¹GOOD-GOD, P.I.; ^{1,2}BARROS, E.G.; ^{1,3}MOREIRA, M.A.
¹BIOAGRO/ ²DBG/ ³DBB-UFV. schuster@alunos.ufv.br

O teor de proteína é uma das principais características associadas à qualidade dos grãos de soja, e os programas de melhoramento têm se preocupado cada vez mais com a associação entre qualidade de grão e produtividade. Métodos convencionais de análise do teor de proteína são destrutivos, e por este motivo, cada ciclo de retrocruzamento demanda até quatro gerações. Os objetivos deste trabalho foram: i) selecionar sementes com alto teor de proteína na geração F₂ utilizando micro-análise não destrutiva de sementes individuais e ii) utilizar marcadores moleculares para selecionar plantas geneticamente mais próximas dos progenitores recorrentes, para retrocruzamento. Foram utilizadas sete populações F₂ de soja, para iniciar um programa de retrocruzamento. A estimativa do teor de proteína foi feita individualmente em cada semente F₂ pelo método do Ácido Bicinconínico, e 10% das sementes com maior teor de proteína foram selecionadas e plantadas para produzir a geração seguinte. Nestas plantas foi estimada a distância genética em relação ao progenitor recorrente, em cada população. Destas, 3-4 plantas com elevado teor de proteína, e geneticamente mais próximas dos progenitores recorrentes foram retrocruzadas. O teor de proteína das plantas selecionadas para retrocruzamento foi determinado em amostras de sementes F₃ pelo método de Kjeldhal. Nas sete populações, os ganhos para teor de proteína variaram de 8,1 a 34,9% em relação aos progenitores recorrentes. Progenitores recorrentes com teores mais elevados de proteína permitiram ganhos menores. A utilização de micro-análises estima o teor relativo de proteína de sementes individuais, possibilitando que estas sementes possam ser cultivadas para produzir a geração seguinte. O método é mais eficiente em classificar os extremos. A utilização de uma população relativamente grande associada a intensidade de seleção não rigorosa permite selecionar, entre as plantas com maior teor de proteína, aquelas geneticamente mais próximas do progenitor recorrente. Os ganhos obtidos confirmam a eficiência do método. As distâncias genéticas médias entre as plantas selecionadas e os progenitores recorrentes ficaram entre 36 a 48%. Sementes F₂ apresentam, em média, distância de 50% em relação aos progenitores, sendo possível, no entanto, encontrar algumas bastante próximas e outras bastante divergentes de qualquer um deles. As sementes selecionadas para alto teor de proteína tendem a ser mais divergentes geneticamente do progenitor recorrente que possui menor teor de proteína, pois a seleção para esta característica envolve genes localizados em vários cromossomos. Associando-se micro-análise de sementes e estimativas da distâncias genéticas de cada planta da população segregante em relação ao progenitor recorrente, pode-se diminuir em muitas gerações a recuperação de genótipos produtivos com elevado conteúdo de proteína. Órgão Financiador: PADCT/COODETEC e CNPq

GMV039 - MULTIPLE DELETIONS BETWEEN *trnE* AND *trnT* PLASTID CODING REGIONS MAY BE AN EVOLUTIONARY MARKER AMONG SOLANACEAE SPECIES. BERGER, I.J.; CARRER, H. Centro de Biotecnologia Agrícola (CEBTEC)/ESALQ/USP - E-mail: ijberger@carpa.ciagri.usp.br

Sequencing and mapping analysis of PstI/Sall tomato chloroplast fragments revealed a 437 bp deletion between *trnE* and *trnT* coding regions which is not present in the tobacco chloroplast genome (GenBank/EMBL/DDBJ #Z00044). The tobacco fragment has 848 bp while the tomato has only 411 bp. Once plastid identity among related species is often very high and both tomato and tobacco belong to the *Solanaceae* family, it was hypothesized that the tomato deletion could be a marker and not only an isolated occurrence during plastid evolution within the family. To test such hypothesis total DNA was isolated from cultivated tomato (*Lycopersicon esculentum* cv. IAC-Santa Clara and Mareynaher), peruvian tomato (*L. peruvianum*), potato (*Solanum tuberosum*), tobacco (*Nicotiana tabacum*), eggplant (*Solanum melongena*), "jiló" (*Solanum gilo*), bell-pepper (*Capsicum annuum*), pepper (*Capsicum frutescens*), black nightshade (*Solanum nigrum*) and petunia (*Petunia sp.*) by the Wizard[®] Genomic DNA Purification Kit (Promega). The fragments from all species were amplified by PCR using two specific primers including *trnE* (5') and *trnT* (3') coding regions which are 100% homologous to tobacco and tomato. Gel analysis suggests that different tomato species have identical fragments size which are the smallest among the solanaceae species tested showing 580 bp. The potato fragment has about 600 bp which seems to be closely related to the tomatoes. Eggplant and "jiló" are highly related in leaf morphology and show identical fragments size with 760 bp. Alike, bell-pepper and pepper fragments have 765 bp. Petunia and black nightshade fragments also have the same size, 1050 bp, being very close to tobacco (1000 bp). In conclusion, data suggest that progressive deletions between *trnE* and *trnT* plastid coding regions may represent a marker among *Solanaceae* species during its evolution and speciation.

GMV040 - IDENTIFICAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS DURANTE A SECA EM CULTIVARES DE SOJA (GLYCINE MAX L. MERRILL). CASAGRANDE, E.C.1.; NEPOMUCENO, A.L.2.; FARIAS, J.R.B.3.; NEUMAIER, N.2.; OYA T.2.; PEDROSO, J.C.1.1- Mestrado em Genética e Melhoramento - UEL - EMBRAPA. 2- Embrapa-soja. CP.231 - CEP : 86001-970, Londrina-PR. E-mail: elaine@cnpso.embrapa.br

A água constitui aproximadamente 90% do peso da planta, atuando em praticamente todos os processos fisiológicos e bioquímicos. O crescimento e a produção de plantas são muito afetados por estresses ambientais, como a

seca. Uma das principais causas da variação da produtividade da soja no Brasil e no mundo tem sido a ocorrência de déficits hídricos. Como o custo de irrigação é elevado, o desenvolvimento de cultivares tolerantes à seca é uma opção mais acessível ao produtor. Mudanças morfológicas, fisiológicas e de desenvolvimento de plantas apresentam bases molecular e genética. Portanto, a caracterização de genótipos tolerantes ou sensíveis ao déficit hídrico é um pré-requisito para seleção e manipulação genética de tolerância à seca. No presente trabalho, os genótipos de soja (BR-16, BR-04 e Conquista) foram caracterizados em relação às suas respostas fisiológicas e agrônômicas, quando submetidos ao déficit hídrico. Taxa fotossintética, teor relativo de água, resistência estomatal e características agrônômicas foram alguns dos parâmetros usados antes do início de sua caracterização molecular. Esses parâmetros permitiram classificar BR-04 e Conquista como cultivares que toleram períodos maiores de estresse hídrico, enquanto que a cultivar BR-16 não. Para a caracterização molecular, os genótipos tolerantes e sensíveis, após submetidos a um estresse hídrico pré-estabelecido, tiveram suas folhas coletadas para a extração de RNA total. O RNA total oriundo de cada tratamento foi analisado com a técnica "Differential Display", que subdivide o RNA total em subpopulações de mRNA que podem ser visualizados em géis de poli(acrilamida), na forma de DNA complementar (cDNA). Após separação em géis de poli(acrilamida), 25 bandas de cDNAs diferencialmente expressas foram identificadas, extraídas, clonadas, seqüenciadas e analisadas com relação à sua homologia. Apenas uma banda de cDNA apresentou alta homologia com genes conhecidos. A identificação de genes diferencialmente expressos em resposta a estresses bióticos e abióticos pode ser utilizada na análise de germoplasma, em estudos de fisiologia vegetal, mapeamento molecular e em transformações gênicas de características de tolerância à seca. APOIO FINANCEIRO: EMBRAPA, CAPES, CNPq e JIRCAS.

GMV041 - IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE QUITINASES EM CEVADA E NO FUNGO MICOPATOGÊNICO TRICHODERMA. NONOHAY, J.S.¹; TURQUETI, A.A.¹; MATSUMURA, A.T.S.²; PASQUALI, G.³ E WINGE, H.¹
¹Dep. de Genética - IB, CP 15053, 91501-970, ²Dep. de Fitossanidade - Fac. de Agronomia e ³Dep. de Biologia Celular e Biotecnologia. UFRGS, Porto Alegre, RS. jnonohay@if.ufrgs.br; winge@ufrgs.br

Esta pesquisa visa a obtenção de plantas de cevada (*Hordeum vulgare* vulgare) geneticamente modificadas que apresentem resistência ao fungo fitopatogênico *Bipolaris sorokiniana*. Desta forma, isolados de *B. sorokiniana* e do fungo micopatogênico *Trichoderma* sp., antagonista de *B. sorokiniana*, foram obtidos para a realização de ensaios de antagonismos in vivo e in vitro entre os mesmos e para a identificação, isolamento e caracteri-

zação de gene(s) codificante(s) de quitinase(s) potencialmente capaz(es) de conferir resistência a *B. sorokiniana*. Para este último propósito, DNA total de plantas de cevada germinadas in vitro e do fungo micopatogênico *Trichoderma* foram extraídos para amplificação de fragmentos de genes codificantes de quitinases, através de reações da DNA polimerase em cadeia (PCR). Nessas reações foram utilizados oligonucleotídeos representando seqüências conservadas de genes codificantes de quitinases, sintetizados conforme seqüências disponíveis no EMBL/GenBank. Como resultados, dois fragmentos de aproximadamente 800 e 500 pb foram amplificados do genoma de cevada, e um fragmento com aproximadamente 500 pb foi amplificado do genoma de *Trichoderma*. Estes fragmentos estão sendo seqüenciados, para confirmação de sua identidade. Ao ser confirmada a identidade dos fragmentos, os mesmos serão isolados e caracterizados nos genomas dessas espécies, para que suas regiões codificantes sejam clonadas em vetores plasmidiais, contendo promotores para a expressão gênica em plantas. Apoio financeiro: CNPq, Convênio UFRGS/ Maltaria Navegantes - C.C. Brahma e FAPERGS.

GMV042 - MAPEAMENTO DE QTLs DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM SOJA. OLIVEIRA, D.A.¹; BASTOS, T.C.S.¹; SCHUSTER, I.¹; GOOD-GOD, P.I.¹; PIOVESAN, N.D.¹; BARROS, E.G.^{1,2}; MOREIRA, M.A.^{1,3} ¹BIOAGRO/²DBB/ ³DBG - Universidade Federal de Viçosa (UFV). dalves@mail.ufv.br

O mapeamento de QTLs é a primeira etapa para a implantação da seleção assistida por marcadores moleculares nos programas de melhoramento de plantas. Além de identificar marcadores associados a QTLs que controlam características de interesse, o mapeamento permite entender as relações existentes entre diferentes características. Com o objetivo de selecionar marcadores para a utilização na seleção assistida, foi iniciado um programa de mapeamento de características quantitativas em soja, utilizando marcadores microssatélites. Uma população de 118 linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) derivada do cruzamento entre as variedades Barc-8 e Garimpo foi cultivada em dois locais, e características associadas a ciclo, produção de grãos e teor de proteína nos grãos foram avaliadas. O DNA obtido a partir de folhas de cada linha foi amplificado com primers microssatélites heteromórficos entre os progenitores. Características quantitativas foram mapeadas utilizando mapeamento de intervalos composto. Foi obtido um mapa com 16 grupos de ligação e detectadas regiões cromossômicas associadas a todas as características avaliadas. Dois tipos de QTLs foram identificados: QTLs estáveis, que mapeiam no mesmo loco em ambos os ambientes, e QTLs ambiente-específicos. QTLs estáveis foram identificados para teor de proteína nos grãos de soja (grupos de ligação C1 e E), peso de 100 grãos (C1) e número de vagens por planta