

Baixa Variabilidade para Teor de Ferro de Trigo Brasileiro

EVANDRO EHLERT VENSKE¹; LATÓIA EDUARDA MALTZAHN²; CARLOS BUSANELLO²; CAMILA PEGORARO²; BRUNO LEMOS BATISTA³; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA⁴

¹Universidade Federal de Pelotas – evandrovenske@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas

³Universidade Federal do ABC

⁴Universidade Federal de Pelotas – acostol@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O Trigo (*Triticum aestivum* L.) é um cereal com elevada importância na cadeia agropecuária mundial, pois é um dos mais produzidos no mundo. No ano de 2017 foram produzidos mais de 771 milhões de Megagramas (Mg), em uma praticamente linear crescente, atinge a maior produção mundial da história (FAOSTAT, 2019). No País, na safra 2018 foram produzidos em torno de 5,4 Mg do grão, para suprir o consumo interno (12,5 milhões Mg) e a exportação (600 mil Mg), foi necessária uma importação de 7,2 milhões Mg de países vizinhos. No mesmo período, ou seja, atualmente, o consumo brasileiro (kg *per capita*) de farinha de trigo é de 40,62 (CONAB, 2019; IBGE, 2019 in ABITRIGO, 2019).

O ferro é um dos micronutrientes mais estudados e descritos na literatura, desempenhando importantes funções no metabolismo humano (COOK et al., 1992). É difícil enfatizar a importância global das deficiências de micronutrientes minerais, principalmente ferro, nas dietas humanas. Estima-se que no mundo 43% das crianças e 29% das mulheres em idade reprodutiva têm anemia e cerca de metade desses casos resulta de deficiência de ferro (revisado por BALK et al., 2019).

Dados globais indicam que cerca de 2 bilhões de pessoas em todo o mundo são afetadas pela fome oculta, que se resume em deficiências de certos micronutrientes, como ácido fólico, iodo, vitamina A, entre outros (além do ferro) (REGAN L. BAILEY et al., 2015). Estas substâncias possuem efeitos duradouros no crescimento e desenvolvimento, portanto, há muitas décadas têm sido uma prioridade nacional de países ao redor do mundo. As estratégias mais utilizadas até o momento são o uso de fontes suplementares ou alimentos fortificados para aliviar a gravidade dessas deficiências (NAIR M.K, et al., 2016).

Programas de melhoramento continuam investindo no incremento de produtividade, atualmente outras características são alvo de melhorias, como aumentar a qualidade de grãos, tolerância à estresses abióticos, tolerância/resistência a estresses bióticos, entre outros. Como já se obteve sucesso no desenvolvimento de plantas de porte mais baixo, ciclo precoce e colmos resistentes ao acamamento (SOUZA; CAIERÃO, 2014). Vários trabalhos demonstram o interesse na biofortificação com ferro dos grãos de trigo (CALDERINI; MONASTERIO, 2003).

Deste modo, o objetivo do trabalho foi avaliar a variabilidade entre 10 dos mais cultivados genótipos de trigo da região sul do Brasil quanto ao teor de ferro no grão.

2. METODOLOGIA

Foram utilizadas para este estudo 10 cultivares (genótipos) de trigo obtidas de seus mantenedores, são algumas das mais cultivadas atualmente na região sul do país: BRS 331, BRS Guamirim, BRS Parrudo, TBIO Sinuelo, TBIO Noble, TBIO Sonic, ORS 1405, ORS Madre Pérola, CD 1104 e LG Fortaleza.

O experimento foi conduzido na safra de 2018 na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento localizado no Centro Agropecuário da Palma (CAP), pertencente à Universidade Federal de Pelotas (UFPel), município

de Capão do Leão – RS. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com três repetições, sendo cada unidade experimental composta por uma linha de 1,5m e espaçamento entre linhas de 0,30 m. Após a colheita individualizada de cada linha, os genótipos foram trilhados em laboratório e armazenados sob condições controladas.

Para a quantificação de minerais, dez gramas de cada amostra seca foram separados. Em seguida todas as amostras foram moídas (MARCONI, modelo MAD20). Em geral, a preparação de amostras para quantificação seguiu Batista et al. (2014). Aproximadamente 0,1g das amostras foram pesadas em tubos (tipo falcon) de 15mL e 1mL de HNO₃ concentrado foi adicionado. As amostras foram deixadas em repouso por período aproximado de 48 horas para pré-digestão. Em seguida, as amostras foram colocadas em banho, onde foram deixadas por 4 horas a uma temperatura máxima de 90°C. Feito isso, água ultrapura foi utilizada para atingir o volume (15mL) e as soluções foram armazenadas para posterior análise. Alguns materiais de referência foram utilizados com intuito de verificar exatidão e precisão do método de preparo de amostras utilizado. Para isso, duplicatas de cada CRM (C1002a – Farinha de arroz; C1005a – Folha de cana de açúcar; NIST 1573a – Folha de tomate; NIST 1568b – Farinha de arroz) foram submetidas ao mesmo procedimento que as amostras.

As amostras foram analisadas em um espectrômetro de massa por plasma acoplado indutivamente (ICP-MS 7900, Agilent, Hachioji, Japão) equipado com cela de reação para a minimização de interferências espectrais. Padrão interno de Y foi utilizado durante a análise como forma de avaliar a resposta do equipamento. Além disso, foi utilizado um material de referência certificado de água natural (NIST 1640a) para avaliar a exatidão e precisão do equipamento.

Os limites de detecção (LDs) do método (preparo de amostras + determinação elementar) para os analitos foi realizado de acordo com as instruções descritas nos protocolos de validação analítica do Instituto Nacional de Metrologia, Qualidade e Tecnologia (INMETRO). Para ferro o LDs é 1063 ng g⁻¹.

Os dados foram submetidos a análise de variância (ANOVA) visando observar a significância pelo teste F dos tratamentos. Para construção do agrupamento hierárquico foi calculado a distância média Euclidiana, e o ponto de corte, foi adotada a metodologia de Mojena (1977), na qual o ponto de corte = média + k (1,25) * DP. Todas análises foram feitas no software Genes (CRUZ, 2013) e a visualização do agrupamento foi feito utilizando o software Orange v. 3.21 (Demsar et al. 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância se mostrou significativa pelo teste F a 5% de probabilidade para os tratamentos (genótipos), o que possibilitou a sequência para o agrupamento. O dendrograma (figura 1) demonstra a distância genética dos genótipos em relação a bioacumulação do micronutriente ferro nos grãos. Cereais com elevada biodisponibilidade em seus grãos de alguns minerais como o ferro são interessantes pois dispensam essa suplementação posterior no setor industrial, como acontece inclusive com a farinha de trigo a qual é obrigatório no Brasil desde 2004, além da farinha de milho e mandioca, que também são enriquecidas com ferro e ácido fólico visando o combate a anemia ferropriva (EMBRAPA, 2005). Programas mundiais de melhoramento de trigo estão empenhados no desenvolvimento de genótipos de trigo biofortificados, entre os centros de melhoramento um dos que está trabalhando de forma mais intensa nesse tema é o Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) juntamente com a HarvestPlus, que desde de 2003 estão buscando incrementar via cruzamento com espécies silvestres ou por meio da biotecnologia/engenharia

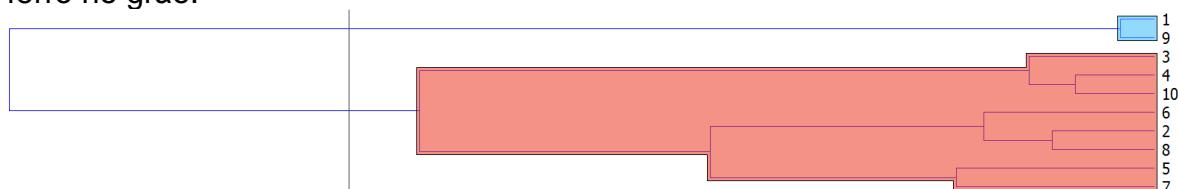
genética os níveis de ferro, zinco e vitamina A dos grãos de trigo (HARVESTPLUS, 2003).

Analizando o dendograma podemos identificar dois grupos distintos de genótipos, um grande grupo com os genótipos BRS 331, BRS Guamirim, ORS Madre Pérola, TBIO Noble, TBIO Sonic, CD 1104, BRS Parrudo e LG Fortaleza. E outro grupo menor contendo os genótipos TBIO Sinuelo e ORS 1405. Genótipos antigos com elevada variabilidade genética para teor de ferro foram encontrados (SCHEEREN et al., 2011). Porém, por terem um baixo rendimento de grãos não são mais cultivados. Genótipos de alta produtividade com baixa variabilidade para este caractere também foram observados.

Esse resultado nos mostra uma baixa variabilidade genética entre os genótipos analisados em relação a bioacumulação de ferro nos grãos. Essa reduzida variabilidade genética pode ser explicada de vários modos. Um deles é devido o trigo ser uma espécie naturalmente de variabilidade genética estreita, isso se deve por vários motivos. É uma espécie gerada pela união de três espécies aparentadas entre si (MARCUSSEN et al., 2014), outra explicação pode ser pela proximidade regional dos ancestrais do trigo e por poucas plantas serem responsáveis por sua geração (DUBCOVSKY; DVORAK, 2007), além disso sabe-se que o trigo é uma espécie jovem (com aproximadamente 10.000 anos) e que foi uma das primeiras espécies a ser domesticada, melhorada e cultivada (REIF et al., 2005; VENSKE et al., 2019). Os eventos anteriormente mencionados contribuíram para a restrita variabilidade desta espécie.

Outra explicação para esse resultado é a inexistência nos programas de melhoramento brasileiros de seleção visando o incremento no teor de ferro nos grãos do trigo, se não há genótipos muito superiores, não há variação em relação aos inferiores, ou seja, há pouca variabilidade, sendo esta de origem evolucionária.

Porém há, mesmo que seja pequena uma diferença que permitiu a separação dos genótipos em dois grupos, e o interessante é que os genótipos alocados no menor grupo são de programas de melhoramento diferentes (mesmo que possuam alguma ligação), o que permite um estudo mais detalhado destes genótipos, assim como uma possibilidade de hibridação entre os grupos de genótipos visando a obtenção de um segregante transgressivo para alto teor de ferro no grão.



1-TBIO Sinuelo; 2-TBIO Sonic; 3-BRS 331; 4-BRS Guamirim; 5-BRS Parrudo; 6-TBIO Noble; 7-LG Fortaleza; 8-CD 1104; 9-ORS 1405; 10-ORS Madre Pérola.

Figura 1: Dendrograma completo dos 10 genótipos de trigo.

4. CONCLUSÕES

A variabilidade genética de cultivares de trigo brasileiras possui fortes indícios de ser estreita para o caractere teor de ferro no grão.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BALK, J.; CONNORTON, J. M.; WAN Y.; LOVEGROVE, A.; MOORE, K. L.; UAUY, C.; SHARP, P. A.; SHEWRY, P. R. Improving wheat as a source of iron and zinc for global nutrition. *Nutrition Bulletin*. v. 44, p 53-59, 2019.
- BATISTA, B.L.; NIGAR, M.; MESTROT, A.; ROCHA, B.A.; JÚNIOR, F.B.; PRICE, A.H.; RAAB, A.; FELDMAN, J. Identification and quantification of phytochelatins in

- roots of rice to long-term exposure: evidence of individual role on arsenic accumulation and translocation. **J. Exp. Bot.** 65, 1467–1479. 2014.
- CALDERINI D, F; MONASTERIO I, O; Are synthetic hexaploids a means of increasing grain element concentrations in wheat? **Euphytica**. v.134, p169-178, 2003.
- COOK J. D.; BAYNES R. D.; SKIKNE B. S. Iron deficiency and the measurement of iron status. **Nutr Res.** Rev 1992; 5:189-202.
- CONAB; IBGE; in ABITRIGO; Estatísticas trigo e farinha no mundo. **Abitrigo**, 2019. Acesso em 05/09/2019. Disponível em: <http://www.abitrido.com.br/estatisticas-global.php>.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DEMSAR J, CURK T, ERJAVEC A, GORUP C, HOCEVAR T, MILUTINOVIC M, MOZINA M, POLAJNAR M, TOPLAK M, STARI A, STAJDOHAR M, UMEK L, ZAGAR L, ZBONTAR J, ZITNIK M and ZUPAN B (2013) Orange: data mining toolbox in Python. **The Journal of Machine Learning Research** 14: 2349-2353.
- DUBCOVSKY, J.; DVORAK, J. Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. **Science**, v. 316, n. 5833, p. 1862-1866, 2007.
- EMBRAPA AGROINDUSTRIA E ALIMENTOS; Fortificação de farinha de trigo e de milho com ferro. **Soluções tecnológicas**. 2005. Acesso em 06/09/2019. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-solucoes-tecnologicas-/produto-servico/3776/fortificacao-de-farinha-de-trigo-e-de-milho-com-ferro>.
- FAOSTAT. **FAO**, Wheat world production quantity, 2019. Acesso em 29/08/2019. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#compare>.
- HARVESTPLUS. **Trigo Biofortificado**, 2003. Acesso em 06/09/2019. Disponível em: <https://www.harvestplus.org/sites/default/files/wheatpo.pdf>.
- MARCUSSEN, T.; SANDVE, S. R.; HEIER, L.; SPANNAGL, M.; PFEIFER, M.; THE INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM; JAKOBSEN, K. S.; WULFF, B. B. H.; STEUERNAGEL, B.; MAYER, K. F. X.; OLSEN, O. -A. Ancient hybridizations among the ancestral genomes of bread wheat. **Science**, v. 345, n. 6194, p. 1250092-1-4, 2014.
- MOJENA R (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal** 20: 359-363.
- NAIR M. K.; AUGUSTINE L. F.; KONAPUR A. Food-Based Interventions to Modify Diet Quality and Diversity to Address Multiple Micronutrient Deficiency. **Front Public Health**. 2016, Jan 5; 3:277.
- REGAN L. BAILEY et al. The Epidemiology of Global Micronutrient Deficiencies. **Annals of Nutrition & Metabolism**. Ann Nutr Metab 2015;66(suppl 2):22–33. June 2, 2015.
- REIF, J. C.; ZHANG, P.; DREISIGACKER, S.; WARBURTON, M. L.; VAN GINKEL, M.; HOISINGTON, D.; BOHN, M.; MELCHINGER, A. E. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 110, n. 5, p. 859-864, 2005.
- SCHEEREN et al., Biofortificação em trigo no Brasil – 2011, **IV Reunião de Biofortificação**. 2011. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/54394/1/2011-121.pdf>
- SOUSA, CANTÍDIO NICOLAU ALVES DE; CAIERÃO, EDUARDO. **Cultivares de Trigo Indicadas para Cultivo no Brasil e Instituições Criadoras 1922 a 2014**. 2.ed. Brasília, DF: Embrapa, 2014. 202 p.
- VENSKE, E. et al., Bread wheat: a role model for plant domestication and breeding. **Hereditas**, 2019 May 29;156:16.