

29. Genótipos de trigo e sua composição em gluteninas de alto e baixo peso molecular

Torres, G. A. M.¹; Consoli, L.²; Tomazin, T.³; Costa, L. F. M. M.²; Albuquerque, A. C. S.²; ⁽¹⁾ Embrapa Trigo, Rodovia BR 285, km 294, Caixa Postal 451, CEP 99001-970, Passo Fundo, RS, gtorres@cnpt.embrapa.br; ⁽²⁾ Embrapa Trigo, Passo Fundo; ⁽³⁾ UPF, estagiária da Embrapa Trigo.

O melhoramento genético de trigo visa à obtenção de genótipos que possuam, além de características como alto rendimento e resistência a doenças, adequação para determinado produto final. A qualidade tecnológica depende de várias características, e muitas delas são inerentes a cultivar de trigo considerada. Variações da qualidade de panificação entre cultivares de trigo têm sido explicadas pela variação na composição de gluteninas. As gluteninas – uma das classes de proteínas de reserva do trigo – são classificadas em gluteninas de alto (HMW-GS) e baixo (LMW-GS) peso molecular. O objetivo deste trabalho foi o de caracterizar linhagens do programa de melhoramento genético de trigo da Embrapa quanto à composição em gluteninas. A extração de proteínas foi realizada a partir da farinha obtida da maceração do endosperma dos grãos, segundo protocolo adaptado de Singh *et al.* (1991). As gluteninas foram analisadas em géis de poliacrilamida na presença de dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE). A designação das sub-unidades de HMW-GS de cada linhagem de trigo foi feita com base na comparação de perfil com cultivares internacionalmente conhecidas. Aproximadamente, 75% dos genótipos de trigo analisados apresentaram, no loco *Glu-A1*, o alelo 2*, relatado freqüentemente na literatura mundial como estando relacionado à boa qualidade panificativa. A análise de HMW-GS vem sendo há muito tempo empregada no laboratório do Núcleo de Biotecnologia Aplicada a Cereais de Inverno (NBAC) da Embrapa Trigo. Recentemente, foi estabelecida a metodologia de extração das LMW-GS e o uso dos respectivos perfis protéicos nas análises. Enquanto as HMW-GS são codificadas por seis genes distribuídos em 3 locos *Glu-1*, situados nos braços longos dos cromossomos 1A, 1B e 1D (loco *Glu-A1*, *Glu-B1* e *Glu-D1*, respectivamente), as LMW-GS são codificadas por dezenas de genes, aumentando a capacidade discriminativa destas análises. No momento, estudos vêm sendo conduzidos no intuito de se avaliar a eficiência deste tipo de análise para a determinação de pureza varietal. A implementação de protocolos padronizados e sua utilização em rotina no NBAC abrem novas perspectivas para o emprego da análise de proteínas de reserva como ferramenta de apoio ao programa de melhoramento genético de trigo da Embrapa. Dando continuidade a este trabalho, pretende-se estudar a associação das proteínas de reserva com parâmetros de qualidade tecnológica numa coleção nuclear de trigo.

Apoio Financeiro: FINEP e bolsa PIBIC-CNPq.

Referência bibliográfica

SINGH, N.K.; SHEPHERD, K. W.; CORNISH, G. B. A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin. *Journal of Cereal Science*, v. 14, p. 203-208, 1991.