

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 desejável 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
Contigrão 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 do endosperma; no entanto, esse aumento veio asso-