



Mapeamento associativo fino para alto conteúdo de proteína em grãos de soja [*Glycine max* (L.) Merr.]

Rafael Aguiar; Maximiller Dal-Bianco; Arthur Martins Almeida Bernardeli;
Laboratório de Bioquímica Genética de Plantas - BIOAGRO-UFV

Palavras-chave: Melhoramento, soja, marcador molecular.

Introdução

Atualmente, o Brasil se consolida como o maior produtor de soja (*Glycine max* (L.) Merr.) do mundo, com produção total de 134 milhões de toneladas. A soja é a leguminosa mais utilizada como fonte de proteína e possui conteúdo médio de 40% deste composto no grão, denotando sua importância para a agricultura, economia e segurança alimentar mundial. Estratégias voltadas para a validação de marcadores moleculares em populações estruturadas aliadas ao melhoramento convencional podem tornar o melhoramento para alto conteúdo proteico mais eficiente.

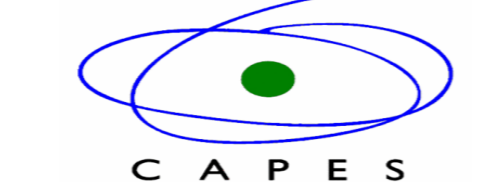
Objetivos

O objetivo geral do trabalho foi realizar um mapeamento fino em um intervalo de aproximadamente 765 Kb no cromossomo 20 da soja. Os objetivos específicos foram executar o plantio das HIFs em casa de vegetação em duas épocas distintas e obter suas progênies F2:6; realizar o mapeamento fino da região cromossômica, pela genotipagem dos marcadores selecionados; avaliar os teores de proteína das progênies de HIFs derivadas F2:6 e estimar o efeito de cada marcador sobre o fenótipo (r^2).

Material e Métodos

Desta forma, a metodologia seguiu três principais etapas: no ano de 2014, foi executado um cruzamento simples envolvendo dois acessos (PMQS80 e PMQS12) de alto conteúdo de proteína. A partir de então, 269 indivíduos F2 foram avançados em casa de vegetação até a geração F2:5 via método SSD, resultando em 269 RILs. Posteriormente, os ensaios foram administrados em casa de vegetação em Viçosa-MG no ano de 2019-2020. Após a colheita, uma quantidade de 30 grãos foi moída em um moinho industrial modelo MA020. Para a fenotipagem, o farelo obtido foi analisado sobre o método de Kjeldahl. A genotipagem dos marcadores selecionados seguiu a metodologia KASP, executada no equipamento Applied Biosciences 7500, com a discriminação alélica verificada no software AB7500.

Apoio Financeiro



Resultados e Discussão

Os resultados da família derivada de 83-08 além de heterozigoto para o marcador snp190, também é heterozigoto para o ssr667. Dados recentes do laboratório demonstraram que a região mais provável de conter o gene alvo é próximo ao marcador ssr#677, e esta família pode ser importante para demonstrar este processo, principalmente quando observamos o grande contraste de proteínas observadas nos indivíduos 83-08-01 (37,9%), 83-08-02 (44,9%) e 83-08-03 (45,3%).

#progênie	ssr #662	ssr #663	ssr #666	ssr #667	ssr #668	ssr #670	ssr #672	ssr #673	ssr #674	ssr #676	ssr #677	ssr #678	snp #190	ssr #680	ssr #681	ssr #682	ssr #684
61-05	0	2	2	2	0	2	0	0	2	0	0	2	1	2	0	0	0
61-23	0	2	2	2	0	2	2	0	0	0	0	2	1	0	0	2	0
64-24	0	2	2	2	0	2	0	0	2	0	0	2	1	2	0	2	0
78-41	0	2	2	2	0	2	2	0	0	0	0	2	1	2	0	2	0
79-06	0	0	0	2	2	0	0	0	2	0	2	0	0	2	0	0	0
83-08	0	2	2	1	0	2	2	0	2	0	2	2	1	2	0	1	0

Figura 1 - Genotipagem dos indivíduos para gerar a população de HIFs em marcadores dentro da região alvo de 765Kb. laranja - alelo derivado de PMQS80; sem cor - heterozigoto; amarelo - alelo derivado de PMQS12.

Bibliografia

BOLON, Y.T. et al. Complementary genetic and genomic approaches help characterize the linkage group I seed protein QTL in soybean. **BMC Plant Biol.** v. 10, n. 41, 2010

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.

Conclusões

Apesar da falta de tempo para finalizar os dados por conta da pandemia obtivemos um dado muito importante para ajudar a identificação do gene causal.

Agradecimentos

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