considerando grupos de comparação  $\alpha$  e  $\beta$  submetidos à inoculação artificial com *Fusarium graminearum* em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019.

| Genótipos   | <u>GS</u><br>(%) | <u>GG</u><br>(%) | <u>GGR</u><br>(%) | <u>EI</u><br>(%) | <u>PMS-S</u><br>(g) | <u>PMS-G</u><br>(g) | <u>PMS-T</u><br>(g) | <u>I-FHB</u><br>(%) |
|-------------|------------------|------------------|-------------------|------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NIL P01     | 94.34            | 5.66             | 23.19             | 28.22            | 31.68 a b           | 10.91               | 30.59 a             | 23.31               |
| NIL P02     | 89.10            | 10.90            | 25.29             | 27.25            | 29.32 b             | 12.58               | 26.87 a b           | 17.57               |
| NIL P03     | 83.75            | 16.25            | 27.38             | 28.99            | 28.36 b             | 12.84               | 25.37 b             | 20.95               |
| Sumai-3     | 86.54            | 13.46            | 26.03             | 26.81            | 33.16 a             | 19.22               | 30.43 a             | 3.36                |
| BRS Parrudo | 82.37            | 17.63            | 27.18             | 38.05            | 29.63 b             | 10.54               | 25.60 b             | 36.20               |
| NIL Q01     | 77.94 a          | 21.54 a          | 30.73 a           | 38.19 a b        | 27.07 b             | 9.42 b              | 22.93               | 20.74 a             |
| NIL Q02     | 46.72 b          | 53.28 b          | 57.36 b           | 64.24 b          | 28.37 a b           | 10.94 a b           | 17.03 b             | 46.59 b             |
| NIL Q03     | 83.02 a          | 16.98 a          | 32.64 a           | 27.33 a          | 29.94 a b           | 10.15 b             | 26.30 a             | 19.52 a             |
| Sumai-3     | 86.54 a          | 13.46 a          | 26.03 a           | 26.81 a          | 33.16 a             | 19.22 a             | 30.43 a             | 3.36 a              |
| Quartzo     | 41.84 b          | 58.16 b          | 74.06 b           | 71.34 b          | 25.39 b             | 6.99 b              | 14.85 b             | 62.77 b             |

Letras iguais na coluna indicam medias estatisticamente homogêneas pelo teste de Dunnet (5%)

Em PMS-S, todas as NILs foram comparáveis a BRS Parrudo e apenas NIL P01 (31,68 g) se comparou a Sumai-3 (33,16 g). Para a variável PMS-T, NIL P02 (26,87 g) se comparou aos dois genitores, já NIL P01 (30,59 g) se comparou apenas com Sumai-3 e NIL P03 (25,37 g) com BRS Parrudo.

No grupo de comparação  $\beta_1$ , a exemplo do grupo de comparação  $\beta$ , NIL Q02 foi comparável a Quartzo em todas as variáveis, com valores que mostram uma reação do genótipo na contenção do patógeno, mas não suficiente para diferir estatisticamente de Quartzo. NIL Q01 e NIL Q03 se comparam a Sumai-3 nas variáveis GS, GG, GGR, EI e I-FHB. Para I-FHB, verifica-se o comportamento ocorrido na comparação do grupo  $\alpha_1$ , com as NILs de BRS Parrudo, onde as NILs tiveram padrão de médias iguais a Sumai-3, no grupo  $\beta_1$ , quando a comparação ocorre com os dois genitores, as NIL Q01 e NIL Q03, que anteriormente, no grupo de comparação T, não estavam no mesmo grupo de médias homogêneas de Sumai-3, em  $\beta_1$  tem suas médias estatisticamente homogêneas a Sumai-3. Já NIL Q02 continua, a exemplo do que aconteceu no grupo de comparação T, não diferente de Quartzo.

Tabela 5 - Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), giberelados (PMS-G), total (PMS-T) e índice FHB (I-FHB) em genótipos de trigo, considerando grupos de comparação  $\alpha_2$  e  $\beta_2$ , submetidos a inoculação artificial com *Fusarium graminearum* em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019.

| Genótipos | <u>GS</u><br>(%) | <u>GG</u><br>(%) | <u>GGR</u><br>(%) | <u>EI</u><br>(%) | <u>PMS-S</u><br>(g) | <u>PMS-G</u><br>(g) | <u>PMS-T</u><br>(g) | <u>I-FHB</u><br>(%) |
|-----------|------------------|------------------|-------------------|------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NIL P01   | 94.34 a          | 5.66 a           | 23.19 a           | 28.22 a          | 31.69 a             | 10.91 b             | 30.59 a             | 23.31 a             |
| N IL P02  | 89.10 a          | 10.90 a          | 25.29 a           | 27.25 a          | 29.32 a             | 12.58 a b           | 26.87               | 17.57 a             |
| N IL P03  | 83.75 a          | 16.25 a          | 27.38 a           | 28.99 a          | 28.36               | 12.84 a b           | 25.37               | 20.95 a             |
| Sumai-3   | 86.54 a          | 13.46 a          | 26.03 a           | 26.81 a          | 33.16 a             | 19.22 a             | 30.43 a             | 3.36 a              |
| CD 116    | 5.04 b           | 94.96 b          | 95.88 b           | 95.61 b          | 21.70 b             | 8.01 b              | 8.05 b              | 95.78 b             |
| N IL Q01  | 77.94 a          | 21.54 a          | 30.73 a           | 38.19 a          | 27.07 a b           | 9.42 b              | 22.93               | 20.74               |
| N IL Q02  | 46.72            | 53.28 b          | 57.36 b           | 64.24 b          | 28.37 a             | 10.94 a b           | 17.03               | 46.59 b             |
| N IL Q03  | 83.02 a          | 16.98 a          | 32.64 a           | 27.33 a          | 29.94 a             | 10.15 b             | 26.30 a             | 19.52               |
| Sumai-3   | 86.54 a          | 13.46 a          | 26.03 a           | 26.81 a          | 33.16 a             | 19.22 a             | 30.43 a             | 3.36 a              |
| CD 116    | 5.04 b           | 94.96 b          | 95.88 b           | 95.61 b          | 21.70 b             | 8.01 b              | 8.05 b              | 95.78 b             |

Letras iguais na coluna indicam medias estatisticamente homogêneas pelo teste de Dunnet (5%)

Quando a comparação inclui os dois genótipos considerados controles, Sumai-3 para a resistência e CD 116 para a suscetibilidade, nos grupos de comparação  $\alpha_2$  e  $\beta_2$  (Tabela 05), com as NILs de BRS Parrudo e as NILs de Quartzo, respectivamente.

No grupo  $\alpha_2$ , as NILs de BRS Parrudo foram comparáveis com a testemunha resistente nas variáveis GS, GG, GGR, EI e I-FHB. Somente PMS-G as NILs se comparam à testemunha suscetível, sendo que NIL P02 e NIL P03 não diferiram da testemunha resistente.

No grupo  $\beta_2$ , o genótipo NIL Q01 teve média igual à testemunha resistente nas variáveis GS, GG, GGR e EI sendo que para PMS-S teve média igual à testemunha suscetível, em PMS-G se mostrou igual à testemunha suscetível e em PMS-T e I-FHB não foi comparável nem com a testemunha resistente e nem com a suscetível. Comportamento similar foi o da NIL Q03, diferindo somente em PMS-T, na qual teve médias estatisticamente iguais à testemunha resistente. Já NIL Q02 teve muitas variáveis de médias iguais à testemunha suscetível, enquanto nas variáveis GS e PMS-T suas médias não foram comparáveis com as testemunhas.

No grupo de comparação N (Tabela 06), que inclui somente as NILs, na variável GS, somente NIL Q02 (46,72%) teve média diferente estatisticamente, produzindo em média metade dos GS em relação às demais NILs. NIL P01 (94,34%) foi o genótipo que mais produziu GS, seguido de NIL P02 (89,10%) formando mesmo grupo com médias homogêneas com NIL P03, NIL Q03 e NIL Q01.

Tabela 6 - Média de grãos sadios (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil grãos sadios (PMS-S), PMS giberelados (PMS-G), PMS total (PMS-T) e índice de doença (I-FHB) em genótipos de trigo, submetidos à inoculação artificial com *Fusarium graminearum* em ambiente controlado, Passo Fundo – RS, 2019.

| Genótipos | <u>GS</u><br>(%) | <u>GG</u><br>(%) | <u>GGR</u><br>(%) | <u>EI</u><br>(%) | <u>PMS-S</u><br>(g) | <u>PMS-G</u><br>(g) | <u>PMS-T</u><br>(g) | <u>I-FHB</u><br>(%) |
|-----------|------------------|------------------|-------------------|------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NIL P01   | 94.34 a          | 5.66 c           | 23.19 a           | 28.22 b          | 31.68 a             | 10.91 a             | 30.59 a             | 23.31 a             |
| NIL P02   | 89.10 a          | 10.90 b          | 25.29 a           | 27.25 b          | 29.32 a             | 12.58 a             | 26.87 b             | 17.57 a             |
| NIL P03   | 83.75 a          | 16.25 b          | 27.38 a           | 28.99 b          | 28.36 a             | 12.84 a             | 25.37 b             | 20.95 a             |
| NIL Q01   | 77.94 a          | 21.54 b          | 30.73 a           | 38.19 b          | 27.07 a             | 9.42 a              | 22.93 c             | 20.74 a             |
| NIL Q02   | 46.72 b          | 53.28 a          | 57.36 a           | 64.24 a          | 28.37 a             | 10.94 a             | 17.03 d             | 46.59 a             |
| NIL Q03   | 83.02 a          | 16.98 b          | 32.64 a           | 27.33 b          | 29.94 a             | 10.15 a             | 26.30 b             | 19.52 a             |

Letras iguais na coluna indicam médias estatisticamente homogêneas pelo teste de Scott & Knott (5%)

Com médias que variaram de 5,66% a 53,28% para produção de GG, as NILs formaram três agrupamentos, com NIL P01 (5,66%) obtendo a menor produção de GG e NIL e Q02 (53,28%) com maior produção de GG. As demais NILs formaram um grupo intermediário, com

médias homogêneas que variam de 10,90% a 21,54%. Todavia, quando se considera GGR, não houve diferença estatística entre as médias, com amplitude de variação de 23,19% (NIL P01) a 57,36% (NIL Q02).

Na variável EI, novamente NIL Q02 teve o pior desempenho, quando comparada com as demais NILs testadas, com 64,24% de EI. Quando se compara com a melhor NIL, NIL Q02 teve quase 37% a mais de EI. NIL P02 e NIL Q03 tiveram os melhores desempenhos com 27,25% e 27,33% respectivamente, no entanto, no mesmo grupo que NIL P01, NIL P03 e NIL Q01.

Para as variáveis de PMS, somente PMS-T teve variação de médias. Já na variável I-FHB, todas as NILs formaram um mesmo grupo, com médias homogêneas. Entretanto, a diferença entre NIL P01 (17,57%) e NIL Q02 (46,59%) se aproxima de 30%. Considerando somente os dados de EI e I-FHB, para as NIL P01 e NIL Q02, verifica-se uma grande diferença no controle da doença.

Comparando as NILs dentro dos grupos do GR, verifica-se não haver grandes diferenças nas NILs do grupo BRS Parrudo, sempre com valores muito próximos entre os genótipos. Já no grupo de Quartzo, NIL Q02 teve comportamento diferente das outras duas NILs testadas, na maioria das variáveis. Li et al. (2019) também encontraram diferenças em grupos do mesmo genitor recorrente, porém, a fonte doadora de alelos *Fhb1* não foi a mesma, entretanto, os mesmos autores sugerem que a diferença dos efeitos de resistência produzidos por *Fhb1* podem estar ligados ao genitor recorrente e não na fonte doadora. Infere-se que a presença do alelo de *Fhb1* não é garantia de aumento da resistência, sendo necessária avaliação fenotípica, o mesmo constatado por Ma et al., (2019) onde os autores ressaltam a importância da seleção fenotípica em conjunto com a seleção assistida por marcadores.

A velocidade de infecção ou progresso da doença (Tabela 7), explica como se dá o andamento do fungo por meio dos feixes vasculares, com o aumento das espiguetas infectadas na direção dos extremos da espiga.

Na avaliação realizada aos 5 DAI, todos os genótipos demonstraram sintomas de infecção, que variaram de 4,64% a 9,32% das espiguetas infectadas pelo patógeno. Bai et al (2018) também encontraram pontos de infecção após 5 dias da inoculação. Esse resultado assegura a efetividade da inoculação.

Ao analisar os DAI como ambientes e os genótipos dentro de ambientes, infere-se que aos 5 DAI todos os tratamentos formam um único grupo, com médias que não diferem entre si,

destaque para NIL P01(4,96%) e NIL P02 (4,64%) que ficaram com médias abaixo de Sumai-3 (5,31%).

Na avaliação realizada aos 15 DAI, os genótipos formam quatro grupos. A amplitude de espiguetas infectadas foi de 8,47% a 69,83% de NIL P03 e CD 116, respectivamente. O grupo em que foi verificada a menor quantidade de espiguetas infectadas tem NIL P03, NIL P01, Sumai-3, NIL P02 e NIL Q03 com 8,46%, 10,27%, 10,41%, 12,1% e 14,26%, respectivamente. Por outro lado, CD 116 foi o genótipo com maior quantidade de espiguetas infectadas, com avanço dos sintomas acima de 60% no intervalo de 10 dias entre as avaliações.

Tabela 7 – Médias de espiguetas infectadas (%) em genótipos de trigo submetidos à inoculação artificial com *Fusarium graminearum*, em ambiente protegido, Passo Fundo – RS, 2019.

| Genótipos   | Dias após inoculação (DAI) |           |          |
|-------------|----------------------------|-----------|----------|
|             | 5                          | 15        | 25       |
| Sumai-3     | 5.31 A a                   | 10.41 A d | 11.77 Ac |
| CD 116      | 7.10 B a                   | 69.83 A a | 81.58 Aa |
| Quartzo     | 6.52 C a                   | 39.45 B b | 65.91 Aa |
| BRS Parrudo | 9.33 B a                   | 17.86 B c | 38.47 Ab |
| NIL Q 01    | 5.97 B a                   | 18.28 A c | 24.06 Ac |
| NIL Q 02    | 6.16 C a                   | 24.49 B c | 41.00 Ab |
| NIL Q 03    | 7.20 B a                   | 14.26 A d | 21.00 Ac |
| NIL P 01    | 4.96 B a                   | 10.27 B d | 26.40 Ac |
| NIL P 02    | 4.64 B a                   | 12.14 A d | 22.55 Ac |
| NIL P 03    | 6.51 B a                   | 8.47 B d  | 24.60 Ac |

Letras maiúsculas iguais na horizontal indicam médias estatisticamente homogêneas e letras minúsculas na vertical indicam médias estatisticamente homogêneas pelo teste de Scott & Knott (5%).

Na última avaliação, aos 25 DAI, com valores de infecção de espiguetas que vão de 11,77% em Sumai-3 a 85,13% em CD 116, os genótipos formaram três grupos. Ao grupo com menor número de EI, verificado aos 15 DAI, além de Sumai-3, NIL Q03, NIL P01, NIL P02 e NIL P03, adiciona-se NIL Q01 com médias estatisticamente iguais entre si. Já Quartzo se junta a CD 116 no grupo formado com maior quantidade de EI e formando um grupo intermediário, BRS Parrudo e NIL Q02.

Observando os dados de evolução de cada genótipo, considerando os ambientes dentro de genótipos, verifica-se que apenas Sumai-3 se mantém no mesmo grupo de médias homogêneas e não difere com 5, 15 e 25 DAI. Já BRS Parrudo, NIL P01 e NIL P03 não diferem entre 5 e 15 dias, porém com 25 dias, os três têm médias diferentes com relação a 5 e 15 DAI, demonstrando evolução da doença.

Os genótipos CD 116, NIL Q01, NIL Q03 e NIL P02 evoluem de 5 para 15 DAI e se mantêm com médias iguais de 15 para 25 DAI, enquanto que, Quartzo e NIL Q02 diferem nos três cenários com evolução crescente da doença.

O genótipo CD 116 teve aos 15 DAI, aproximadamente 70% das espiguetas infectadas, chegando a cerca de 82% com 25 DAI e quase 96% na avaliação realizada em estágio de espiga seca. Estes dados demonstram a suscetibilidade do genótipo. No entanto, os dados obtidos neste estudo diferem dos relatados por Ma et al. (2019), em que em apenas 10 dias os genótipos com suscetibilidade do tipo II a FHB apresentavam todas as espiguetas infectadas pelo patógeno.

O genótipo Sumai-3, na primeira avaliação, teve 5,31% de espiguetas infectadas; na segunda avaliação evoluiu para 10,41% alcançando estabilidade aos 25 DAI, com aproximadamente 12% de suas espiguetas infectadas. Levando em consideração que a espiga tem, em média, 14 espiguetas, os 12% de espiguetas infectadas constatadas aos 25 DAI, infere-se que apenas 1,8 espiguetas por espiga estavam infectadas. Isso indica rápida ação de resistência, tão logo o patógeno se instala. Com isso, o fungo consegue agir somente em espiguetas próximas, não evoluindo pelos feixes vasculares, característica da reação de resistência do tipo II (RUDD et al., 2001).

De acordo com Bai; Su; Cai, (2018a), uma característica de genótipos com resistência do Tipo II, é o fato de a infecção ficar restrita a espiguetas inoculadas. Nos genótipos suscetíveis, ocorre a dispersão, tanto no sentido apical quanto basal a partir do ponto de inoculação e, após 4 a 5 dias do momento da inoculação, alcança toda a espiga.

Sumai-3 apresenta um conjunto de QTLs de efeitos aditivos para a resistência a FHB (ANDERSON et al., 2001; BUERSTMAYR et al., 2003; CUTHBERT; SOMERS; BRULÉ-BABEL, 2007) já as NILs presentes neste estudo, apresentam apenas os alelos do QTL de *Fhb1*, mesmo assim, verifica-se aos 25 DAI, que os genótipos NIL Q01, NIL Q03, NIL P01, NIL P02, NIL P03 formam um grupo estatisticamente homogêneo, junto com Sumai-3. Avaliando os números, esses resultados corroboram com Anderson et al. (2001), os quais demonstraram que o QTL é responsável por até 60% da variação fenotípica para esta característica. De acordo com Bai; Su; Cai, (2018b), quando o QTL é introgridido em genótipos adaptados, a melhora é significativa para a resistência a FHB, com conseqüente redução dos níveis de infecção (BALUT et al. 2013) como constatado em todas as NILs, com destaques para NIL P01 e NIL Q03.

Verificou-se forte correlação entre as principais variáveis avaliadas (Tabela 8). Entretanto, cabe ressalva à não significância da correlação entre a variável PMS-G com as

variáveis GS, GG e GGR, indicando que a capacidade de enchimento de grãos afetados não está relacionada com a quantidade de grãos afetados. Na Tabela 8 foram incluídas também as variáveis S (severidade) e PEI (proporção de espigas incidentes), estes dados foram utilizados para formar a variável índice de doença (I-FHB).

Tabela 8 – Coeficiente de correlação linear de Pearson entre os caracteres grãos sadio (GS), grãos giberelados (GG), grãos giberelados reais (GGR), espiguetas infectadas (EI), peso de mil sementes sadias (PMS-S), peso de mil sementes gibereladas (PMS-G), peso de mil sementes total (PMS-T), índice de doença (I-FHB), severidade da doença (S) e proporção de espigas incidentes da doença (PEI) em genótipos de trigo submetidos à inoculação artificial de *Fusarium graminearum*, Passo Fundo-RS, 2019.

|       | GG   | GGR       | EI        | PMS-S     | PMS-G                 | PMS-T     | I-FHB     | S                     | PEI                   |
|-------|------|-----------|-----------|-----------|-----------------------|-----------|-----------|-----------------------|-----------------------|
| GS    | -1** | -0.9880** | -0.9884** | 0.8690**  | 0.5437 <sup>ns</sup>  | 0.9742**  | -0.9470** | -0.9854**             | -0.5414 <sup>ns</sup> |
| GG    | -    | 0.9883**  | 0.9883**  | -0.8676** | -0.5423 <sup>ns</sup> | -0.9736** | 0.9474**  | 0.9854**              | 0.5423 <sup>ns</sup>  |
| GGR   |      | -         | 0.9808**  | -0.8588** | -0.5790 <sup>ns</sup> | -0.9621** | 0.9481**  | 0.9790**              | 0.5559 <sup>ns</sup>  |
| EI    |      |           | -         | -0.8619** | -0.5961 <sup>ns</sup> | -0.9710** | 0.9652**  | 0.9995**              | 0.5900 <sup>ns</sup>  |
| PMS-S |      |           |           | -         | 0.7415*               | 0.9310**  | -0.8826** | -0.8606**             | -0.6529*              |
| PMS-G |      |           |           |           | -                     | 0.6618*   | -0.6922*  | -0.6056 <sup>ns</sup> | -0.8555**             |
| PMS-T |      |           |           |           |                       | -         | -0.9371** | -0.9695**             | -0.6104 <sup>ns</sup> |
| I-FHB |      |           |           |           |                       |           | -         | 0.9705**              | 0.7545*               |
| S     |      |           |           |           |                       |           |           | -                     | 0.6094 <sup>ns</sup>  |

\*e\*\* significância em 5% e 1% de probabilidade de erro, respectivamente pelo teste F.

<sup>ns</sup> - não significativo.

Verifica-se a forte correlação positiva entre as variáveis espiguetas infectadas e número de grãos giberelados (0,9883\*\*), índice de doença (0,9652\*\*) e severidade (0,9995\*\*) e forte correlação negativa com número de grãos sadios (-0,9880\*\*) e PMS total (-0,9710\*\*). Na variável I-FHB, nota-se que há correlação com todas as variáveis. Na correlação de I-FHB com as variáveis S e I, verifica-se que S (0,9705\*\*) está fortemente correlacionado, enquanto que para I (0,7545\*), a correlação se mostra mais fraca, pode-se afirmar que a severidade teve mais influência nos valores de I-FHB.

Severidade (S) tem forte correlação com a maioria das variáveis, apenas PMS-G não teve significância, já PEI teve correlação apenas com PMS-S, PMS-G e I-FHB.

A quantidade de grãos sadios produzidos tem elevada correlação com PMS-T (0,9742\*\*) e PMS-S (0,8690\*\*).

## 6 CONCLUSÃO

É efetivo o aumento da resistência em genótipos com os alelos favoráveis de *Fhb1*.

As características agronômicas relacionadas à espiga não se alteraram com a presença dos alelos de *Fhb1*.

NIL P01 e NIL Q03 devem ser incluídas em ensaios preliminares de linhagens, blocos de cruzamentos e de descrição para futuro lançamento.

NIL P01 foi o mais efetivo na agregação de características de resistência ao patógeno inoculado.

Futuros estudos devem ser direcionados para conhecer a resistência do tipo I e a deposição de micotoxinas nos grãos das NIL P01 e NIL Q03.

## REFERÊNCIAS

- ALISAAC, E.; BEHMANN, J.; KUSKA, M. T.; DEHNE, H. W.; MAHLEIN, A. K. **Hyperspectral quantification of wheat resistance to Fusarium head blight: comparison of two Fusarium species.** *European Journal of Plant Pathology*, v. 152, n. 4, p. 869–884, 15 dez. 2018.
- ALVES, R. H. **Reação de resistência à giberela em cultivares de trigo (*triticum aestivum* L.), avaliada em condições de campo e casa de vegetação.** 2010. 55 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon, 2010.
- ALVES, R. H.; NORA, T. D.; FRANCO, F. de A.; COSTA, A. C. T. da; STANGARLIN, J. R. **Reação de resistência tipo I e tipo II a Giberela em cultivares de trigo.** *Summa Phytopathologica*, v. 39, n. 3, p. 167–171, 16 out. 2013.
- ANDERSON, J. A.; STACK, R. W.; LIU, S.; WALDRON, B. L.; FJELD, A. D.; COYNE, C.; MORENO-SEVILLA, B.; FETCH, J. M.; SONG, Q. J.; CREGAN, P. B.; FROHBERG, R. C. **DNA markers for Fusarium head blight resistance QTLs in two wheat populations.** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 102, n. 8, p. 1164–1168, jun. 2001.
- ANDERSON, J. A. **Marker-assisted selection for Fusarium head blight resistance in wheat.** *International Journal of Food Microbiology*, v. 119, n. 1–2, p. 51–53, out. 2007.
- BAI, G.H; SHANER, G. **Variation in Fusarium graminearum and cultivar resistance to wheat scab.** *Plant Disease*, 80:975-979, 1996.
- BAI, G.; SHANER, G. **Management and Resistance in Wheat and Barley To Fusarium Head Blight.** *Annual Review of Phytopathology*, v. 42, n. 1, p. 135–161, 2004.
- BAI, G.; SU, Z.; CAI, J. **Wheat resistance to Fusarium head blight.** *Canadian Journal of Plant Pathology*, v. 40, n. 3, p. 336–346, 3 jul. 2018.
- BAKSH, A.; MENGISTU, N.; BAENZIGER, P. S.; DWEIKAT, I.; WEGULO, S. N.; ROSE, D. J.; BAI, G.; ESKRIDGE, K. M. **Effect of fusarium head blight resistance gene Fhb1 on agronomic and end-use quality traits of hard red winter wheat.** *Crop Science*, v. 53, n. 3, p. 793–801, 2013.
- BALUT, A. L.; CLARK, A. J.; BROWN-GUEDIRA, G.; SOUZA, E.; VAN SANFORD, D. A. **Validation of Fhb1 and QFhs.nau-2DL in several soft red winter wheat populations.** *Crop Science*, v. 53, n. 3, p. 934–945, maio 2013.
- BECCARI, G.; ARELLANO, C.; COVARELLI, L.; TINI, F.; SULTYOK, M.; COWGER, C. **Effect of wheat infection timing on Fusarium head blight causal agents and secondary metabolites in grain.** *International Journal of Food Microbiology*, v. 290, n. June 2018, p. 214–225, 2019.
- BISCHOF, M.; EICHMANN, R.; HÜCKELHOVEN, R. **Pathogenesis-associated**

**transcriptional patterns in Triticeae.** *Journal of Plant Physiology*. v. 168, p 9-19, 2011.

BOYACIOĞLU, D.; HETTIARACHCHY, N. S. **Changes in some biochemical components of wheat grain that was infected with *Fusarium graminearum*.** *Journal of Cereal Science*, v. 21, n. 1, p. 57–62, 1 jan. 1995.

BRAR, G. S.; POZNIAK, C. J.; KUTCHER, H. R.; HUCL, P. J. **Evaluation of *Fusarium* head blight resistance genes *Fhb1*, *Fhb2*, and *Fhb5* introgressed into elite Canadian hard red spring wheats: effect on agronomic and end-use quality traits and implications for breeding.** *Molecular Breeding*, v. 39, n. 3, 1 mar. 2019.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA), Resolução RDC no 7, de 18 de fevereiro de 2011. **Regulamento técnico sobre limites máximos tolerados (LMT) para micotoxinas em alimentos.** Brasília, DF, Diário Oficial da União, 2011.

BRASIL. Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA). Resolução RDC no 138, de 08 de fevereiro de 2017. **Regulamento técnico sobre limites máximos tolerados (LMT) da micotoxina DON em Trigo.** Brasília, Diário Oficial da União, 2017.

BUERSTMAYR, H.; STEINER, B.; HARTL, L.; GRIESSER, M.; ANGERER, N.; LENGAUER, D.; MIEDANER, T.; SCHNEIDER, B.; LEMMENS, M. **Molecular mapping of QTLs for *Fusarium* head blight resistance in spring wheat. II. Resistance to fungal penetration and spread.** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 107, n. 3, p. 503–508, 24 ago. 2003.

BUERSTMAYR, H.; BAN, T.; ANDERSON, J. A. **QTL mapping and marker-assisted selection for *Fusarium* head blight resistance in wheat: A review.** *Plant Breeding*. v. 128, n. 1, p.1-26, 2009.

BUERSTMAYR, M.; HUBER, K.; HECKMANN, J.; STEINER, B.; NELSON, J. C.; BUERSTMAYR, H. Mapping of QTL for *Fusarium* head blight resistance and morphological and developmental traits in three backcross populations derived from *Triticum dicoccum* × *Triticum durum*. ***Theoretical and Applied Genetics***, v. 125, n. 8, p. 1751–1765, 25 dez. 2012.

CASA, R. T.; REIS, E. M.; BLUM, M. M. C.; BOGO, A.; SCHEER, O.; ZANATA, T. **Danos causados pela infecção de *Gibberella zeae* em trigo.** *Fitopatologia Brasileira*, v. 29, n. 3, p. 289–293, jun. 2004.

CHEN, X.; FARIS, J. D.; HU, J.; STACK, R. W.; ADHIKARI, T.; ELIAS, E. M.; KIANIAN, S. F.; CAI, X. **Saturation and comparative mapping of a major *Fusarium* head blight resistance QTL in tetraploid wheat.** *Molecular Breeding*, v. 19, n. 2, p. 113–124, 2 jan. 2007.

CONAB: COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. V. 5 - Safra 2017/18 - N. 7. Sétimo Levantamento - Abril 2018.** Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 24 de junho de 2019.

CONAB: COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da**

**Safra Brasileira de Grãos. V. 6 - Safra 2018/2019 - Nº 9 - Nono Levantamento.** Junho 2019. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 24 junho de 2019.

CONAB: COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos.** v. 8 - Safra 2020/2021 - Nº 9 - Nono Levantamento, Brasília, p. 1-121. Junho 2021. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 15 de junho de 2021.

CUNHA, G. R. DA.; CAIERÃO, E.; ROSA, A. C. **Informações técnicas para trigo e triticale – safra 2016 / 9ª Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale.** Passo Fundo: Biotrigo Genética, 2016. (Boletim Técnico, safra 2016).

CUTHBERT, P. A.; SOMERS, D. J.; THOMAS, J.; CLOUTIER, S.; BRULÉ-BABEL, A. **Fine mapping Fhb1, a major gene controlling fusarium head blight resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.).** Theoretical and Applied Genetics, v. 112, n. 8, p. 1465–1472, 4 maio 2006.

CUTHBERT, P. A.; SOMERS, D. J.; BRULÉ-BABEL, A. **Mapping of Fhb2 on chromosome 6BS: A gene controlling Fusarium head blight field resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.).** Theoretical and Applied Genetics, v. 114, n. 3, p. 429–437, 23 jan. 2007.

CRUZ, C. D. Programa GENES: **Aplicativo Computacional em Estatística Aplicada à Genética (GENES - Software for Experimental Statistics in Genetics).** Genetics and Molecular Biology, v. 21, n. 1, p. 135–138, mar. 1998.

DEAN, R.; VAN KAN, J. A. L.; PRETORIUS, Z. A.; HAMMOND-KOSACK, K. E.; DI PIETRO, A.; SPANU, P. D.; RUDD, J. J.; DICKMAN, M.; KAHMANN, R.; ELLIS, J.; FOSTER, G. D. **The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology.** Molecular plant pathology, v. 13, n. 4, p. 414–30, 1 maio 2012.

DEL PONTE, E. M.; FERNANDES, J. M. C.; PIEROBOM, C. R.; BERGSTROM, G. C. **Giberela do trigo: aspectos epidemiológicos e modelos de previsão.** Fitopatologia Brasileira, v. 29, n. 6, p. 587–605, dez. 2004.

DEL PONTE, E. M.; FERNANDES, J. M. C.; PAVAN, W.; BAETHGEN, W. E. **A model-based assessment of the impacts of climate variability on fusarium head blight seasonal risk in Southern Brazil.** Journal of Phytopathology, v. 157, n. 11–12, p. 675–681, 2009.

DEL PONTE, E. M.; SPOLTI, P.; WARD, T. J.; GOMES, L. B.; NICOLLI, C. P.; KUHNEM, P. R.; SILVA, C. N.; TESSMANN, D. J. **Regional and field-specific factors affect the composition of fusarium head blight pathogens in subtropical no-till wheat agroecosystem of Brazil.** Phytopathology, v. 105, n. 2, p. 246–54, fev. 2015.

De MORI, C. Aspectos Econômicos Da Produção e Utilização In: BÓREM, A.; SCHEEREN, P. L. **TRIGO: do plantio à colheita.** 22 eds. Viçosa: UFV, 2015. 260 p.

DWEBBA, C. C.; FIGLAN, S.; SHIMELIS, H. A.; MOTAUNG, T. E.; SYDENHAM, S.;

MWADZINGENI, L.; TSILO, T. J. **Fusarium head blight of wheat: Pathogenesis and control strategies.** *Crop Protection*, v. 91, p. 114–122, 2017.

ELDAKAK, M.; DAS, A.; ZHUANG, Y.; ROHILA, J. S.; GLOVER, K.; YEN, Y. A **quantitative proteomics view on the function of Qfhb1, a major QTL for fusarium head blight resistance in wheat.** *Pathogens*, v. 7, n. 3, 1 set. 2018.

EMBRAPA TRIGO, Impactos da variabilidade climática extrema na safra de trigo de 2015 no Sul do Brasil. **Nota Técnica.** p- 1-18. Disponível em:  
<<https://www.embrapa.br/documents/1355291/1729833/NT%20Trigo+e+anomalias+climaticas-safra+2015.pdf/158b138c-0917-4169-90ce-3e834858ed24>> Acesso em: 15 de junho de 2019.

FEDERIZZI, L. C.; SCHEREN, P. L.; NETO, J. F. B; MILACH, S. C. K P.; PACHECO, M. T. Melhoramento do trigo. In: Borém. A. **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 1999, 535-587p.

FRIZON, P. **Caracterização de trigo sintético à giberela (*Gibberella zeae*) (Schw.) Petch, índice meiótico e diversidade genética.** 2016. 101 f. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2016.

GIANCASPRO, A.; LIONETTI, V.; GIOVE, S. L.; ZITO, D.; FABRI, E.; REEM, N.; ZABOTINA, O. A.; DE ANGELIS, E.; MONACI, L.; BELLINCAMPI, D.; GADALETA, A. **Cell wall features transferred from common into durum wheat to improve Fusarium Head Blight resistance.** *Plant Science*, v. 274, n. February, p. 121–128, 2018.

GILBERT, J.; HABER, S. **Overview of some recent research developments in fusarium head blight of wheat.** *Canadian Journal of Plant Pathology*, v. 35, n. 2, p. 149–174, abr. 2013.

HA, X.; KOOPMANN, B.; VON TIEDEMANN, A. **Wheat Blast and Fusarium Head Blight Display Contrasting Interaction Patterns on Ears of Wheat Genotypes Differing in Resistance.** *Phytopathology*, v. 106, n. 3, p. 270–281, mar. 2016.

HAO, Y.; RASHEED, A.; ZHU, Z.; WULFF, B. B. H.; HE, Z. **Harnessing Wheat Fhb1 for Fusarium Resistance.** *Trends in Plant Science*. v. 25, n. 1, Elsevier Ltd, 1 jan. 2020.

KARLSSON, I.; FRIBERG, H.; KOLSETH, A. K.; STEINBERG, C.; PERSSON, P. **Agricultural factors affecting Fusarium communities in wheat kernels.** *International Journal of Food Microbiology*, v. 252, p. 53–60, 3 jul. 2017.

KAZAN, K.; GARDINER, D. M.; MANNERS, J. M. **On the trail of a cereal killer: Recent advances in Fusarium graminearum pathogenomics and host resistance.** *Molecular Plant Pathology*. v. 13, p. 399-413. 2012.

KHEIRI, A.; MOOSAWI JORF, S. A.; MALHIPOUR, A. **Infection process and wheat response to Fusarium head blight caused by Fusarium graminearum.** *European Journal of Plant Pathology*, v. 153, n. 2, p. 489–502, 15 fev. 2019.

KUBO, K.; FUJITA, M.; KAWADA, N.; NAKAJIMA, T.; NAKAMURA, K.; MAEJIMA, H.; USHIYAMA, T.; HATTA, K.; MATSUNAKA, H. **Minor Differences in Anther Extrusion Affect Resistance to Fusarium Head Blight in Wheat.** *Journal of Phytopathology*, v. 161, n. 5, p. 308–314, 1 maio 2013.

LEMMENS, M.; SCHOLZ, U.; BERTHILLER, F.; DALL'ASTA, C.; KOUTNIK, A.; SCHUHMACHER, R.; ADAM, G.; BUERSTMAYR, H.; MESTERHÁZY, Á.; KRŠKA, R.; RUCKENBAUER, P. **The Ability to Detoxify the Mycotoxin Deoxynivalenol Colocalizes With a Major Quantitative Trait Locus for Fusarium Head Blight Resistance in Wheat.** *Molecular Plant-Microbe Interactions*, v. 18, n. 12, p. 1318–1324, dez. 2007.

LI, T.; ZHANG, H.; HUANG, Y.; SU, Z.; DENG, Y.; LIU, H.; MAI, C.; YU, G.; LI, H.; YU, L.; ZHU, T.; YANG, L.; LI, H.; ZHOU, Y. **Effects of the Fhb1 gene on Fusarium head blight resistance and agronomic traits of winter wheat.** *Crop Journal*, v. 7, n. 6, p. 799–808, 1 dez. 2019.

LIMA, M. I. P. M. **Giberela ou Brusone ? Orientações para a identificação correta dessas enfermidades em trigo e em cevada.** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2004. 56 p. (Embrapa Trigo. Documentos online, 40). Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p\\_do40.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do40.htm)>. Acesso: 12 de junho de 2019.

LIMA, M. I. P. M. **Métodos de amostragem e avaliação de giberela usados na Embrapa Trigo.** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002. 17 p. html. Publicação Online. (Embrapa Trigo. Documentos Online, 27). Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_do27.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_do27.htm)>. Acesso em: 20 junho de 2019.

LIMA, M. I. P. M.; , MÁRCIO SÓ E SILVA , EDUARDO CAIERÃO , PEDRO LUIZ SCHERREEN, L.; DUCA, de J. A. Del; , ALFREDO DO NASCIMENTO JUNIOR, J. L. P. **Avaliação de giberela em genótipos de trigo do Ensaio Estadual de Cultivares, na região do Planalto Médio do Rio Grande do Sul, em 2005.** 2006. Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p\\_do66.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do66.htm)>. Acesso em: 26 jun. 2019.

LIMA, M. I. P. M. **Avaliação de cultivares de Trigo à Giberela.** 2012. 113 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2012.

LIU, S.; PUMPHREY, M.; GILL, B.; TRICK, H.; ZHANG, J.; DOLEZEL, J.; CHALHOUB, B.; ANDERSON, J. **Toward positional cloning of Fhb1 , a major QTL for Fusarium head blight resistance in wheat.** *Cereal Research Communications*, v. 36, n. Supplement 6, p. 195–201, 12 set. 2008.

MA, H.; ZHANG, X.; YAO, J.; CHENG, S. **Breeding for the resistance to Fusarium head blight of wheat in China.** *Frontiers of Agricultural Science and Engineering. Higher Education Press Limited Company*, v. 6(3), p. 251-264, 2019.

MCMULLEN, M.; JONES, R.; GALLENBERG, D. **Scab of Wheat and Barley: A Reemerging Disease of Devastating Impact.** *Plant Disease*, v. 81, n. 12, p. 1340–1348, 22

dez. 2007.

MCMULLEN, M.; BERGSTROM, G.; DE WOLF, E.; DILL-MACKY, R.; HERSHMAN, D.; SHANER, G.; VAN SANFORD, D. **A Unified Effort to Fight an Enemy of Wheat and Barley: Fusarium Head Blight.** *Plant Disease*, v. 96, n. 12, p. 1712–1728, 11 jul. 2012.

MESTERHÁZY, A. **Types and components of resistance to Fusarium head blight of wheat.** *Plant Breeding*, v. 114, n. 5, p. 377–386, out. 1995.

MIEDANER, T.; MOLDOVAN, M.; ITTU, M. **Comparison of Spray and Point Inoculation To Assess Resistance to Fusarium Head Blight in a Multienvironment Wheat Trial.** *Phytopathology*, v. 93, n. 9, p. 1068–1072, 11 maio 2003.

MIEDANER, T.; WILDE, F.; STEINER, B.; BUERSTMAYR, H.; KORZUN, V.; EBMEYER, E. **Stacking quantitative trait loci (QTL) for Fusarium head blight resistance from non-adapted sources in an European elite spring wheat background and assessing their effects on deoxynivalenol (DON) content and disease severity.** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 112, n. 3, p. 562–569, 17 fev. 2006.

O'DONNELL, K.; WARD, T. J.; GEISER, D. M.; KISTLER, H. C.; AOKI, T. **Genealogical concordance between the mating type locus and seven other nuclear genes supports formal recognition of nine phylogenetically distinct species within the *Fusarium graminearum* clade.** *Fungal Genetics and Biology*, v. 41, n. 6, p. 600–623, 1 jun. 2004.

O'DONNELL, K.; ROONEY, A. P.; PROCTOR, R. H.; BROWN, D. W.; MCCORMICK, S. P.; WARD, T. J.; FRANSEN, R. J. N.; LYSØE, E.; REHNER, S. A.; AOKI, T.; ROBERT, V. A. R. G.; CROUS, P. W.; GROENEWALD, J. Z.; KANG, S.; GEISER, D. M. **Phylogenetic analyses of RPB1 and RPB2 support a middle Cretaceous origin for a clade comprising all agriculturally and medically important fusaria.** *Fungal Genetics and Biology*, v. 52, p. 20–31, 1 mar. 2013.

OPENSHAW, S.J., JARBOE, S.G., BEAVIS, W.D. **Marker-assisted selection in backcross breeding.** In: LAWER, R. (Ed.). *Joint plant breeding symposium on analysis data.* Corvallis: Oregon State University, 1994. p.41-43

RAWAT, N.; PUMPHREY, M. O.; LIU, S.; ZHANG, X.; TIWARI, V. K.; ANDO, K.; TRICK, H. N.; BOCKUS, W. W.; AKHUNOV, E.; ANDERSON, J. A.; GILL, B. S. **Wheat *Fhb1* encodes a chimeric lectin with agglutinin domains and a pore-forming toxin-like domain conferring resistance to Fusarium head blight.** *Nature Genetics*, v. 48, n. 12, p. 1576–1580, 24 dez. 2016.

REIS, E. M.; CASA, R. T.; FORCELINI, C. A. Doenças do trigo. In: KIMATI et al. **Manual de Fitopatologia: Doenças de plantas cultivadas.** 3. Ed. São Paulo. Agronômica Ceres. 1995, 2 v, p. 675-685.

REIS, E. M.; CASA, R. T.; FORCELINI, C. A. Doenças do trigo. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. (Org.). **Manual de fitopatologia: doenças de plantas cultivadas.** 4 ed. São Paulo: Ceres, 2005. p. 676-686.

REIS, E. M.; BARUFFI, D.; REMOR, L.; ZANATTA, M. **Decomposition of corn and soybean residues under field conditions and their role as inoculum source.** *Summa Phytopathologica*, v. 37, n. 1, p. 65–67, mar. 2011.

REIS, E. M.; BOARETO, C.; DANELLI, A. L. D.; ZOLDAN, S. M. **Anthesis, the infectious process and disease progress curves for fusarium head blight in wheat.** *Summa Phytopathologica*, v. 42, n. 2, p. 134–139, jun. 2016.

RUDD, J. C.; HORSLEY, R. D.; MCKENDRY, A. L.; ELIAS, E. M. **Host Plant Resistance Genes for Fusarium Head Blight.** *Crop Science*, v. 41, n. 3, p. 620, 2001.

SALGADO, J. D.; MADDEN, L. V.; PAUL, P. A. **Quantifying the Effects of Fusarium Head Blight on Grain Yield and Test Weight in Soft Red Winter Wheat.** *Phytopathology*, v. 105, n. 3, p. 295–306, 17 mar. 2014.

SCHERLOSKI, A.; MONTECELLI, T. D. N.; MIORANZA, F.; LAZZARI, F.; POLO, L. R. T.; SCHUSTER, I. **Validação de marcadores moleculares para resistência à giberela em genótipos Brasileiros de trigo.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 50, n. 1, p. 63–72, 2015.

SCHWEIGER, W.; STEINER, B.; VAUTRIN, S.; NUSSBAUMER, T.; SIEGWART, G.; ZAMINI, M.; JUNGREITHMEIER, F.; GRATL, V.; LEMMENS, M.; MAYER, K. F. X.; BÉRGÈS, H.; ADAM, G.; BUERSTMAYR, H. **Suppressed recombination and unique candidate genes in the divergent haplotype encoding Fhb1, a major Fusarium head blight resistance locus in wheat.** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 129, n. 8, p. 1607–1623, 12 ago. 2016.

SHAH, D. A.; DE WOLF, E. D.; PAUL, P. A.; MADDEN, L. V. **Predicting Fusarium Head Blight Epidemics with Boosted Regression Trees.** *Phytopathology*, v. 104, n. 7, p. 702–714, 22 jan. 2014.

SIOU, D.; GÉLISSE, S.; LAVAL, V.; REPINÇAY, C.; CANALÈS, R.; SUFFERT, F.; LANNOU, C. **Effect of wheat spike infection timing on fusarium head blight development and mycotoxin accumulation.** *Plant Pathology*, v. 63, n. 2, p. 390–399, 1 abr. 2014.

SNIJDERS, C. H. A. **Genetic variation for resistance to Fusarium head blight in bread wheat.** *Euphytica*, v. 50, n. 2, p. 171–179, out. 1990.

SOMERS, D. J.; ISAAC, P.; EDWARDS, K. **A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.).** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 109, n. 6, p. 1105–1114, 29 out. 2004.

STACK, R. W., McMULLEN, M. P. **A visual scale to estimate severity of Fusarium head blight in wheat.** Fargo: North Dakota State University - Agricultural Experiment Station, 1995.

STEINER, B.; BUERSTMAYR, M.; MICHEL, S.; SCHWEIGER, W.; LEMMENS, M.; BUERSTMAYR, H. **Breeding strategies and advances in line selection for Fusarium**

**head blight resistance in wheat.** *Tropical Plant Pathology*, v. 42, n. 3, p. 165–174, 1 jun. 2017.

STEINER, B.; MICHEL, S.; MACCAFERRI, M.; LEMMENS, M.; TUBEROSA, R.; BUERSTMAYR, H. **Exploring and exploiting the genetic variation of Fusarium head blight resistance for genomic-assisted breeding in the elite durum wheat gene pool.** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 132, n. 4, p. 969–988, 1 abr. 2019.

SU, P.; GUO, X.; FAN, Y.; WANG, L.; YU, G.; GE, W.; ZHAO, L.; MA, X.; WU, J.; LI, A.; WANG, H.; KONG, L. **Application of Brachypodium genotypes to the analysis of type II resistance to Fusarium head blight (FHB).** *Plant Science*, v. 272, n. April, p. 255–266, 2018a.

SU, Z.; JIN, S.; ZHANG, D.; BAI, G. **Development and validation of diagnostic markers for Fhb1 region, a major QTL for Fusarium head blight resistance in wheat.** *Theoretical and Applied Genetics*, v. 131, n. 11, p. 2371–2380, 1 nov. 2018b.

SUZUKI, T.; SATO, M.; TAKEUCHI, T. **Evaluation of the effects of five QTL regions on Fusarium head blight resistance and agronomic traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.).** *Breeding Science*, v. 62, n. 1, p. 11–17, 2012.

TELLES NETO, F. X. B. **Transmissão e controle de Fusarium graminearum em sementes e danos causados pela giberela em trigo.** 2004. 113 p. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2004.

TIBOLA, C. S.; FERNANDES, J. M. C.; DEL PONTE, E. M.; MALLMANN, C. A.; DILKIN, P.; LIMA, M. I. P. M.; PAVAN, W. **Indicações técnicas para minimizar a contaminação de trigo por micotoxinas.** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2013.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). **Grain: World Markets and Trade.** Disponível em <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline>>. Acesso em: 24 de junho de 2019.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). **Grain: World Markets and Trade.** Disponível em <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>>. Acesso em: 18 de junho de 2021.

VIANA, T. P. **Prospecção de marcadores moleculares associados à resistência a giberela em trigo.** 2013. 81f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Universidade Federal de Pelotas.

WEGULO, S. N.; BAENZIGER, P. S.; HERNANDEZ NOPSA, J.; BOCKUS, W. W.; HALLEN-ADAMS, H. **Management of Fusarium head blight of wheat and barley.** *Crop Protection*, v. 73, p. 100–107, 1 jul. 2015.

YAN, W.; LI, H. B.; CAI, S. B.; MA, H. X.; REBETZKE, G. J.; LIU, C. J. **Effects of plant height on type I and type II resistance to fusarium head blight in wheat.** *Plant Pathology*, v. 60, n. 3, p. 506–512, 1 jun. 2011.

YOSHIDA, M. **Studies on the control of Fusarium head blight of barley and wheat and mycotoxin levels in grains based on time of infection and toxin accumulation.** Journal of General Plant Pathology, v. 78, n. 6, p. 425–426, 17 nov. 2012.

ZEB, B.; KHAN, I. A.; ALI, S.; BACHA, S.; MUMTAZ, S. **Study on genetic diversity in Pakistani wheat varieties using simple sequence repeat ( SSR ) markers.** Journal of Biotechnology, v. 8, n. September, p. 4016–4019, 2009.

ZHANG, W.; FRANCIS, T.; GAO, P.; BOYLE, K.; JIANG, F.; EUDES, F.; CUTHBERT, R.; SHARPE, A.; FOBERT, P. R. **Genetic characterization of type II Fusarium head blight resistance derived from transgressive segregation in a cross between Eastern and Western Canadian spring wheat.** Molecular Breeding, v. 38, n. 1, 1 jan. 2018.

ZHUANG, Y.; GALA, A.; YEN, Y. **Identification of Functional Genic Components of Major Fusarium Head Blight Resistance Quantitative Trait Loci in Wheat Cultivar Sumai-3.** Molecular Plant-Microbe Interactions, v. 26, n. 4, p. 442–450, 2013.

ZOLDAN, S. M. **Regiões de risco, caracterização da antese em cereais de inverno e Sistema de alerta para a giberela, em trigo.** 152 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia). Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2008.

## **Anexo 1: Produto técnico atrelado**

### **APRESENTAÇÃO DE CULTIVARES DE TRIGO PARA DUPLO PROPÓSITO**

**Luciano Leonel Lombardi  
Giovana Augusta Torres  
Eduardo Caierão**

## **Introdução**

Todos os anos, empresas de pesquisa, lançam no mercado inúmero novas cultivares das mais diversas espécies vegetais, de outro lado, estas novas cultivares são aguardadas com grande expectativa pelos produtores rurais.

Toda cultivar lançada, exige que seja realizado um vasto estudo e envolve diversas informações relativas à esta cultivar, que servirá de base para as empresas apresentarem a sua tecnologia. Essas informações são ponto chave e serão consideradas pelos produtores na ocasião de optar pela compra ou não desta nova cultivar.

Diversas formas de apresentação são utilizadas para o primeiro contato entre a cultivar e o produtor, dentre elas, destacam-se os folders das cultivares, os tradicionais dias de campo, as feiras e as redes sociais. Entretanto, os dias de campo e feiras, são as formas de apresentação

mais utilizadas e são as que propiciam uma maior interatividade entre os atores envolvidos e se tornam a forma mais eficiente para essa apresentação.

A Embrapa Trigo, como geradora de novas tecnologias, utiliza-se destas ferramentas para apresentar seus produtos. São diversos dias de campos e feiras que as equipes da Embrapa participam anualmente, com intuito de levar conhecimento e apresentar os produtos para os diversos setores produtivos do Brasil inteiro. Uma das feiras mais importantes do Rio Grande do Sul e que a Embrapa Trigo participa desde a sua primeira edição, em 1999, é a Expodireto Cotrijal.

A Expodireto Cotrijal, realizada na cidade de Não-Me-Toque-RS, é uma feira anual, que ocorre sempre no mês de março e é promovida pela Cooperativa Triticola Alto Jacuí Ltda (Cotrijal). Em 2019, a Cotrijal realizou a 20ª edição da feira e contou com 534 expositores em 98 hectares. Segundo os organizadores, o valor total de comercialização atingiu a marca de R\$ 2.419.527.000,00 e um público visitante recorde, com a presença de mais de 70 países e um total de 268 mil pessoas visitantes. Atualmente é uma das maiores feiras do agronegócio internacional, tendo seu foco em tecnologias e negócios. Segundo seus organizadores o objetivo é aproximar o produtor do conhecimento, informações e tecnologias geradas nos órgãos de pesquisas, com o benefício de contato entre produtores, estudante e visitantes diretamente com os pesquisadores por meio de conversas que ocorrem durante a feira, encurtando o caminho entre o gerador de tecnologia e o produtor rural (EXPODIRETO, 2019).

A Embrapa participou da 20ª Expodireto com mais de 50 tecnologias, entre cultivares, sistemas de produção e aplicativos apresentados por dez unidades da empresa.

## **Desenvolvimento**

Dentre as tecnologias que foram apresentadas estão duas cultivares de trigo para a alimentação animal: BRS Tarumã e BRS Pastoreio. Estas cultivares surgiram como opções para a produção de forragem, por meio de pastejo, ensilagem, feno e produção de grãos, que as caracterizam como de duplo propósito, ampliando o portfólio de materiais para a realização de um planejamento forrageiro para evitar a escassez de alimentos dos rebanhos ao longo dos anos (FONTANELLI et al., 2019).

BRS Pastoreio tem ciclo tardio, mútico, com boa resistência as principais doenças da cultura, podendo atingir em dois cortes a produção de 2.400 kg/ha<sup>-1</sup> de massa seca de forragem,

mais de 28 ton/ha<sup>-1</sup> de silagem (massa verde) e produtividade superior a 3 ton/ha<sup>-1</sup> após dois cortes (CASTRO et al., 2016).

BRS Tarumã tem ciclo tardio, alta capacidade de perfilhamento e bom rebrote, a sua produção de forragem pode ser superior a 30% em relação à aveia preta, largamente utilizada no RS (FONTANELLI et al., 2016).

A semeadura de trigo DP na região sul do Brasil, é uma alternativa para a produção de forragem no outono e início de inverno, época que normalmente ocorre carência na disponibilidade de forragem. Além da possibilidade de ofertar forragem precocemente, com manejo correto, após o pastejo estas cultivares podem ainda serem destinadas à ensilagem e produção de grãos (EMBRAPA, 2021).

Mesmo a feira ocorrendo em época diferente da recomendada para o cultivo de trigo, a Embrapa Trigo por meio de sua equipe de difusão e transferência de tecnologia conduziu parcelas demonstrativas de trigo. Em 2019, foram semeadas duas parcelas com as cultivares BRS Pastoreio e BRS Tarumã, estas parcelas foram subdivididas com manejo sem corte e com um e dois cortes, possibilitando demonstrar algumas características agronômicas destes genótipos.

O fato das cultivares de trigo estarem fora da época recomendada para a cultura chama muito a atenção dos participantes da feira, atraindo-os na busca por informações. Produtores de leite são os principais espectadores dos conhecimentos repassados.

Durante a feira, a equipe da Embrapa Trigo aproveitou para repassar informações destas duas cultivares para o público que visitou sua vitrine tecnológica. Orientações sobre a melhor época de semeadura, a melhor densidade de semeadura para cada cultivar, a melhor estatura para a realização do corte (pastejo) pelos animais, a altura de resteva ideal para um bom rebrote, as doses de nutrientes necessários para cada manejo, o estágio vegetativo para o processo de ensilagem e o manejo de pragas e doenças são algumas das informações repassadas aos visitantes do estande.

Dentre as informações repassadas aos visitantes, altura de corte, ganha destaque como o manejo que irá propiciar a colheita de grãos. Na Foto 01 é apresentada a estrutura dos colmos, do lado direito, quando o corte é realizado da forma correta. Já do lado esquerdo, com colmos “ocos”, indicam que o manejo realizado não foi correto, comprometendo a produção de grãos.

No dia que estive apresentando as cultivares para o público presente na feira (Figura 01), segundo dados apresentados pelos organizadores da feira, foram registrados a presença de 75.500 pessoas circulando pelo parque de exposições, principalmente famílias de agricultores

e estudantes oriundos de excursões promovidos por instituições de ensino, sindicatos e cooperativas do Brasil e do exterior (EXPODIRETO, 2019).



Foto 01 – Estrutura do colmo após o corte, do lado direito com altura de corte de no máximo 30 cm, já do lado esquerdo quando a altura de corte ultrapassa os 30 cm. Corte realizado com canivete a 7 cm do solo.

Fonte: (CASTRO et al., 2016; FONTANELLI et al., 2016).



Figura 01 – Estudantes e produtores rurais conhecendo as cultivares de trigo de Duplo Propósito dentro do estande da Embrapa Trigo na Expodireto Cotrijal 2019.

Estes números corroboram justificando as feiras como uma excelente oportunidade de demonstrar novas tecnologias.

### **Considerações finais**

A busca por informações relacionadas as cultivares de trigo surpreenderam todas as expectativas, muitos produtores de leite que utilizam a cultura de trigo para a produção de forragem, buscam informações e aproveitam para trocar experiências.

O estande acaba por ser um local de encontro entre produtores, que até então eram desconhecidos, e por meio da cultura de trigo DP acabam se conhecendo e trocando suas experiências.

Muitas informações são relatadas por produtores e acabam sendo novidade para outros produtores e muitas vezes até para a equipe da Embrapa Trigo, experiências que tiveram grandes êxitos e outras que não foram tão satisfatórias são relatadas durante a feira.

### **Referências bibliográficas**

CASTRO, R. L. de; CAIERÃO, E.; DEL DUCA, L. de J. A.; FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. dos; SÓ e SILVA, M.; SCHEEREN, P. L.; GUARIENTI, E. M.; MIRANDA, M. Z. de; EICHELBERGER, L.; KOPP, M. M.; NASCIMENTO JUNIOR, A. do. **BRS Pastoreio: trigo duplo propósito**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2016. Disponível em <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/159000/1/ID43600-FD392BRSPastoreio.pdf>> Acesso em: 15 jun 2021.

FONTANELLI, R. S.; CUNHA, G. R.; CAIERÃO, E.; CASTRO, R. L.; SANTOS, H. P.; FONTANELLI, R. S.; PASINATO, A.; KORCELSKI, C.; SANTOS, L. B.; **BRS Pastoreio: cultivar de trigo de múltiplos propósitos para o sul do Brasil**. Plantio Direto, v. 29, n. 168, p. 33-36, mar./abr. 2019.

FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. dos; NASCIMENTO JUNIOR, A. do. **BRS Tarumã: trigo duplo propósito**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2016. Disponível em <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/145854/1/ID43718-2016FD0395Taruma.pdf>> Acesso em: 15 jun 2021.

Expodireto - **Edições Anteriores**. Disponível em: <<https://www.expodireto.cotrijal.com.br/a-expodireto/edicoes-anteriores/edicao-2019>>. Acesso em: 10 jul 2021.

Produtores satisfeitos com o trigo de duplo propósito - **Portal Embrapa**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/trigo/busca-de-noticias/-/noticia/29145564/produtores-satisfeitos-com-o-trigo-de-duplo-proposito>>. Acesso em: 3 jul 2021.