

IDENTIFICAÇÃO DE QTLS CANDIDATOS ASSOCIADOS AO PESO DA AMÊNDOA DA CASTANHA DE CAJU

Francisco Herbeth Costa dos Santos¹; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti²; Fanuel Pereira da Silva¹; Antônio Calixto Lima²; Tomil Ricardo Maia de Sousa¹ e Everton Rabelo Cordeiro².

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, C. Postal 6035, 60451-970 Fortaleza, CE, Brasil. E-mail: herbeth.santos@gmail.com; ²Embrapa Agroindústria Tropical, C. Postal 3761, 60511-110 Fortaleza, CE, Brasil.

Introdução

Para atender a demanda por novas variedades com melhor qualidade dos frutos, o melhorista necessita de novos métodos e estratégias para aumentar a eficiência e reduzir o tempo necessário para obtenção de uma nova cultivar. O melhoramento convencional pode ser acelerado por identificação direta e manipulação de locos que controlam características quantitativas “quantitative trait loci” (QTLs) usando um sistema baseado em marcadores moleculares co-segregando com o caráter de interesse (Cristofani et al., 1999).

Os marcadores podem ser utilizados em estágios precoces (plântula) para a seleção de indivíduos com combinações favoráveis para vários caracteres. A seleção assistida por marcadores é particularmente promissora no melhoramento do cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), devido ao longo período de juvenilidade da espécie e a natureza poligênica dos caracteres de importância econômica. Além disso, os caracteres de difícil avaliação, que requerem idade adulta e procedimentos demorados de avaliação fenotípica, fazem com que o melhoramento de espécies frutíferas seja a área onde o uso efetivo desta tecnologia tende a ter as melhores perspectivas de sucesso (Causse et al., 2002). Neste sentido, objetivou-se com este estudo identificar QTLs relacionados ao peso da amêndoa da castanha de caju.

Material e Métodos

A geração F_1 de cajueiro utilizada neste experimento foi previamente mapeada por Cavalcanti e Wilkinson (2007). Os mapas dos genitores CCP 1001 e CP 96 foram elaborados utilizando 85 indivíduos de uma progênie F_1 de irmãos completos. A população utilizada para análise de QTL foi composta de 80 das 85 plantas usadas para o mapeamento da população. A redução no número de plantas estudadas foi devido a quatro genótipos não produzirem um número satisfatório de castanhas e a morte de uma planta.

Para avaliação da qualidade da amêndoa, procedeu-se o beneficiamento das castanhas na fábrica-escola da Embrapa Agroindústria Tropical, que utiliza sistema semi-mecanizado com autoclavagem à pressão de 2 kgf.cm⁻², descorticação em máquinas de

operação manual e estufagem a 55 °C, seguida de despeliculagem manual. As análises foram feitas em uma amostra com aproximadamente 200 g de castanha por planta proveniente da safra de 2009. O peso da amêndoa foi determinado em balança semi-analítica com precisão de 0,01 g.

Para a detecção e mapeamento de QTLs candidatos foram realizadas análises por meio do software computacional MapQTL® 5 (Van Ooijen, 2004). Dois diferentes métodos de mapeamento foram empregados: mapeamento de intervalo e mapeamento de QTLs múltiplos. A análise de mapeamento de intervalo foi executada para identificar QTLs com efeitos principais significativos e utilizados como cofatores para a análise de mapeamento de QTL múltiplos, para detecção mais precisa de QTLs (Van Ooijen, 2004). Um LOD score crítico igual a 3,0 foi utilizado como padrão para identificação de QTLs candidatos. Para todos os QTLs detectados a percentagem da variância fenotípica total explicada por um único QTL foi estimada usando regressão linear (R^2).

Resultados e Discussão

Análises de QTLs proporcionam importantes informações para assistir trabalhos de melhoramento de plantas. Com base na análise de mapeamento de QTLs múltiplos, foi possível detectar três locos com o pico do LOD score 3,0 ou superior para peso da amêndoa (Tabela 1 e Figura 1). Estes foram denominados como “QTLs candidatos”, pois antes de serem utilizados em programas de melhoramento, devem ser validados.

Tabela 1. Descrição dos QTLs candidatos identificados para peso da amêndoa da castanha de caju detectados nos mapas do genitor masculino (M) e feminino (F) utilizando o método de mapeamento de QTLs múltiplos (MQM).

QTL	Grupo de ligação	Posição (cM) ¹	Marcador próximo	LOD	R^2 (%) ²
<i>pa-1m</i>	M2a	42,64	20CY014	3,29	10,61
<i>pa-2m</i>	M2a	69,73	14Bb129	3,12	4,36
<i>pa-3f</i>	F3	59,24	04CY074	3,58	6,95

¹Posição do QTL baseada na região onde ocorreu o maior valor do LOD.

²Percentagem da variação fenotípica total explicada pelo marcador próximo ao QTL.

A proporção da variação do caráter explicada por um QTL individual é provavelmente a barreira mais importante para a implantação da seleção assistida por marcadores. Neste estudo, as percentagens da variação fenotípica (R^2), explicada pelas associações entre o loco marcador e o QTL, variaram de 4,36 a 10,61% (Tabela 1). Segundo Anderson et al. (2007), a maioria dos estudos de QTL revela efeitos moderados (R^2 de 10 a 20%) em um ou poucos locos, enquanto vários outros locos explicam menos que 10% da variação. Fato semelhante ao observado aqui, onde apenas o QTL *pa-1m*

apresentou R^2 com efeitos moderados (10,61%) e os outros QTLs identificados explicaram menos que 10% da variação (QTLs de efeito menor). Resultados semelhantes têm sido relatados em estudos de QTL (Siviero et al., 2002; Santos et al., 2010).

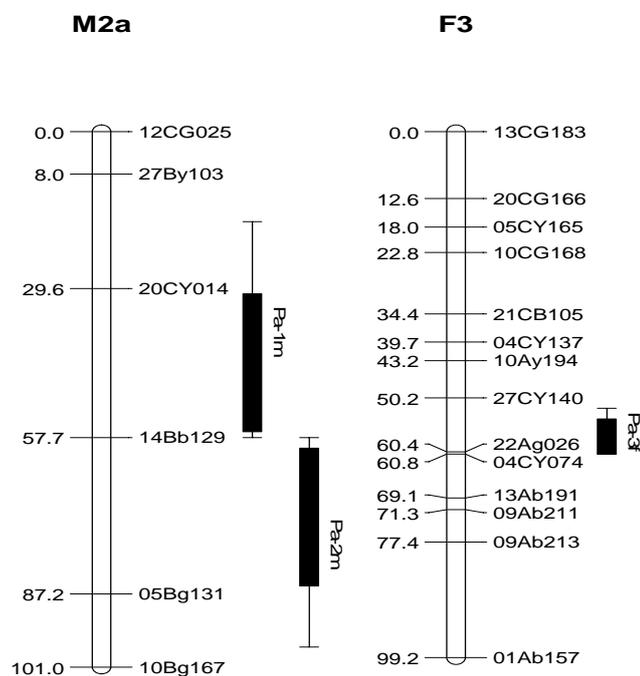


Figura 1. Localização dos QTLs identificados para qualidade da castanha no mapa de ligação do genitor masculino (M) e feminino (F). A direita e esquerda do grupo de ligação está a identificação do marcador e sua a posição (cM), respectivamente. Barras verticais e segmento de linha a direita do grupo de ligação definem os intervalos de confiança ao nível de 90 % (LOD 1,0) e 95 % (LOD 2,0), respectivamente. pa: peso da amêndoa.

Independente da magnitude, a detecção desses QTLs constitui-se em relevante informação ao programa de melhoramento genético desta cultura. A identificação de alelos com efeitos menores via marcadores moleculares pode aumentar a eficiência do processo seletivo, melhorando os ganhos com a seleção por meio de um programa de seleção assistida por marcadores que utilizem a informação molecular associada à informação fenotípica (Melo et al., 2002).

Os resultados obtidos no presente trabalho proporcionam subsídios, após validação, para a seleção indireta por marcadores moleculares para o caráter peso da amêndoa, característica de grande importância para indústria de beneficiamento da castanha. Estes podem ser utilizados na identificação de genótipos desejáveis, contribuindo para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético do cajueiro, permitindo selecionar ainda na fase de viveiro os materiais mais promissores.

Conclusões

Três QTLs para peso da amêndoa da castanha de caju foram identificados, explicando de 4,36 a 10,61 % da variação fenotípica total.

Esses QTLs podem ser utilizados na seleção assistida por marcadores. No entanto, faz-se necessário a realização de estudos com outras populações de cajueiro para validá-los.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de fomento à pesquisa concedida e a Embrapa Agroindústria Tropical pelo apoio na execução e condução do estudo.

Referências

ANDERSON, J.A.; CHAO, S.; LIU, S. Molecular breeding using a major QTL for *fusarium* head blight resistance in wheat. **Crop Science**, v.47, p.S112-S119, 2007. Suplemento.

CAUSSE, M.; SALIBA-COLOMBANI, V.; LECOMTE, L.; DUFFÉ, P.; ROUSSELLE, P.; BURET, M. QTL analysis of fruit quality in fresh market tomato: a few chromosome regions control the variation of sensory and instrumental traits. **Journal of Experimental Botany**, v.53, p.2089-2098, 2002.

CAVALCANTI, J.J.V. WILKINSON, M.J. The first genetic maps of cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Euphytica**, v.157, p.157-131, 2007.

CRISTOFANI, M.; MACHADO, M.A.; GRATTAPAGLIA, D. Genetic linkage maps of *Citrus sunki* Hort. ex. Tan. and *Poncirus trifoliata* (L.) Raf. and mapping of citrus tristeza vírus resistance gene. **Euphytica**, v.109, p.25-32, 1999.

MELO, L.C.; SANTOS, J.B.; FERREIRA, D.F. Mapping and stability of QTLs for seed weight in common beans under different environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.227-236, 2002.

SANTOS, F.H.C.; CAVALCANTI, J.J.V.; SILVA, F.P. Detection of quantitative trait loci for physical traits of cashew Apple. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.101-109, 2010.

SIVIERO, A.; CRISTOFANI, M.; BOAVA, L.P.; MACHADO, M.A. Mapeamento de QTLs associados à produção de frutos e sementes em híbridos de *Citrus sunki* vs. *Poncirus trifoliata*. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.24, p.741-743, 2002.

VAN OOIJEN, J.W. **MapQTL® 5**: Software for mapping of quantitative trait loci in experimental populations. Wageningen, Kyazma B.V. 2004.