

200

CONTRIBUIÇÃO PARA O MAPEAMENTO DAS REGIÕES CROMOSSÔMICAS DAS β -GLUCANASES EM CEVADA. *Daiane Dillemburg Americo, Janaina George-Kraemer, Suzana Schimitt Cavalli (orient.)* (Laboratório de Diagnóstico Genético Molecular da b, ULBRA).

O objetivo principal deste trabalho é contribuir para o mapeamento das regiões cromossômicas das (1-3, 1-4)- β -glucanases, enzimas responsáveis pela ruptura da parede celular do endosperma amiláceo durante a germinação do grão. Este processo é de grande importância para a malteação da cevada e fabricação da cerveja, onde se objetiva máxima eficiência da atividade das β -glucanases que hidrolisam os (1-3, 1-4)- β -glucanos, que constituem 70% da parede celular do endosperma. A degradação ineficiente de β -glucanos mantém resíduos que podem levar a um aumento na viscosidade da cerveja, aumentando os problemas na filtração nas cervejarias e transparência do produto. Para fazer o mapeamento destes genes, foram construídas duas populações duplo-haplóides segregantes, obtidas por cruzamentos entre uma linhagem de cevada com alta atividade e outra com baixa atividade de β -glucanases, uma levando em consideração esta característica no malte verde (sementes germinadas) e outra no malte seco (sementes germinadas que passaram pelo processo de secagem) e posterior cultura das anteras de suas plantas F1. A análise de polimorfismo está sendo feita com marcadores moleculares do tipo microssatélites, através da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR). De um total de 38 conjuntos de primers avaliados até o momento, 19 mostraram diferenças entre as linhagens parentais selecionadas para malte verde e (ou) malte seco e foram utilizados para as análises das populações segregantes. Deverão ser analisados mais 40 conjuntos de primers e analisada a atividade de β -glucanases das plantas das populações segregantes para estimar as frequências de recombinação entre as regiões cromossômicas das β -glucanases e os marcadores moleculares que serão utilizadas para determinar o arranjo linear dos genes de interesse e os marcadores genéticos.