



DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS QUASE ISOGÊNICAS (NILS) SEGREGANDO UM HOT-SPOT PARA O CONTEÚDO DE PROTEÍNAS EM SOJA

Costa, B. J. C.¹, Dal-Bianco, M.¹; Lorenzoni, R. M.¹; Silva, J. N. B.¹; Bueno, R. D.¹

¹Laboratório de Bioquímica e Genética Molecular de Plantas/DBB-UFV, Viçosa-MG, Brasil
brunojose.crispim@hotmail.com

Soja, NILs, Proteína

Genética / Ciências Agrárias / Pesquisa

Introdução

A soja (*Glycine max*) tem um importante papel econômico na agricultura brasileira visto que é o grão mais produzido no país. Tanta grandeza econômica desta cultura se deve principalmente ao seu conteúdo de óleo e proteína, amplamente utilizada na agroindústria e alimentação animal. Considerando apenas a proteína, o melhoramento genético atrelado a busca de marcadores para a característica é fundamental para desenvolvimento de novas linhagens de soja com alto teor proteico.

Objetivo

Gerar uma NILs com recombinações apenas em um hot-spot para o conteúdo de proteínas previamente identificado pelo nosso grupo, e assim continuar os estudos para identificação do gene causal da característica.

Material e Métodos

O estudo tomou como ponto de partida uma população avançada proveniente de um cruzamento entre os genótipos NT12 e BR8014887, e que foi utilizada em experimentos de campo entre os anos de 2017-2018. Tal material, devido a baixa germinação, foi inicialmente cultivado em bandejas contendo substrato para após emergência serem transplantados para vasos em casa de vegetação.



Fig. 1 - Sementes germinando em bandeja.



Fig. 2 - Plantas transplantadas em vasos.

Resultados e Discussão

Por se tratar de uma população que estava armazenada em câmara fria, houve problemas de germinação e o primeiro passo foi recuperar o material vegetal (até o momento aproximadamente 77%). A partir deste material, foram separados dois indivíduos. O indivíduo 79-16 possui um conteúdo de proteína médio no campo de 49.87%, e que na região alvo de mapeamento possui uma segregação interessante entre blocos herdados dos pais. Já o indivíduo 83-21 possui 41,52% de proteínas e possui um padrão de recombinação importante, mas exatamente o oposto do indivíduo 79-16.

Inicialmente estabelecemos uma estratégia de seleção assistida por retrocruzamentos para estes indivíduos com os pais visando gerar NILs variando apenas a região alvo. Entretanto, após o primeiro ciclo de retrocruzamento observamos que ao conferir a região alvo nas 17 F1 desenvolvidas os resultados foram compatíveis apenas para 1 indivíduo (79-16.12). Frente a este resultado, resolvemos desenvolver a NILs tendo como base apenas este indivíduo para dar continuidade ao projeto e acelerar o processo.

Conclusões

O uso da seleção assistida é de extrema importância para evitar contratempos e conduzir o desenvolvimento de materiais importantes tanto para programas melhoramento como para estudos científicos.

Bibliografia

BUENO, R.D. et al. Quantification of anti-nutritional factors and their correlations with protein and oil in soybeans. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v. 90, n. 1, p.205-217, mar. 2018.

Apoio Financeiro



Agradecimentos

À toda equipe que auxiliou o desenvolver deste trabalho bem como as instituições que o tornaram possível através do apoio financeiro.