

HAPLODIPLOIDIZAÇÃO E ELETOFORESE DE GLUTENINAS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE TRIGO. Pedro Luiz Scheeren, Maria Irene Baggio de Moraes-Fernandes, Sandra P. Brammer, João Carlos Haas, Márcia de Fátima Schleder e Gelsi Galon, EMBRAPA-CNPT, Passo Fundo, RS.

A haplodiploidização no melhoramento genético de cultivares de trigo tem como objetivo principal a redução do tempo necessário para atingir a homozigose. No Centro Nacional de Pesquisa de Trigo (CNPT), da EMBRAPA, a haplodiploidização está sendo incorporada ao programa de melhoramento como técnica de aplicação de rotina no desenvolvimento de germoplasma básico. Em trigo, a técnica de cultura de anteras (androgênese), antes intensamente utilizada no CNPT (1980-1995), foi substituída pelo processo de polinização de trigo x milho (gimnogênese). Esse processo, baseado na eliminação somática, utilizando híbridos de milho, apresentou resultados superiores ao da androgênese na produção de linhagens duplo-haplóides, justificando, assim, a alteração de metodologia. A partir dos resultados iniciais, obtidos em 1994, com 71 linhagens duplo-haplóides (DH) e mais 272 genótipos DH em 1995, a aplicação da técnica passou a ser intensificada em 1996, chegando-se, ao final do ano, com 933 espigas emasculadas, totalizando 26.344 flores polinizadas, em 114 combinações correspondentes a plantas de populações F₁, F₂ ou F₃ cruzadas com milho. Como resultado, foram resgatados 3.220 embriões normais, dos quais estão sendo regeneradas plântulas e duplicado o genoma para se tornarem férteis e produzirem sementes viáveis. Ao mesmo tempo, foram multiplicadas as sementes das linhagens DH obtidas no inverno de 1995 e no verão 95/96, totalizando 568 linhagens, as quais foram avaliadas por eletroforese de gluteninas, sendo eliminadas 166 linhagens por apresentarem indesejável combinação de bandas. As 402 linhagens restantes serão avaliadas em campo, em 1997, sendo que, dentre essas, 51 linhagens apresentaram a combinação de três bandas indicativas de boa qualidade panificativa.

Auxílio financeiro: FAPERGS, FINEP, CNPq-RHAE.

CARBON AND NITROGEN ASSIMILATING ENZYMES OF MAIZE HYBRIDS REPRESENTING SEVEN ERAS OF BREEDING. A.A.C.

Purcino, C. Arellano, G.S. Athwal, S.C. Huber. Núcleo de Biologia Aplicada, CNPMS/EMBRAPA, Sete Lagoas-MG, 35701-970; USDA/ARS 3127 Ligon Street, Raleigh, NC 27695-7631.

The objective of this study was to determine possible changes in the carbon and nitrogen metabolism of 14 maize era hybrids released between 1930-1990. Genetic gain for yield in these hybrids was 70 kg/ha/year. Plants fed 1.6 mM NO₃⁻ had nitrate reductase activity (NRA) comparable to plants fed 16 mM NO₃⁻ but did not sustain maximum NRA, and had inhibited growth. Nitrate reductase (NR) and sucrose phosphate synthase (SPS) activities were not related to year of hybrid release but the activation states of NR under low nitrate, and of SPS under high nitrate, increased up to 1970 then leveled off. This suggests a trend towards increased efficiency for both NO₃⁻ reduction in low nitrate plants, and sucrose synthesis in high nitrate plants. Glutamine synthetase isoforms GS1 and GS2 did not respond to NO₃⁻ supply and were not related to year of hybrid release. Low nitrate plants had more GS1 protein than high nitrate plants. Furthermore, in these plants, GS1 protein correlated negatively to NRA, indicating that its role was to remobilize N compounds. Phosphoenolpyruvate carboxylase (PEPC) activity responded to increased NO₃⁻ supply and increased up to 1970's, declining thereafter. In most hybrids, PEPC specific activity was higher in the high nitrate plants. The specific activities of NR, SPS and GDH tended to be lower in high nitrate plants, although SPS and GDH activities, on a g fresh weight basis, responded to increased nitrate supply. These observations support the hypothesis that PEPC protein is preferentially increased during the establishment of the C4 syndrome. GDH activity declined over the last 70 years in the low nitrate plants. A negative correlation was found between GDH specific activity and GS2 protein in the high nitrate plants. Collectively, these data indicated that increased efficiency for nitrate reduction, primary carbon fixation and sucrose syntheses were observed in hybrids released between 1930-1970.

Financial support: EMBRAPA, CNPq/RHAE, FAPEMIG

SELEÇÃO DE CALOS RESISTENTES AO METOMIL E REGENERAÇÃO DE PLANTAS EM MILHO (*Zea mays* L.) COM CITOPLASMA TEXAS. L.L. Castro, E.S. Sekine, A.J. Prioli, DBC-UEM, Maringá-PR, L.M. Prioli, CBMEG-UNICAMP, Campinas-SP.

Em milho a esterilidade masculina citoplasmática Texas (*cms-T*) é estabelecida pelo gene mitocondrial *T-urf13*, que codifica a proteína URF13 de 13 kDa. A associação entre a *cms-T*, a susceptibilidade à toxina T produzida pelo fungo *Bipolaris maydis* raça T e o inseticida metomil tornou a *cms-T* inutilizável para fins agrônômicos. A seleção de calos *cms-T* resistentes e a regeneração de plantas macho estéreis e resistentes ao metomil constituíram os objetivos desta fase do trabalho. No ano agrícola de 95/96 foram inoculados 11.561 embriões imaturos de milho de 3 genótipos em meio de cultura de indução. Após 30 dias os calos foram repicados e transferidos para meio de cultura de indução suplementado com 0,65 mM de metomil. Depois de 20 dias os setores sobreviventes foram transferidos para meio de cultura de indução com 0,65 mM de metomil e expostos à luz. Após clorofilarem, os calos foram transferidos para meio de regeneração. Foram obtidos 340 calos resistentes e um total de 11 plantas foram regeneradas. No ano agrícola de 96/97 foram inoculados em meio de cultura de indução 3.149 embriões imaturos de 9 genótipos e foram estabelecidas 203 linhagens de calos. Os demais calos foram tratados com 0,65 mM de metomil e 337 apresentaram resistência, sendo transferidos para a luz. Destes, 18 clorofilaram e foram para meio de regeneração. A resistência ao metomil dos calos que originaram as plantas pode ser resultado de mutação ou deleção do gene *T-urf13*, que determina se as plantas continuam macho estéreis ou não, o que vai ser constatado na época do florescimento das plantas regeneradas transferidas para casa de vegetação. As análises moleculares posteriores do DNA mitocondrial dos mutantes esclarecerão quais foram as alterações no gene *T-urf13*.

Auxílio Financeiro: CNPq

EXPRESSION OF PISTIL-SPECIFIC PROTEINS ASSOCIATED WITH SELF-INCOMPATIBILITY ALLELES IN YELLOW PASSION FRUIT (*Passiflora edulis* Sims. f. *flavicarpa* Deg.). Mailson M. Rêgo¹ Fernando L. Finger² & Cláudio H. Bruckner².

¹ Univ. Fed. de Roraima. ²DFT/UFV.

The self-incompatibility is genetically controlled by a single multiallelic locus, the S-locus. The products of these alleles, in both pistil and pollen, interact in an unknown manner to elicit a series of biochemistry and physiological responses. These changes lead to the inhibition of either germination or the growth of the pollen tube, however allows the growth of non-self pollen tubes in order to complete fertilization. Thus, the objective of this work was to identify S-proteins expressed in the pistil and if they co-segregate with self-incompatibility S-alleles. Flowers tissues in different bud-stages and at anthesis of plants with different S-alleles were analyzed at temporal and spatial expression of S-allele. The tissues were homogenated and subjected 7,5% SDS-PAGE. Proteins associated with four different S-alleles of the self-incompatibility locus have been identified, which co-segregated with their respective S-alleles. The molecular weight of the peptides were designed S₂, S₃, S₄, and S₆ with 113 kDa, 115 kDa, 111 kDa and 109 kDa, respectively. These peptides were present only in the stigma and style, where their maximum expression was reached at one day before anthesis.