

A percentagem de tanino na matéria verde e o dano causado por pássaros são apresentados na Tabela 47. Verifica-se que, na fase de grão leitoso, que possui maior teor de taninos, não se observou nenhum dano, o que ocorreu somente a partir da fase de grão pastoso, ocasião em que os materiais genéticos com alto teor de tanino foram resistentes. Nota-se que esses materiais genéticos resistentes também apresentaram alto teor de tanino na fase de colheita, não se constatando, portanto, no presente estudo, a situação descível de se obter cultivar de sorgo com alto teor somente na fase de grão pastoso.

Verificou-se uma correlação negativa entre o teor de tanino na matéria verde do grão e o dano causado por pássaros nas fases de grão pastoso ($r = 0,67^{**}$), maturação fisiológica e fase de colheita ($r = 0,77^{**}$). - *Walter Alvarenga Rodrigues, Edilson Paiva, Fredolino Giacomini dos Santos, José Avelino Santos Rodrigues.*

TABELA 47. Percentagem de tanino total na matéria verde (T) e dano causado por pássaros (D) nas fases de grão leitoso (GL), grão pastoso (GP), maturação fisiológica (MF) e fase de colheita (FC). CNPMS, Sete Lagoas, MG, 1992.

Materiais Genéticos	Fases							
	GL		GP		MF		FC	
	T%	D	T%	D	T%	D	T%	D
CMSXS 101 A	1,03	0,0	0,74	4,4	0,70	5,0	0,64	5,0
CMSXS 142 A	0,77	0,0	0,51	3,0	0,50	4,5	0,47	5,0
CMSXS 114 R	0,59	0,0	0,73	0,0	0,74	0,0	1,10	0,0
CMSXS 116 R	0,97	0,0	0,50	3,7	0,38	5,0	0,31	5,0
CMSXS 178 R	1,39	0,0	0,69	3,8	0,57	4,8	0,36	5,0
CMSXS 180 R	1,04	0,0	0,53	4,9	0,48	5,0	0,30	5,0
CMSXS 181 R	1,85	0,0	0,97	5,0	0,76	5,0	0,62	5,0
CMSXS 101 A X								
CMSXS 114 R	1,33	0,0	2,09	0,0	2,48	0,0	2,54	0,0
CMSXS 101 A X								
CMSXS 116 R	1,13	0,0	0,61	5,0	0,44	5,0	0,53	5,0
CMSXS 101 A X								
CMSXS 178 R	0,90	0,0	0,53	5,0	0,50	5,0	0,53	5,0
CMSXS 101 A X								
CMSXS 180 R	1,04	0,0	0,69	4,5	0,67	5,0	0,51	5,0
CMSXS 101 A X								
CMSXS 181 R	1,11	0,0	0,79	4,7	0,56	5,0	0,61	5,0
CMSXS 142 A X								
CMSXS 114 R	0,76	0,0	1,51	0,0	1,55	0,0	2,05	0,0
CMSXS 142 A X								
CMSXS 116 R	0,77	0,0	0,63	4,9	0,33	5,0	0,36	5,0
CMSXS 142 A X								
CMSXS 178 R	1,04	0,0	0,75	3,0	0,51	3,9	0,48	4,8
CMSXS 142 A X								
CMSXS 180 R	0,77	0,0	0,58	0,8	0,39	4,2	0,33	4,9
CMSXS 142 A X								
CMSXS 181 R	1,10	0,0	0,69	3,4	0,68	4,5	0,88	4,9
CMSXS 102 A X								
CMSXS 180 R	1,30	0,0	0,67	2,9	0,43	4,2	0,39	4,6
BAG 2109	1,70	0,0	3,38	0,0	3,90	0,0	3,56	0,0
BAG 014	1,30	0,0	1,92	0,0	1,88	0,0	1,14	0,0
Contiçrão 111	0,81	0,0	0,99	0,0	1,16	0,0	1,01	0,0
Savana 5	1,32	0,0	1,76	0,0	2,06	0,0	1,50	0,0
DK 48	1,10	0,0	1,68	0,0	2,34	0,0	1,61	0,0
Pioneer B 815	1,31	0,0	1,33	0,0	1,66	0,0	1,38	0,0

IDENTIFICAÇÃO DE SONDAS DE DNA GENÔMICO DE SOJA

O objetivo deste trabalho foi identificar sondas de DNA genômico de soja que possam ser utilizadas em técnicas de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), para a construção de mapas genéticos. O RFLP é uma técnica que detecta variação genética entre indivíduos através da comparação do tamanho de fragmentos do DNA, obtidos pela digestão do mesmo por enzimas de restrição. Os RFLPs apresentam uma série de vantagens sobre os métodos clássicos de mapeamento de genes. Como não são produtos de transcrição, são independentes do estágio de desenvolvimento do organismo, apresentam herdabilidade de 100%, pois não são afetados pelos fatores ambientais e nem sofrem efeitos de epistasia e pleiotropia. São herdados de maneira codominante e podem ser utilizados para mapear um número praticamente ilimitado de locus.

Os mapas genéticos de RFLP podem, então, ser utilizados em programas de melhoramento vegetal, para prever combinações heteróticas, identificar genótipos divergentes, caracterizar herança citoplasmática e, o mais importante, separar características quantitativas nos seus componentes individuais, ou seja, tratar caracteres quantitativos segundo os conceitos da genética qualitativa ou mendeliana.

Para obtenção do DNA genômico foi utilizada a cultivar de soja Cristalina. O DNA foi digerido pela enzima de restrição Pst e os fragmentos clonados no plasmídeo pUC18, os quais foram utilizados na transformação de células competentes da bactéria *E. Coli* DH5. Para a seleção das colônias recombinantes, foi utilizado o meio "LB Base" com ampicilina e X Gal. Para a identificação de clones contendo cópias raras de fragmentos de DNA foi utilizada a técnica de hibridação "in situ", com sondas marcadas com biotina 14 dATP.

Como resultado, foram selecionados 31 clones, que estão sendo caracterizados quanto ao tamanho dos fragmentos e sua frequência no genoma.

Este trabalho é parte de um projeto de Tese de Mestrado da UFV - Viçosa, MG, conduzido conjuntamente com a EMBRAPA/CNPMS e cujo objetivo principal é tornar rotineira a técnica de RFLP nos diversos programas de melhoramento de soja. - *Alberto Vilarinhos, Edilson Paiva, Maurílio Alves Moreira.*

ANÁLISE DE GENÓTIPOS DE MILHO COM RELAÇÃO À QUALIDADE PROTÉICA, DUREZA DO GRÃO E PADRÃO DE ZEÍNAS

A qualidade protéica do milho é nutricionalmente inadequada a monogástricos e seres humanos, devido à deficiência em lisina e triptofano. A descoberta do mutante Opaco-2 trouxe um aumento significativo no conteúdo de lisina e triptofano de endosperma; no entanto, esse aumento veio asso-

ciado à redução na densidade do grão, que conduz a uma série de características agrônômicas indesejáveis, impedindo, assim, sua ampla utilização comercial. Para aliar as características de dureza do endosperma do milho normal à qualidade protéica do mutante Opaco-2, um intenso trabalho de melhoramento genético foi desenvolvido pelo CIMMYT - Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo, situado no México, culminando com a obtenção dos milhos de alta qualidade protéica (QPMs).

Vários estudos genéticos, bioquímicos e moleculares vêm sendo realizados visando identificar o mecanismo de atuação dessas mutações na expressão gênica. O fenótipo Opaco tem sua provável consequência na redução da síntese de proteínas de reserva, mais especificamente de zeínas. As zeínas são prolaminas, solúveis em soluções alcoólicas, que perfazem aproximadamente 50% da proteína total do endosperma.

Resultados de vários trabalhos têm demonstrado que um alto teor de lisina e triptofano associado à característica de endosperma duro está relacionado com alto teor de gama-zeína no grão. Na tentativa de se obterem informações adicionais sobre essa relação, foram utilizadas técnicas eletroforéticas e análises quantitativas de densidade, teor de lisina e triptofano do grão.

A Figura 30 apresenta o padrão eletroforético das proteínas totais, onde os materiais Opaco-2 e QPM apresentam menores quantidades de alfa-zeína (22 KD) e de beta-zeína (14 KD), sendo maior o teor do polipeptídeo de 12 KD, com relação aos normais e indígenas. O QPM também apresentou um teor mais elevado de gama-zeína (27 KD), assim como o PE 1 e o BR 106.

Na Tabela 48, observa-se que os genótipos indígenas possuem densidades semelhantes ao Opaco-2, exceto o PE 1, cujo valor se assemelha aos normais e QPM. Já os teores de triptofano e lisina dos genótipos indígenas se aproximam dos normais, ficando muito aquém dos do Opaco-2 e QPM.

Analisando conjuntamente os resultados, pode-se associar o alto teor de gama-zeína com a dureza do grão, uma vez que sua presença é marcante nos materiais com densidade elevada. Já o alto teor de alfa-zeína parece estar relacionado com a baixa qualidade protéica dos genótipos indígenas e normais, uma vez que a ausência dessa é observada nos genótipos Opaco-2 e QPM.

Portanto, os milhos indígenas possuem um grande potencial para serem utilizados como fonte adicional de variabilidade no estudo do efeito dos genes das zeínas na dureza dos grãos. - *Cláudia Teixeira Guimarães, Maria José Vilaça de Vasconcelos, Edilson Paiva.*

TABELA 48. Resultados das análises quantitativas de densidade, lisina e triptofano dos vários genótipos de milho. CNPMS, Sete Lagoas, MG, 1992.

Genótipos	% na proteína		
	Densidade	Triptofano	Lisina
UFV 02 (Opaco-2)	1,17	0,88	3,95
BR 106 (Normal)	1,33	0,28	1,50
BR 451 (QPM)	1,30	0,80	3,62
Nodzob A (Índigena)	1,07	0,31	1,62
N. Ronse Torre (Índigena)	1,13	0,26	1,42
Nodzob Udza (Índigena)	1,10	0,31	1,62
PE 1 (Índigena)	1,34	0,28	1,50

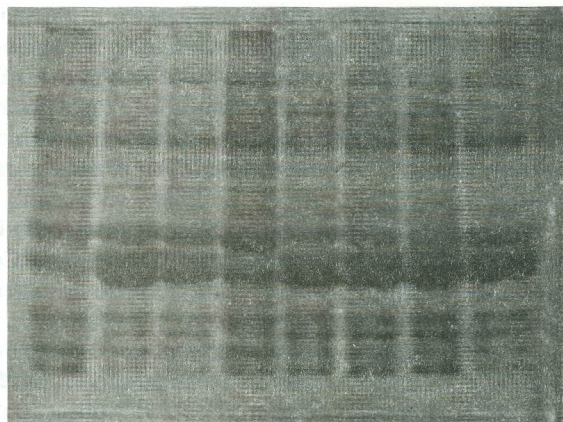


FIGURA 30. Análise em SDS-PAGE das proteínas totais de diferentes genótipos de milho, da esquerda para direita: UFV-02, BR 106, BR 201, BR 451, NODZOB A, NODZOB RONRE TORRE, NODZOB UDZA, PE 1. CNPMS, Sete Lagoas, MG, 1992.

SELEÇÃO DE GERMOPLASMA DE MILHO PARA A PRODUÇÃO DE HAPLÓIDES VIA CULTURA DE ANTERAS

Em um programa de melhoramento de milho utilizando-se o método clássico, a obtenção de linhagens homocigotas no campo consome normalmente de dois a três anos, mesmo para as condições brasileiras, onde é possível a produção de duas gerações por ano. Alternativamente a esse processo, a cultura de anteras "in vitro" possibilita a obtenção de haplóides em apenas alguns meses, que, após diploidizados, se desenvolvem em linhagens homocigotas, proporcionando substancial economia de tempo e espaço. Um dos pontos de estrangulamento desse processo é a baixa recuperação de plantas adultas, a qual é bastante dependente do genótipo utilizado. Assim, este trabalho visa a identificação de genótipos mais responsivos à cultura de anteras para a produção de linhagens e uma avaliação da possibilidade de incorporação dessa técnica ao programa de melhoramento do CNPMS/EMBRAPA.

Foram usados os meios de Genovesi & Collins (1982) e Sun et al. (1989) e testadas preliminarmente 20 linhagens e oito progênies do grupo elite do programa de melhoramento do CNPMS, plantadas no campo, sob regime de irrigação por aspersão, em março/91.

A principal dificuldade encontrada foi a contaminação das anteras por bactérias. Provavelmente, os pendões trazidos do campo apresentavam contaminação no interior de anteras semi-abertas, dificultando a esterilização. Foram testados vários tratamentos, com hipoclorito de sódio, variando-se o tempo de esterilização (15, 20 e 30 min.), a concentração do hipoclorito de sódio (0,5, 1,0, 2,0 e 5,0%) e a concentração de tween 20 (0,1 e 0,5%). No entanto, nenhum