

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

Francisco Herbeth Costa dos Santos<sup>1</sup>; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti<sup>2</sup>; Fanuel Pereira da Silva<sup>1</sup>; Antônio Calixto Lima<sup>2</sup>; Tomil Ricardo Maia de Sousa<sup>1</sup> e Everton Rabelo Cordeiro<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, C. Postal 6035, 60451-970 Fortaleza, CE, Brasil. E-mail: herbeth.santos@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa 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<sup>-2</sup>, descorticação em máquinas de

operação manual e estufagem a 55 °C, seguida de despêliculagem 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).

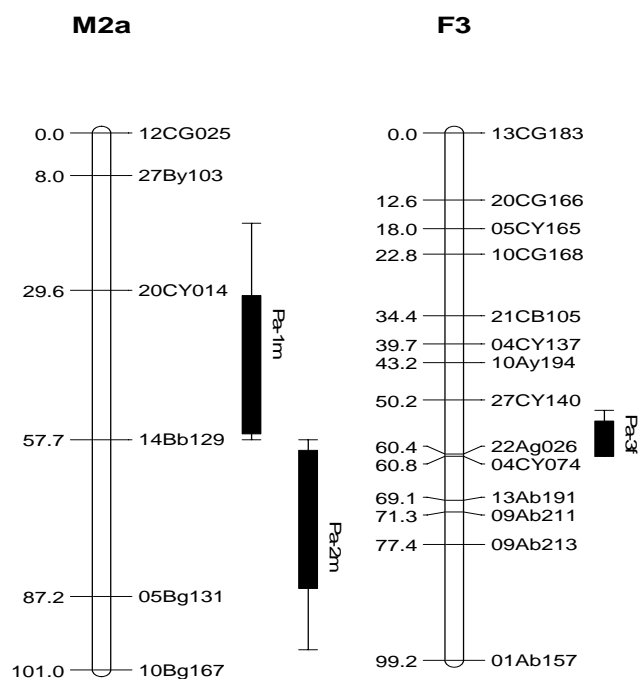
QTL	Grupo de ligação	Posição (cM) <sup>1</sup>	Marcador próximo	LOD	$R^2$ (%) <sup>2</sup>
<i>pa-1m</i>	M2a	42,64	20CY014	3,29	10,61
<i>pa-2m</i>	M2a	69,73	14Bb129	3,12	4,36
<i>pa-3f</i>	F3	59,24	04CY074	3,58	6,95

<sup>1</sup>Posição do QTL baseada na região onde ocorreu o maior valor do LOD.

<sup>2</sup>Percentagem 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.