

DIVERSIDADE ALÉLICA DO GENE *VP-1B* NA COLEÇÃO NUCLEAR DE TRIGO E SUA RELAÇÃO COM GERMINAÇÃO PRÉ-COLHEITA

Carvalho, A. Z.¹; Consoli, L.²; Bonow, S.²; Pereira, J. F.³; Scheeren, P. L.²; Caierão, E.²; Só e Silva, M.²; Peters, J. A.⁴; Bianchi, V. J.⁵; Barichello, D.⁵

A germinação pré-colheita é um sério problema à cultura do trigo, reduzindo a qualidade e o valor econômico dos grãos. Sendo assim, o desenvolvimento de cultivares tolerantes é desejado. Um dos genes relacionados com a tolerância à germinação pré-colheita em trigo é o *Vp-1B*, para o qual existem diferentes alelos utilizados na caracterização e com potencial uso na seleção de genótipos. O objetivo do trabalho foi conhecer a diversidade de alelos *Vp-1B* e sua relação com a tolerância para o caráter germinação pré-colheita em 227 genótipos da coleção nuclear utilizada no programa de melhoramento de trigo. Para isso, foi realizada a amplificação de um fragmento PCR com *primers* específicos para o gene *Vp-1* localizado no cromossomo 3BL. Devido a diferença de tamanho entre alguns alelos e visando a identificação de polimorfismos de base única (SNPs), os fragmentos de PCR foram sequenciados com o Kit Big Dye Terminator v3.1 no sistema ABI 3100 (Applied Biosystems). A edição e o alinhamento das sequências foram feitas no programa Staden Package e a caracterização dos alelos no programa Tassel. Foram observados cinco haplótipos (alelos), com variação de quatro regiões indel (inseções e deleções) e a presença de três SNPs. O alelo *Vp-1Ba* (652pb) apresentou frequência de 38%; *Vp-1Bb* (845pb) frequência de 3%; *Vp-1Bc* (569pb) frequência de 40% e *Vp-1Bd* (627pb) frequência de 6%. O alelo *Vp-1Be* (573pb), recentemente identificado, apresentou frequência de 13%. Para a fenotipagem foi utilizado o índice de germinação (IG7), obtido pela fórmula proposta por Walker-Simmons (1988), e o índice visual de germinação na espiga (IV). Uma avaliação fenotípica preliminar foi realizada para 145 genótipos da coleção, plantados em telado em 2008, e o trabalho será repetido e complementado com a inclusão dos demais genótipos plantados no campo em 2009. Após a fenotipagem completa poderá ser feita a associação entre os genótipos e os fenótipos observados.

¹ Acadêmico do Programa de Pós-Graduação, Universidade Federal de Pelotas.

² Pesquisador da Embrapa Trigo, *orientador.

³ Analista da Embrapa Trigo.

⁴ Professor da Universidade Federal de Pelotas.

⁵ Acadêmica do curso de Ciências Biológicas, Universidade Passo Fundo.