

## Aplicações de marcadores protéicos de gluteninas no melhoramento de trigo

Torres, G.A.M.<sup>1</sup>; Simioni, A.<sup>2</sup>; Consoli, L.<sup>1</sup>; Tonon, V.D.<sup>3</sup>; Guarienti, E.M.<sup>1</sup>; (1) Embrapa Trigo, Passo Fundo, [gtorres@cnpt.embrapa.br](mailto:gtorres@cnpt.embrapa.br), pesquisador; (2) Universidade de Passo Fundo, estagiária da Embrapa Trigo, bolsista PIBIC-CNPq; (3) Pesquisador, Fundacep Fecotrigo.

Gluteninas constituem uma das classes de proteínas do glúten. As gluteninas são classificadas em de alto (HMW-GS) e de baixo peso molecular (LMW-GS). As HMW-GS são codificadas por seis genes localizados em três locos gênicos: *Glu-A1*, *Glu-B1* e *Glu-D1*. Elas apresentam forte associação à qualidade panificativa do trigo. Este trabalho teve como objetivo determinar os alelos de HMW-GS de cinco cultivares de trigo para seleção de genitores de populações segregantes a serem usadas no estudo de herança genética de caracteres relacionados à qualidade panificativa. Foram analisados, individualmente, cinco grãos de cada cultivar de trigo, que foram denominadas arbitrariamente de cultivar 1 a cultivar 5. As proteínas de reserva do trigo foram extraídas segundo método descrito por Singh *et al.* (1991) com modificações. Os extratos de gluteninas foram aplicados em géis SDS-PAGE. Após eletroforese, os géis foram corados com soluções de Coomassie Brilliant Blue R250 e G250 (Blakesley & Boezi, 1977). Os géis foram digitalizados e o perfil de gluteninas, estabelecido. A leitura dos perfis foi feita pela comparação da posição relativa das bandas de cada genótipo analisado com bandas de cultivares de trigo cujo perfil é internacionalmente conhecido (Payne & Lawrence, 1983). As cinco cultivares apresentaram o alelo *Glu-A1b* (2\*). Quatro delas apresentaram o alelo *Glu-D1d* (5+10), e somente a cultivar 4 apresentou o alelo *Glu-D1a* (2+12). Os alelos *Glu-A1b* e *Glu-D1d* são relatados na literatura como estando associados à boa qualidade panificativa de cultivares de trigo. O loco *Glu-B1* foi o que apresentou maior variabilidade: as cultivares 1 e 2 apresentaram o alelo *Glu-B1c* (7+9); a cultivar 3, *Glu-B1b* (7+8) e a cultivar 4, *Glu-B1f* (13+16). Para a geração de populações segregantes com fins de estudo do efeito destas proteínas sobre a qualidade panificativa das linhagens, poderia ser eleita a cultivar 1 ou a 2, pois estas apresentam a mesma composição em HMW-GS. Cruzando-se uma destas cultivares com a de número 4, seria possível a análise do efeito dos locos *Glu-B1* e *Glu-D1* sobre a qualidade panificativa. É interessante notar que a cultivar 5 teve três dos seus grãos com o alelo *Glu-B1b* (7+8) e os dois outros com o alelo *Glu-B1i* (17+18). Como os locos de cada um dos grãos analisados encontravam-se em homozigose, este resultado seria indicativo da presença na amostra analisada desta cultivar de dois genótipos distintos quanto à composição em HMW-GS (biotipos), ou da presença de mistura varietal. A divergência entre os grãos da cultivar 5 pôde ser, igualmente, observada no tocante ao perfil de LMW-GS. Para a maioria dos trigos cultivados hexaplóides, podem ser identificadas de 3 a 5 HMW-GS. No presente estudo, utilizando-se farinhas obtidas a partir de grãos individuais foi possível identificar, entre os grãos analisados da cultivar 2, um que apresentava a presença simultânea dos alelos *Glu-D1a* e *Glu-D1d*, indicando a presença de heterozigose. Este trabalho, além da determinação dos alelos de HMW-GS, evidencia três usos aplicados deste tipo de análise: 1) a escolha de genitores para cruzamentos visando o estudo da herança genética de caracteres relacionados à qualidade panificativa de trigo; 2) a detecção de mistura varietal; 3) a identificação de plantas heterozigotas. Os três usos citados podem servir como ferramentas de apoio a programas de melhoramento genético de trigo.