

DETECÇÃO DE QTL'S PARA TEOR DE PROTEÍNA EM FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.).

DAVI, Giselle Santos¹; **LEÃO**, Ariane Castro Mendes Leão²; **TELES**, Fábio Luis³; **FERREIRA**, Luciana Gomes²; **MELO**, Leonardo Cunha⁴; **BASSINELLO**, Priscila Zaczuk⁴; **DEL PELOSO**, Maria José⁴; **BRONDANI**, Rosana Pereira Vianello⁴; **BRONDANI**, Cláudio⁴; **BUSO**, Gláucia Salle Cortopasi⁵; **SIBOV**, Sérgio Tadeu⁶; **CARNEIRO**, Monalisa Sampaio⁷.

Palavras-chave: melhoramento nutricional, marcadores moleculares, herança complexa.

1. INTRODUÇÃO

O feijão é o mais importante legume comestível. Ele representa 50% dos legumes cultivados consumidos em todo o mundo. O Brasil é o segundo produtor mundial de feijoeiros do gênero *Phaseolus* e o primeiro na espécie *Phaseolus vulgaris*. A importância dessa produção deve-se a que o feijão, além de se constituir um dos alimentos básicos da população brasileira, é um dos principais produtos fornecedores de proteína na dieta alimentar dos estratos sociais economicamente menos favorecidos (Blair, 2003).

O melhoramento clássico tem sido responsável pelo aumento do potencial produtivo das cultivares modernas de feijão, através de programas para aumento da tolerância à seca e resistência à doenças. Entretanto, para atender de forma rápida e precisa às necessidades de aumento da qualidade de grão em feijão, através da elevação dos teores de proteína e fibra, necessita-se aprimorar as técnicas de melhoramento genético. Uma alternativa viável é a utilização de ferramentas moleculares que possibilitem a identificação das regiões genômicas que controlam estas características e fornecem a melhor estimativa da diversidade genética, pois são independentes de efeitos ambientais. O desenvolvimento de mapas genéticos, seguido pela detecção de QTL's para o gênero *Phaseolus*, tem demonstrado a possibilidade de encontrar regiões envolvidas no controle tanto de caracteres de herança simples quanto complexa, possibilitando um maior entendimento do controle genético de caracteres de interesse e representa uma ferramenta para auxiliar na seleção de genótipos superiores (Melo, 2002; Grisi, 2006).

Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar o teor de proteína em população F₂ de feijoeiro comum originada do cruzamento entre as linhagens CNFC 7812 X CNFC 8056 e detectar associações significativas entre os teores de proteína e dados de marcadores moleculares.

2. METODOLOGIA

A população de mapeamento foi obtida a partir do cruzamento entre as linhagens CNFC 7812 e CNFC 8056 (possuem, respectivamente, 24 e 19% de teor de proteína). A genealogia dos genitores é composta de: CNFC 7812= BZ 3836-1// FEB 166 / AN 910523 e CNFC 8056 = MA 720943 / CB 733860 // AN 512545 / RH 20-414. Com base

na geração F_2 deste cruzamento foi desenvolvido o mapa de ligação baseado em marcadores RAPD e SSR pela pós-graduanda Luciana Gomes Ferreira.

As análises de proteína foram realizadas no Laboratório de Análises Físicas, Químicas e Tecnológicas da Embrapa Arroz e Feijão. Foram analisadas 134 famílias de $F_{2:4}$ e os genitores. Para as determinações da proteína total foi estimado o teor de nitrogênio utilizando o método de micro-Kjedahl proposto pela AOAC "Association of Official Methods of Analysis" (1995). As estimativas dos teores de proteína de cada genótipo foram obtidas a partir de três mensurações da quantidade de N.

As análises descritivas dos dados obtidos para teor de proteína foram realizadas no software GENES VS98 (Cruz *et al*, 1994). Para verificar a normalidade dos dados, foi utilizado o teste de Lilliefors, ao nível de significância a 1%. Para verificar a hipótese mendeliana de segregação de cada loco SSR foi aplicada o teste de qui-quadrado. O critério de FDR foi utilizado para estabelecer o nível de significância global do teste de qui-quadrado. As associações entre os locos SSR e os dados fenotípicos do teor de proteína foram estabelecidos com base análise de marcas simples por ANOVA e regressão múltipla (Cruz *et al*, 1994).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises descritivas dos dados obtidos para o teor de proteína na geração $F_{2:4}$ foram sumarizados na Tabela 1. De acordo com o teste de Lilliefors, em nível de significância de 1%, pode-se admitir que os dados de teor de proteína seguem uma distribuição normal.

Tabela 1. Sumário dos resultados das análises descritivas dos teores de proteína da geração $F_{2:4}$ de feijoeiro comum.

Estatística Descritiva	Estimativa
Media	21,32
Variância	16,94
Desvio padrão	4,11
Coeficiente de Variação	19,30

A análise de distorção de segregação foi realizada através do teste do qui-quadrado, utilizando o critério de FDR (razão de falsas descobertas) que possibilita um controle do nível de significância de comparações múltiplas. Com base nesse teste, dos 41 marcadores SSR avaliados, verificou-se que os locos U 18791 e o PVM 49 não segregam conforme o padrão mendeliano. Isso pode ser explicado por efeitos amostrais, que gera um número insuficiente de eventos meióticos amostrados, ou ainda por efeitos biológicos, seleção gamética.

Os resultados do mapeamento por marca simples baseado em análise de variância mostraram que os marcadores PV114 e PvM37 apresentam associações significativas com os dados fenótipos. Com base nessas estimativas a frequência de recombinação foi de 33,51 cM e 32,01cM para as marcas PV114 e Pv M37, respectivamente.

Os resultados do mapeamento por marca simples baseado em análise de regressão mostraram que os marcadores PV114 e PvM37 apresentam associações

significativas com os dados fenótipos. Com base nessas estimativas a porcentagem de variação fenotípica explicada pelo marcador foi de 7,40% e 8,52 para as marcas PV114 e Pv M37, respectivamente. Vale ressaltar que nas duas formas de análise (ANOVA e regressão), os marcadores que apresentaram associações significativas com os dados fenotípicos se mantiveram.

Neste trabalho, foi possível identificar dois marcadores SSR ligados a região genômicas controladoras dos teores de proteína em feijoeiro comum. A utilização desses marcadores no processo seletivo pode auxiliar na identificação de linhagens com fenótipos desejáveis, contribuindo assim para o aumento eficiência dos programas de melhoramento genético do feijoeiro.

4. CONCLUSÃO

A distribuição dos teores de proteína em feijoeiro comum tendeu a curva de distribuição, o que pode ser indicativo de que essa característica seja controlada por vários genes. Os marcadores PV114 e PVM37 foram associados significativamente à região genômicas controladas de teor de proteína em feijoeiro.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AOAC - ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURAL CHEMISTS. 1995. **Official methods of analysis**. 16.ed. Washington, D.C. p.1-30.

BLAIR *et al.* Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theor Appl Genet.**, v.107, p.1362-1374, set, 2003.

MELO, L. M.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, D. F. Mapeamento de QTLs para florescimento do feijoeiro com marcadores RAPD em diferentes ambientes. **Ciênc. agrotec.**, Lavras, v.26, n.4, p.768-779, jul./ago., 2002.

GRISI, M. C. M. Mapeamento genético de locos microssatélites em feijoeiro comum na população Bat93 e Jalo EEP558. 2006. 111f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de plantas)- EAEA, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S.P. Estudo sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, v.41, p.191-201, 1994c.

FONTE DE FINANCIAMENTO: CAPES E PRODETAB.

¹Bolsista de iniciação científica. EAEA/ UFG. giselle_davi@yahoo.com.br

²Mestranda em Biologia Molecular e Celular. ICB/UFG. biolgf@yahoo.com.br

³Mestrando em agronomia. EAEA/ UFG. Setor de Melhoramento Vegetal. teles_fl@yahoo.com.br

⁴EMBRAPA – Arroz e Feijão, sac@cnpaf.embrapa.br

⁵EMBRAPA – Recursos Genéticos e Biotecnologia, sac@cenargem.embapa.br

⁶Co-orientador/ ICB-UFG. sibov@agro.ufg.br

⁷Orientadora/ ICB-UFG, monalisa@icb.ufg.br