



Leão, ACM⁽¹⁾; Bassinello, PZ⁽²⁾; Melo, LC⁽²⁾; Peloso, MJ⁽²⁾; Brondani, RV⁽²⁾; Brondani, C⁽²⁾; Buso, GSC⁽³⁾; Sibov, ST⁽⁴⁾; Carneiro, MS⁽¹⁾
⁽¹⁾Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás; ⁽²⁾Embrapa Arroz e Feijão; ⁽³⁾Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ⁽⁴⁾Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás.

Análise do teor de proteína em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão é largamente utilizado na alimentação humana como fonte de proteína, sendo um alimento de baixo custo, o que permite complementar a necessidade calórica diária das populações carentes. Sua importância social como alimento substituto de proteínas animais justifica o esforço de pesquisa no sentido de se conhecer a herança genética que controla o teor de proteínas, visando obter genótipos de feijoeiro com alta qualidade protéica. Neste sentido, esse trabalho objetivou avaliar o teor de proteína numa população F₂ oriunda do cruzamento entre as linhagens CNFC 7812 e CNFC 8056. Esses genitores são contrastantes em relação ao teor de proteína, sendo que o CNFC 7812 contém 24%, e o CNFC 8056, com 19%. As análises foram efetuadas em 106 genótipos F_{2;3} derivados do cruzamento de CNFC 7812 X CNFC 8056 obtidos na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão. Para as determinações da proteína total, foi estimado o teor de nitrogênio utilizando o método de microKjehldahl proposto pela AOAC "Association of Official Methods of Analysis". As estimativas dos teores de proteína de cada genótipo foram obtidas a partir de três mensuráveis da quantidade de N. O fator 6,25 foi utilizado para converter os valores de N em valores protéicos. O teor médio de proteína obtido foi de 21,6%, entretanto, na população segregante foram encontrados genótipos com até 28,3% de proteína. Esses resultados indicam que a interação alélica aditiva é predominante para essa característica. O coeficiente de variação do experimento foi de 15,9. Futuramente, uma avaliação conjunta será realizada entre os dados fenotípicos relativos ao teor de proteína obtidos neste trabalho com o mapa de ligação construído para essa população F₂, visando identificar e mapear regiões genômicas responsáveis pelo aumento na qualidade protéica do grão. ■

Apoio financeiro: PRODETAB, CAPES.

