

## DISSIMILARIDADE ENTRE CULTIVARES DE AVEIA BRANCA CONDUZIDAS EM DIFERENTES METODOLOGIAS DE AVALIAÇÃO QUANTO À TOXIDEZ POR Al<sup>3+</sup> EM HIDROPONIA

SILVA, Juliana Padilha da<sup>1</sup>; CRESTANI, Maraisa<sup>2</sup>; GIRARDON, Luís Felipe<sup>1</sup>; GROLI, Eder Licieri<sup>1</sup>; MAIA, Luciano Carlos da<sup>3</sup>.

<sup>1</sup> Estagiária do CGF-FAEM/UFPEL; <sup>2</sup> Aluna de doutorado CGF-FAEM/UFPEL; <sup>3</sup> Professor do Dept<sup>o</sup>. de Fitotecnia FAEM/UFPEL – julianap.silva@hotmail.com

### INTRODUÇÃO

A aveia branca (*Avena sativa* L.) desempenha um grande papel dentro do sistema produtivo agrícola, sendo utilizada na produção de grãos destinados tanto para a alimentação humana quanto animal, adotada como cobertura de solo e produção de pastagem, caracterizando uma espécie alternativa para a rotação de culturas.

A aveia branca, assim como outras culturas, sofre com o excesso de alumínio (Al) no solo, característica de muitos solos brasileiros, dificultando significativamente o desenvolvimento das plantas. Quando presente na solução do solo o Al é absorvido e depositado na região radicular da planta, tendo como sítio de toxicidade o ápice da raiz (HARTWIG et al, 2007). Assim, quando o Al é absorvido promove a paralisação na divisão celular das células, refletindo diretamente no crescimento e na ramificação do sistema radicular. A quantificação do desempenho de caracteres de plântula em genótipos de aveia branca submetidos ao estresse por Al em cultivo hidropônico possibilita mensurar os danos causados por esse elemento tóxico, permitindo a seleção de genótipos sensíveis e tolerantes a este elemento.

A seleção de genótipos quanto à tolerância ao Al, em programas de melhoramento genético de espécies anuais, tem sido efetuada principalmente através da adoção de cultivo hidropônico, com o emprego de soluções nutritivas, tanto com o uso de soluções mínimas quanto completas, pois caracteriza uma técnica simples e que evidencia elevada correlação com resultados obtidos em condições de campo (CAMARGO e OLIVEIRA, 1981; SPEHAR e SOUZA, 2006).

A análise simultânea, envolvendo vários caracteres morfológicos observados durante a fase de plântula, pode permitir a avaliação do comportamento dos genótipos em resposta à presença do Al tóxico no ambiente de cultivo. Neste sentido, o objetivo do presente trabalho foi verificar a dissimilaridade genética de genótipos de aveia branca submetidos a diferentes protocolos de avaliação quanto à toxicidade por Al em condições de hidroponia considerando o conjunto de caracteres na discriminação da tolerância a este elemento tóxico, pelo emprego de estatística multivariada.

### MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado no Laboratório de Duplo-Haplóides e Hidroponia do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, FAEM-UFPEL. Foram avaliadas seis cultivares de aveia branca: UFRGS 14, URS 20, UPFA 22, UPF 18, ALBASUL e BARBARASUL. O delineamento experimental adotado foi completamente casualizado, com três repetições, sendo cada repetição composta por 10 plântulas. As sementes germinaram em câmara de crescimento (BOD) por 48 h, e posteriormente foram transferidas para recipientes contendo solução de cultivo, com capacidade de 1,5 L.

No trabalho foram utilizadas duas metodologias de avaliação da tolerância a toxidez por Al em hidroponia, sendo um protocolo caracterizado pela adoção da solução nutritiva mínima (solução mínima) e o outro com a adoção de solução nutritiva completa (solução completa). No protocolo 'solução mínima' foi utilizado uma solução padrão composta por água destilada e  $50 \text{ mg L}^{-1}$  de Ca (equivalente a  $1.227,3 \text{ } \mu\text{M}$  de cálcio) fornecido na fonte  $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ . As plântulas permaneceram por 72 h em solução nutritiva tratamento, composta pela décima parte da composição padrão da solução (contendo  $5,0 \text{ mg L}^{-1}$  de Ca) e adição de 0, 3, 6 e  $9 \text{ mg L}^{-1}$  de Al, adotando como fonte do íon metálico o sal  $\text{Al}_2(\text{SO}_4)_3 \cdot 18\text{H}_2\text{O}$ . Após este período, as plântulas foram transferidas para a solução mínima padrão, onde permaneceram por mais 96 h. No protocolo 'solução completa' utilizou-se a composição da solução nutritiva proposta por CAMARGO e OLIVEIRA (1981). As plântulas permaneceram por 48 h em solução nutritiva contendo todos os nutrientes, sendo posteriormente transferidas para a solução tratamento, formada pela décima parte da solução inicial e acrescida das doses de 0, 10, 20 e  $30 \text{ mg L}^{-1}$  de Al, fornecido na fonte  $\text{Al}_2(\text{SO}_4)_3 \cdot 14-18\text{H}_2\text{O}$ , onde permaneceram por 48h. Por fim as plântulas foram retornadas para a solução nutritiva inicial, permanecendo por 72 h. O pH das soluções foi corrigido para  $4,0 \pm 0,3$ , com adição de HCl e/ou NaOH  $1 \text{ Mol L}^{-1}$  com os recipientes mantidos em "banho-maria" ( $26 \pm 1^\circ\text{C}$ ) em tanque de hidroponia. As plântulas receberam aeração constante a fim de suprir sua necessidade de oxigênio e foram avaliadas individualmente, mensurados, os caracteres comprimento de raiz (CR), comprimento de raiz efetivo (CRE), retomada do crescimento da raiz (RCR), comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte aérea efetivo (CPAE), comprimento da primeira folha (CPF), comprimento da segunda folha (CSF), comprimento de coleótilo (CC), inserção da primeira folha (IPF), número de raízes (NR), e matéria seca de raiz (MSR) e de parte aérea (MSPA).

Foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre todos os pares de genótipos em cada protocolo de avaliação quanto à toxidez por Al tóxico adotado, considerando o desempenho médio geral dos genótipos de aveia branca, utilizando o programa GENES (CRUZ, 2001). Com base na matriz de dissimilaridade genética gerada, foi construído um dendrograma pelo método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), fazendo uso do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). Foi calculado o coeficiente de correlação cofenética através do Teste de Mantel, e a separação dos grupos de genótipos foi realizada utilizando a dissimilaridade média (SOKAL e ROHLF, 1962). Além disso, foi realizada a identificação da importância relativa de cada caráter na formação dos respectivos agrupamentos segundo SINGH (1981).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando o desempenho médio geral dos genótipos para o conjunto de caracteres avaliados e tendo como parâmetro de separação de grupos a dissimilaridade média (dm), houve a formação de dois grupos distintos de cultivares de aveia branca em cada protocolo avaliado, conforme apresentado na Figura 1. No protocolo 'solução mínima', a cultivar BARBARASUL formou um grupo isolado dos demais genótipos avaliados: UFRGS 14, URS 20, UPFA 22, UPF 18, ALBASUL, os quais constituíram o segundo grupo. Enquanto isso, no protocolo 'solução completa', a URS 20 constituiu um grupo externo das demais cultivares de aveia branca avaliadas. Essa distinção na formação dos diferentes agrupamentos das cultivares de aveia branca em cada protocolo avaliado está intimamente relacionada à

composição da solução nutritiva adotada. No tratamento com a ‘solução mínima’ apenas o cálcio foi fornecido, sendo este nutriente essencial para promover a divisão e formação celular, enquanto que a ‘solução completa’ é formada pelo conjunto de macro e micronutrientes essenciais ao desenvolvimento das plantas, o que possivelmente desencadeou a resposta diferenciada dos genótipos nos distintos ambientes de cultivo. Logo, é esperado o desempenho médio distinto dos genótipos entre os diferentes caracteres de plântula para os protocolos avaliados. No entanto, o protocolo ‘solução mínima’ apresenta a vantagem da facilidade na confecção da solução nutritiva, possui menor custo, além de ser eficiente na caracterização de espécies anuais quanto à toxidez por  $Al^{3+}$  em condições hidropônicas.

Os caracteres relacionados ao desenvolvimento radicular, geralmente constituem as variáveis resposta mais eficientes na caracterização dos genótipos, quanto à sensibilidade ao Al tóxico presente no ambiente de cultivo, pois este elemento tem um efeito principal sobre os ápices radiculares, inibindo o crescimento radicular, além de promover o engrossamento das raízes. Neste sentido, é possível observar que para a formação dos agrupamentos no protocolo ‘solução mínima’ os caracteres CPA, CPF, CR e CPAE foram os que mais contribuíram para a formação dos grupos, enquanto que no protocolo ‘solução completa’ a maior influência foi promovida pelos caracteres CPA, CSF, CPAE e RCR. Desta forma, é possível observar que os caracteres relacionados ao desenvolvimento de raízes NR, CR, CRE e MSR, de forma geral, apresentaram reduzida contribuição na formação dos agrupamentos, sugerindo que a análise conjunta de caracteres não caracteriza a forma mais eficiente para a discriminação de genótipos de aveia branca quanto a toxidez por  $Al^{3+}$  em condições de hidroponia.

## CONCLUSÕES

A composição da solução nutritiva empregada na avaliação de genótipos de aveia branca quanto à tolerância ao Al em hidroponia interfere na dissimilaridade entre genótipos considerando o desempenho geral para os caracteres de plântula.

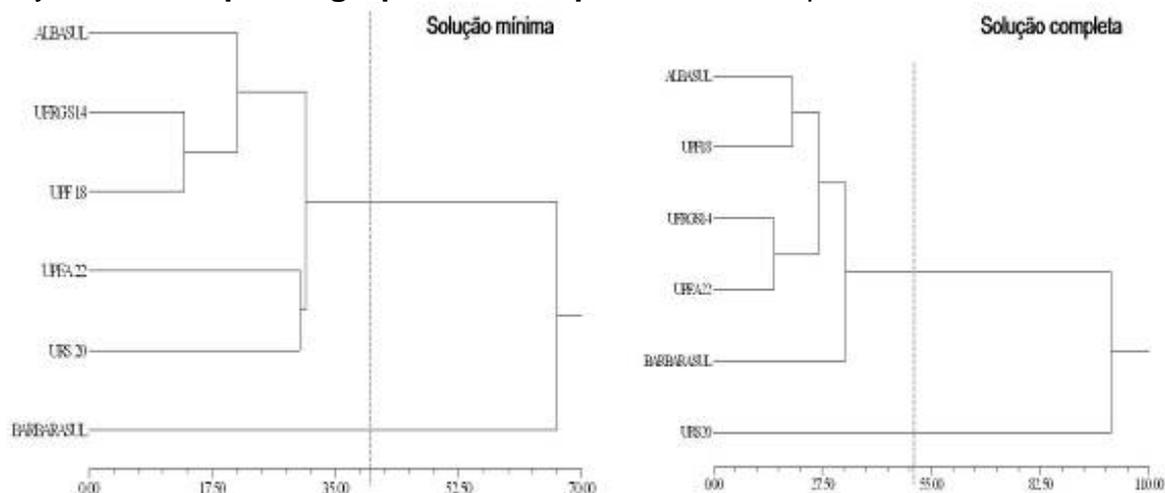
Os caracteres relacionados ao desenvolvimento de raízes apresentam reduzida contribuição na formação dos agrupamentos com a adoção de protocolos baseados tanto em solução nutritiva mínima quanto solução nutritiva completa. Desta maneira, a análise conjunta de caracteres parece não caracterizar a forma mais eficiente para a discriminação de genótipos de aveia branca quanto a toxidez por  $Al^{3+}$  em condições de hidroponia.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CAMARGO, C.E.O.; OLIVEIRA, O.F. Tolerância de cultivares de trigo a diferentes níveis de alumínio em solução nutritiva e no solo. **Bragantia**, Campinas, v.40, n.3, p.21-31, 1981a.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes – versão Windows 2001.0.0**. Viçosa: Editora UFV, 648p., 2001.
- HARTWIG, I. et al. Mecanismos associados à tolerância ao alumínio em plantas. **Ciências Agrárias**, Londrina, v.28, n.2, p. 219-228, 2007.
- ROHLF, F.J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. version 2.1**. Exeter Software, New York, 38p. 2000.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, n.2, p.237-245, 1981.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy** 11: 33-40. 1962.

SPEHAR, C.R.; SOUZA, L.A.C. Selection for aluminum tolerance in tropical soybeans. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.36, n.1, p.1-6, 2006.



**Figura 1.** Dendrogramas representativos da dissimilaridade genética baseados na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), obtidos com a adoção do método de agrupamento UPGMA, considerando a análise conjunta dos caracteres de plântula mensurados em cultivares de aveia branca avaliadas quanto a toxidez por alumínio em solução mínima ( $dm = 40,18$ ;  $r = 0,75$ ) e em solução completa ( $dm = 51,86$ ;  $r = 0,88$ ). Pelotas, FAEM/UFPeI, 2010.

**Tabela 1.** Importância dos caracteres de plântula na análise de diversidade entre genótipos de aveia branca submetidos ao estresse por alumínio em cultivo hidropônico, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Pelotas, FAEM/UFPeI, 2010.

CARÁTER	Contribuição relativa para a diversidade entre genótipos (%)	
	Solução mínima	Solução completa
NR	0,456	6,713
RCR	3,205	11,124
CR	13,777	5,311
CRE	2,138	5,483
CPA	31,583	28,063
CPAE	8,576	14,805
CPF	26,127	1,621
CSF	1,941	18,080
IPF	4,256	4,341
CC	2,574	0,219
MSR	0,596	1,144
MSPA	4,585	3,090

NR= Número de raízes; RCR= Retomada do crescimento da raiz; CR= Comprimento de raiz; CRE= Comprimento de raiz efetivo; CPA= Comprimento de parte aérea; CPAE= Comprimento de parte aérea efetivo; CPF= Comprimento de primeira folha; CSF= Comprimento de segunda folha; IPF= Inserção de primeira folha; CC= Comprimento do coleóptilo; MSR= Matéria seca de raiz; MSPA= Matéria seca de parte aérea.