

IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS A ZINCO E FERRO EM FEIJOEIRO COMUM

IRON AND ZINC GENOMIC REGIONS IDENTIFICATION IN COMMON BEANS

Tereza Cristina de Oliveira Borba¹, Helton Santos Pereira², Rosana Pereira Vianello³, Priscila Zaczuk Bassinello⁴, Ivã Matsushige⁵

¹Pesquisadora em Biologia Avançada, Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, Zona Rural, Santo Antônio de Goiás - GO, 75375-000, tereza.borba@embrapa.br

²Pesquisador em melhoramento de feijoeiro comum, Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, Zona Rural, Santo Antônio de Goiás - GO, 75375-000, Helton.pereira@embrapa.br

³Pesquisadora em biologia molecular, Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, Zona Rural, Santo Antônio de Goiás - GO, 75375-000, rosana.vianello@embrapa.br

⁴Pesquisadora em ciência de alimentos, Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, Zona Rural, Santo Antônio de Goiás - GO, 75375-000, priscila.bassinello@embrapa.br

⁵Analista, Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, Zona Rural, Santo Antônio de Goiás - GO, 75375-000, ivan.matsushige@embrapa.br

RESUMO - O desenvolvimento de cultivares de feijoeiro comum com altos teores de ferro pode ser uma alternativa à redução da baixa ingestão deste mineral em países em desenvolvimento. O objetivo deste trabalho foi avaliar o conteúdo de ferro e zinco em uma população biparental, assim como o polimorfismo molecular entre os parentais. O teor de ferro variou expressivamente entre as 194 progênies e os parentais IAC Una e G6492 exibiram diferenças significativas no teor deste micronutriente. Os parentais IAC Una e G6492 apresentaram 20% de polimorfismo quando avaliados através de um conjunto de 768 SNP.

Palavras-chave: Marcadores moleculares, Feijoeiro comum, micronutrientes

ABSTRACT - The development of common bean cultivars with higher iron content can be an alternative to reduce the low intake of this mineral in developing countries. The objectives of this research were to evaluate the iron and zinc content in a plant mapping population as well as the molecular polymorphism between its parents. The iron content ranged greatly among the 194 progenies, and the parents IAC Una and G6492 displayed a significant difference concerning this micronutrient. The parents IAC Una and G6492 exhibited a polymorphism rate of 20% when analyzed by a previously developed set of 768 SNP.

Keywords: Molecular Markers, common bean, micronutrients

INTRODUÇÃO

Os micronutrientes são considerados componentes de extrema importância na composição nutricional de um alimento. Essa importância se torna mais evidente em países em desenvolvimento. Logo, incrementos expressivos na concentração de micronutrientes, em culturas utilizadas como fonte de alimento, podem tornar-se uma importante estratégia para melhorias na nutrição e saúde humanas (Uauy et al., 2006). No Brasil, pode-se considerar que a cultura o feijão confere um impacto significativo na dieta nacional. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar marcadores polimórficos para o mapeamento de QTL controlando teores de Fe e Zn em população segregante de feijoeiro assim como analisar os teores destes micronutrientes nas progênies desta população.

MÉTODOS

Ensaios de Campo

Foi desenvolvida uma população segregante (IAC Una x G6492) para o mapeamento de QTL para teor de ferro e zinco em feijoeiro comum e determinação de estimativas de parâmetros genéticos. Foram avaliadas 194 progênies em dois ensaios conduzidos em safras diferentes na fazenda Capivara em Santo Antônio de Goiás, Abril - Julho/2013 e Abril - Julho/2014. Para a

análise estatística dos dados fenotípicos (produtividade, teor de Fe e teor de Zn) utilizou-se o delineamento de blocos casualizados no software SAS/STAT®.

Genotipagem com marcadores moleculares do tipo SNP

Para avaliação de polimorfismo de marcadores SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) entre os parentais se utilizaram o conjunto de marcadores desenvolvidos por Müller et al. (2015), baseado no ressequenciamento de genótipos de feijoeiro comum, e também marcadores derivados de dados de RNA-seq obtidos em avaliações com foco em estresse hídrico. A amplificação de PCR e a hibridização foram realizadas de acordo com as instruções do fabricante. As placas de 384-plex foram escaneadas no equipamento BeadXpress e os dados obtidos pelo equipamento foram analisados pelo programa GenomeStudio - GSGT versão 1.8.4.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Obteve-se uma produtividade média de aproximadamente 1.500 kg/ha para o ensaio conduzido na safra de 2013. A produtividade variou de 530 a 2.930 kg/h, com o parental G6492 apresentando maiores valores para este carácter que IAC Una. Os valores de Fe obtidos variaram de 49,71 a 100,56 mg/Kg, com média de 70,84. Verificaram-se diferenças significativas entre os teores para Fe obtidos pelos dois parentais. Para o teor de Zn, também se verificaram diferenças significativas entre os teores encontrados entre os parentais. Para este micronutriente, o valor médio foi de 33,85, variando de 25,3 a 40,86 mg/Kg.

Para o ensaio conduzido em 2014 a média obtida para a produtividade foi de 3.040 Kg/ha, com valores variando de 1.362 a 5.377 Kg/ha. Assim, como na safra anterior, os parentais apresentaram diferenças significativas para os teores de Fe, a média obtida para este micronutriente entre as 194 progênies foi de 65,20 mg/Kg, com valores variando de 44,96 a 97,32 mg/Kg. Já para o Zn, a média encontrada foi de 39,09mg/Kg, com variação de 27,02 a 56,94 mg/Kg.

Os parentais IAC Una e G6492 foram avaliados quanto ao polimorfismo para 768 marcadores SNP, subdivididos em dois conjuntos contendo 384 marcadores cada. Considerando-se o número total de marcadores, identificou-se uma taxa de polimorfismo de aproximadamente 20% (151 marcadores SNP). Porém, considerando-se os dois conjuntos de marcadores separadamente, verificou-se uma taxa de polimorfismo de aproximadamente 32% para aquele derivado do RNA-seq para seca, enquanto para o conjunto baseado no ressequenciamento de diferentes genótipos de feijoeiro identificou-se aproximadamente 8% de polimorfismo.

CONCLUSÃO

Verificou-se a presença de diferenças significativas para os teores de Fe entre os parentais IAC Una e G6492 utilizados para compor a população segregante selecionada para a identificação de regiões relacionadas ao teor deste micronutriente. Além disto, também se verificou a presença de polimorfismo molecular entre os parentais. Ambas as diferenças (moleculares e fenotípicas) são fatores essenciais para que se potencializem as chances de se identificar estas regiões.

REFERÊNCIAS

MULLER, B.S.F.; PAPPAS, G.; VALDISSER, P.A.M.R.; MENEZES, I.P.P.; ABREU, A.G.; BORBA, T.C.O.; SAKAMOTO, T.; BRONDANI, C.; BARROS, E.G.; VIANELLO, R.P. An Operational SNP Panel Integrated to SSR Marker for the Assessment of Genetic Diversity and Population Structure of the Common Bean. *Plant Molecular Biology Reporter*, v. 1, p. 1, 2015.

UAUY, C.; DISTELFELD, A.;FAHIMA T;BLECHL, A.; DUBCOVSKY, J. A.; NAC Gene Regulating Senescence Improves Grain Protein, Zinc, and Iron Content in Wheat. *Science*, 314, n. 5803, 1298-1301, 2006.