

## Principais genes envolvidos na resistência genética de trigo à giberela (*Gibberella zeae*)

Patrícia Frizon<sup>(1)</sup>, Sandra Patussi Brammer<sup>(2)</sup> e Maria Imaculada Pontes Moreira Lima<sup>(3)</sup>

<sup>(1)</sup>Engenheira-agrônoma, bolsista Apoio Técnico CNPq. <sup>(2)</sup>Pesquisadora da Embrapa Trigo, orientadora, Passo Fundo, RS. <sup>(3)</sup>Pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

**Resumo** – Giberela é uma das principais doenças fúngicas do trigo. Além de reduzir a produtividade, pode produzir micotoxinas que acometem a qualidade dos grãos, bem como riscos para a saúde humana e animal. A forma mais econômica e sustentável do controle da doença é através da resistência genética. No entanto, verifica-se, que para o patossistema giberela x trigo, o nível de resistência das cultivares disponíveis no mercado não é satisfatório, pois ainda não existem cultivares de trigo com resistência completa ou imunes à doença. Compreender a resposta de defesa da planta e os mecanismos genéticos que conferem resistência à infecção por *Fusarium graminearum*, principal agente causal da giberela, auxiliará na manipulação genética mais precisa para o controle da doença. A resistência ao *Fusarium* spp. é controlada pelos efeitos combinados de vários *locus* quantitativos (QTL), pelo ambiente e interação entre QTLs e meio ambiente. O objetivo do trabalho foi a identificação, na literatura científica, dos principais genes envolvidos e sua localização cromossômica em *Triticum aestivum*, destacando-se: Fhb1 (3B), Fhb2 (6B), Fhb3 (7L), Fhb4 (4B), Fhb5 (5A), Fhb6 (1A), Fhb7 (7D). Ressalta-se que, além da identificação dos genes, inúmeros são os esforços das diferentes instituições de pesquisas, quanto às principais fontes de resistência e a relação do fungo causador da giberela com a produção de micotoxinas. Portanto, estudos genético-moleculares permitirão a compreensão dos mecanismos envolvidos na complexa interação gênica desse patossistema.

**Termos para indexação:** *Triticum aestivum*, *Fusarium graminearum*, QTL

**Apoio:** Embrapa e CNPq