



VEGETAIS

VIABILIDADE POLÍNICA, SIMILARIDADE GENÉTICA E COMPOSIÇÃO DE SUBUNIDADES DE GLUTENINAS DE ALTO PESO MOLECULAR

EM *Riticum tauschii*

Sandra Patussi Brammer¹, Maria Cristina Cordeiro², Ana Christina Albuquerque³, Sandro Bonow¹.

¹ Embrapa Trigo – sandra@cnpt.embrapa.br; bonow@cnpt.embrapa.br ² Embrapa Cerrados – cristina@cpac.embrapa.br ³ Embrapa Sede – ana.albuquerque@embrapa.br

Palavras-chave: trigo, pólen, microssatélites, proteínas de reserva

O desenvolvimento de variedades e cultivares produtivas são, em parte, resultados da exploração pelo homem dos reservatórios genéticos de traços ancestrais das cultivares. No caso do trigo cultivado, *Triticum aestivum* (AABBDD; $2n=6X=42$), a exploração e uso do genoma D, oriundo de *T. tauschii* (DD; $2n=2X=14$), em cruzamentos direcionados possibilita a transferência de características desejáveis, servindo como importante fonte de germoplasma. Este trabalho visou à caracterização de diferentes acessos de *T. tauschii*, conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo, quanto à viabilidade polínica, similaridade genética e subunidades de gluteninas de alto peso molecular (GLU-APM). No primeiro caso, foram analisados 45 acessos, com três repetições, totalizando 750 grãos de pólen/acesso, caracterizados como viáveis e inviáveis, via técnica de “squash” e microscopia ótica. Para a similaridade genética, foram analisados 58 acessos com 28 pares de primers microssatélites, específicos para o genoma D. Os produtos da PCR foram migrados em gel de agarose a 2%, detectados com brometo de etídio, e os alelos amplificados foram analisados pelo programa NTSYS 2.0. A determinação das subunidades das GLU-APM foi efetuada em 56 acessos, com seis a nove repetições, através de análise eletroforética em géis de poliacrilamida na presença de SDS (SDS-PAGE) revelados com comassie blue. Os resultados da viabilidade polínica indicaram que a maioria dos acessos (95%) apresentou polens normais e viáveis (bi e trinucleados, com quantidade adequada de amido e a presença de um poro), embora tenha sido detectada, também, a presença de polens vazios e polens com mais de um poro (5%). O dendrograma gerado na análise da similaridade genética, realizada nos acessos estudados, possibilitou a verificação de distintos agrupamentos entre os acessos, sendo que o valor médio do coeficiente de similaridade de Jaccard foi de 0,293 (o maior coeficiente foi 1,0 e o menor de 0,094). Quanto aos eletroforegramas, obtidos na determinação da composição das GLU-APM, foi evidenciado que as subunidades 2 + 12 estavam presentes em 61% dos acessos e as subunidades 5 + 10, indicativas de adequada aptidão tecnológica para panificação industrial, em 39 % do material analisado. Portanto, foi possível caracterizar os acessos de *T. tauschii*, empregados neste estudo, quanto a parâmetros importantes para sua utilização em programas de melhoramento genético.

Fonte Financiadora: EMBRAPA; CNPq