



## CARACTERIZAÇÃO DAS GLUTENINAS DE ALTO PESO MOLECULAR DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE TRIGO

Costa, M.S<sup>1</sup>, Scholz, M. B. S<sup>2</sup>, Franco, C. M. L<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Engenharia e Tecnologia de Alimentos – Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas - Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto, São Paulo, e-mail: [celia@ibilce.unesp.br](mailto:celia@ibilce.unesp.br)

<sup>2</sup>Pesquisadora da Área de Ecofisiologia – Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Londrina, Paraná, e-mail: [mbscholz@iapar.br](mailto:mbscholz@iapar.br)

A identificação das propriedades funcionais de farinhas através de testes específicos possibilita a seleção de genótipos com características adequadas a cada uso industrial. Nos programas de melhoramento genético o principal objetivo é melhorar a qualidade do banco de germoplasma para que seja possível desenvolver trigos com força de glúten e extensibilidade adequadas para a produção de produtos panificáveis. O objetivo deste estudo foi avaliar 16 genótipos de trigo correlacionando as subunidades de gluteninas de alto peso molecular (HMW-GS) com alguns parâmetros de qualidade. As HMW-GS foram avaliadas por SDS-PAGE, o conteúdo protéico por Kjeldahl e o volume de sedimentação por SDS-ácido láctico. O índice de sedimentação foi calculado através da relação entre o volume de sedimentação e o conteúdo protéico. Para cada HMW-GS foram calculados escores de 1 a 4, sendo o escore total (ET) mínimo de 4 e máximo de 10 para cada genótipo. A correlação entre as variáveis foi calculada usando o programa estatístico XLStat (2008). As HMW-GS de todos os genótipos analisados apresentaram quatro variações alélicas no genoma A [subunidades 2\* (43,75%), 1 (37,5%), Nulo (12,5%) e 1/2\* (6,25%)], cinco no genoma B [subunidades 7+9 (50%), 7+8 (37,5%) e 17+18 (12,5%)] e quatro no genoma D [subunidades 5+10 (81,25%), 2+12 (18,75%)]. Observou-se também a presença da translocação de centeio do tipo 1B/1R em quatro genótipos. O ET dos genótipos variou de 5 a 10 sendo os escores 9 e 10 mais frequentes. O teor protéico dos grãos variou de 13,71 a 17,93%, o volume de sedimentação de 8,33 a 14,64 mL e o índice de sedimentação de 0,58 a 1,01. As correlações entre o ET e o volume de sedimentação ( $r= 0,521$ ) e entre o ET e o índice de sedimentação ( $r= 0,510$ ) foram positivas ( $p < 0,05$ ), enquanto o conteúdo protéico não apresentou qualquer correlação entre as variáveis avaliadas. Os resultados obtidos mostraram que o ET com base na presença dos alelos e o volume de sedimentação são eficazes como métodos de seleção dentro dos programas de melhoramento genético.

**Agradecimentos:** CNPq