

## ANÁLISE DE GLUTENINAS DE ALTO PESO MOLECULAR COMO MÉTODO COMPLEMENTAR PARA DETERMINAÇÃO DA HOMOGENEIDADE E DETECÇÃO DE MISTURAS EM AMOSTRAS DE GENÓTIPOS DE TRIGO

**Camila Vancini<sup>1</sup>; Gisele Abigail Montan Torres<sup>2,3</sup>; Luciano Consoli<sup>2</sup>; Magali Ferrari Grando<sup>4</sup>; Fabiano Daniel De Bona<sup>2</sup>**

*<sup>1</sup>Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia-UPF. <sup>2</sup>Pesquisador(a) da Embrapa Trigo.*

*<sup>3</sup>Co-orientadora. <sup>4</sup>Profa. Dra da Universidade de Passo Fundo, orientadora.*

O termo cultivar indica um grupo de plantas com características homogêneas que deve se diferenciar de outras cultivares para ser considerada nova e ainda ser passível de multiplicações seguidas sem se descaracterizar. Estas características são avaliadas nos testes de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade (DHE). Nos testes de DHE, por dois anos consecutivos, 40 plantas entre 2000 (2%) são avaliadas quanto a descritores morfológicos, biológicos e quanto a características de reação a doenças e usos finais pela indústria. Gluteninas de alto peso molecular (HMW-GS) são empregadas internacionalmente como marcadores genéticos servindo à identificação de cultivares de trigo. No Brasil, esses marcadores estão na lista de informações opcionais. O objetivo deste trabalho foi o de se avaliar a análise de gluteninas como método complementar à determinação da homogeneidade de uma linhagem de trigo e o seu potencial na detecção de misturas em amostras. Grãos da cultivar BRS Guamirim foram misturados a lotes de grãos da cultivar BRS Marcante e a lotes de grãos da cultivar BRS Guaraim, em proporções de 10%, 5%, 3,3% e 2,5%, simulando a análise de uma linhagem entre F5 e F6, respectivamente com 3,1% e 1,6% de heterozigose. Foi realizada a obtenção da farinha e a extração das proteínas de reserva, com três repetições por tratamento. As gluteninas foram analisadas em géis SDS-PAGE e quantificadas com auxílio do software Quantity One (BioRad). Bandas contaminantes puderam ser identificadas com o uso da análise de HMW-GS. Foi possível identificar bandas contaminantes no menor nível de contaminação (2,5%), indicando que neste trabalho não foi atingido o limite de detecção da técnica. Níveis inferiores de contaminação deverão ser analisados nos próximos experimentos. Dependendo do perfil de HMW-GS foi, inclusive, possível chegar-se a uma correlação entre a quantificação da intensidade das bandas nos géis e a proporção de grãos contaminados.

**Palavras-chave:** proteínas de reserva, DHE, identificação varietal.

**Apoio:** Embrapa (02.14.10.001.00.03.004).