

### **Análise da genealogia de cultivares de trigo lançadas em diferentes anos**

Ariel Rizzardo<sup>1</sup>, Marcos Gatti Slaviero<sup>1</sup>, Bianca Oliveira Machado<sup>1</sup>, Cristina Slaviero<sup>1</sup>,  
Noryam Bervian Bispo<sup>1\*</sup>  
\*Orientadora

<sup>1</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) -  
Campus Sertão. Sertão, RS, Brasil.

O melhoramento de plantas foi, e ainda é, de fundamental importância para o desenvolvimento da agricultura. A cultura do trigo teve seu processo de melhoramento iniciado há milhares de anos atrás, a partir de sua domesticação e consequente seleção de plantas com características que melhor supriam as necessidades do homem. Em um programa de melhoramento é essencial que a variabilidade genética da espécie a ser melhorada seja explorada. Desta maneira, a gama de indivíduos distintos obtidos nos cruzamentos será maior. Uma etapa crucial para o processo é a escolha dos genótipos que serão usados nos cruzamentos. Quanto mais distantes geneticamente estiverem os progenitores, maior a variabilidade obtida nas gerações seguintes. Nos últimos anos, a cultura do trigo vem perdendo espaço aqui no estado. Um destes motivos pode ser a baixa variabilidade genética existente nos programas de melhoramento. Devido a isso, o objetivo deste trabalho é identificar e analisar os parentais utilizados nos cruzamentos de cultivares de trigo lançadas pela Embrapa em diferentes anos, como parte do projeto de Análise da diversidade genética em cultivares de trigo, para verificar se o programa de melhoramento explora a diversidade genética da espécie. Após a realização desta análise preliminar, os genótipos serão analisados através de marcadores moleculares do tipo microssatélites, no Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular do IFRS Campus Sertão, e os dados obtidos em ambas as análises permitirão tirar conclusões decisivas a respeito da variabilidade genética presente na empresa. Para o desenvolvimento deste estudo, foi realizada uma pesquisa a fim de identificar os genótipos parentais utilizados nos cruzamentos de algumas cultivares lançadas pela empresa. Para melhor avaliar o progresso genético, analisou-se desde cultivares mais antigas até cultivares mais novas. Como resultado, é possível perceber que, em alguns cruzamentos, há o uso de mesmos progenitores. Para algumas cultivares mais antigas, foram utilizados mesmos genótipos como pais nos cruzamentos, como no caso da BRS 49 e BRS 179, onde utilizou-se a cultivar BR 35. Já para a BRS 194 e BRS Louro, utilizou-se a cultivar BR 23. Nas cultivares BRS 331 e BRS Parrudo, mais novas, utilizou-se a mesma linhagem (WT 98108). Assim sendo, é provável que estas cultivares, que compartilham mesmos parentais, sejam mais similares geneticamente, apresentando assim menor variabilidade. Portanto, espera-se que este trabalho seja uma ferramenta a ser utilizada para melhor avaliar a diversidade genética das cultivares de trigo, servindo como base para a análise molecular das cultivares.

**Palavras-chave:** Melhoramento de plantas. Cruzamento. *Pedigree*. *Triticum aestivum*.

Trabalho executado com recursos do Edital PROPPI Nº 014/2015 – FOMENTO INTERNO 2016/2017/Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica e/ou Tecnológica (PROBICT), da Pró-Reitoria de Pesquisa, Pós-Graduação e Inovação.