



MAPEAMENTO DE QTL (*QUANTITATIVE TRAIT LOCI*) ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA DO MARACUJÁ-DOCE À BACTERIOSE

MARCELO FIDELES BRAGA¹; MARIA LÚCIA CARNEIRO VIEIRA²; RODRIGO GAZAFFI³;
ANTÔNIO AUGUSTO FRANCO GARCIA⁴; ISAIAS OLIVIO GIRALDI⁴; NILTON TADEU
VILELA JUNQUEIRA⁵

INTRODUÇÃO

O maracujá-doce (*Passiflora alata* Curtis) é uma espécie encontrada em estado silvestre em todas as regiões do Brasil, sendo muito apreciada por sua polpa doce e de baixa acidez, bem como por suas propriedades farmacológicas. O aumento da área plantada com essa espécie cria fortes demandas por cultivares superiores e por tecnologias de produção. A bacteriose causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*, é um dos principais fatores limitantes da produção comercial do maracujá-doce.

P. alata é uma espécie alógama na qual espera-se alta porcentagem de locos polimórficos dos indivíduos nas populações naturais. A progênie resultante do cruzamento desses indivíduos (não aparentados) é denominada de F1 segregante, caracterizada pela expectativa de considerável número de locos polimórficos e pelo não conhecimento prévio das fases de ligação entre os alelos dos diferentes locos. Estas características tornam o mapeamento de ligação e o mapeamento de QTL mais complexos nesta espécie, exigindo novas abordagens metodológicas para o ordenamento de grupos de ligação e para a detecção de QTL, conforme proposto, respectivamente, por Wu et al (2002) e Gazaffi (2009).

O objetivo desse trabalho foi detectar QTL relacionados à resposta de uma população F1 segregante de *Passiflora alata* à inoculação por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*.

MATERIAL E MÉTODOS

¹ Eng^o Agrônomo, pesquisador da Embrapa Cerrados, Brasília, DF. Email: marcelo.fideles@embrapa.br

² Bióloga, professora titular do departamento de genética e melhoramento de plantas, ESALQ/USP, Piracicaba, SP

³ Eng^o Agrônomo, pós-doutorando do departamento de genética e melhoramento de plantas, ESALQ/USP, Piracicaba, SP.

⁴ Eng^o Agrônomo, professor titular do departamento de genética e melhoramento de plantas, ESALQ/USP, Piracicaba, SP.

⁵ Eng^o Agrônomo, pesquisador da Embrapa Cerrados, Brasília, DF

A população de mapeamento de QTL foi constituída por uma progênie F1 de 100 indivíduos, resultante do cruzamento dos acessos de *Passiflora alata*, SV3 e 2(12), obtido por Nunes (2010). Para essa população, a fenotipagem foi realizada previamente por Braga (2011), inoculando o isolado M129 (MUNHOZ, 2009). Os indivíduos foram fenotipados para área total da folha (TA, cm²), idade de queda da folha inoculada (IK, dias), área da lesão foliar (LA, cm²), área da clorose foliar (CA, cm²) e área da necrose foliar (NEA, cm²).

O mapa de ligação utilizado neste trabalho foi obtido através da versão trabalhada por Braga (2011). A análise de QTL foi realizada com base nos modelos genéticos propostos por Gazaffi (2009) para progênies de irmãos-completos oriundos de genitores diploides não-endogâmicos, utilizando a abordagem do mapeamento por intervalo composto, CIM. O modelo estatístico teve como premissas a presença de pelo menos um loco de QTL segregando na progênie.

A probabilidade de cada classe foi obtida por abordagem multiponto e a seleção dos cofatores, por regressão linear múltipla, via "stepwise", utilizando critério bayesiano, conforme descrito por Gazaffi (2009). Neste caso, o "windows size" para inclusão dos cofatores foi de 15 cM. As análises foram efetuadas em ambiente de programação R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010), utilizando algoritmo desenvolvido por Gazaffi (2009).

Além da posição, das marcas ligadas e do LOD, foram apresentados os efeitos aditivos e de dominância para cada QTL detectado, com a configuração do genitor do loco QTL; o tipo de segregação e o percentual da variação fenotípica explicado pelo QTL (coeficiente de determinação, r^2).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os caracteres avaliados, foram encontradas várias associações entre QTL e marcadores, resultando na identificação de 26 locos de QTL. Foram oito marcas associadas ao QTL para tamanho da folha (TA); quatro, para idade de queda da folha inoculada (IK); seis, para área da lesão foliar (LA); seis para área clorótica (CA) e cinco para área necrótica (NEA).

Dos nove grupos de ligação presentes no mapa (BRAGA, 2011), apenas o grupo V não apresentou evidência de presença de QTL. Cinco grupos de ligação apresentaram entre quatro e cinco QTL; dois apresentam apenas um e um grupo de ligação apresentou dois QTL. O grau de dispersão dos QTL foi relativamente alto para os caracteres avaliados, cada caráter tendo QTL dispersos entre três a cinco grupos de ligação. O maior número de QTL foi encontrado para o caráter TA (7) e o menor, para o caráter IK (3). Os QTL associados aos caracteres relacionados diretamente ao fenótipo da doença, LA, CA e NEA, se encontraram dispersos em todo o genoma de *P. alata*, exceto nas regiões correspondentes aos grupos de ligação IV e V.

A maioria das marcas associadas aos QTL é do tipo D, ou seja, informativas apenas para um dos genitores, com segregação 1:1. Dos 27 marcadores associados aos QTL, 12 eram do tipo D1, nove do tipo D2, três do tipo A, um do tipo B e um do tipo C. Em relação a origem dos marcadores sete (26%) são M-AFLPs, 15 (55%) de AFLPs e 5 (19%) de SSRs, o que é bem próximo da participação desses marcadores no mapa de ligação (Braga, 2001). Do total de 26 QTL observados, 16 (61%) segregaram 1:1, 2 (8%), segregaram 3:1 e 8 (31%) segregaram 1:2:1.

Em relação à variação fenotípica explicada pelos QTL (definida pelo coeficiente de determinação, r^2), observa-se, em geral, QTL de pequenos efeitos. Exceção para uns dos QTL para TA, que explicou 18,6% da variação fenotípica e o um QTL de CA, cujo r^2 chegou a 16,7%. Em termos gerais, TA foi o caráter cujos QTL tiveram maior valor nominal de r^2 , explicando 40,3% da variação fenotípica. Para IK, a variação conjunta dos QTL representou 7,6%; para LA, 15,8%, NEA, 16,0% e CA, 28,7%. O destaque vai para CA que, dentre os caracteres diretamente relacionados à doença, apresentou o maior número de QTL e o maior valor conjunto de r^2 , de forma que os sete QTL para CA explicaram 28,7% da variação fenotípica..

Vale destacar que foram detectados nove QTL com efeitos de dominância significativos, o que representa 31% (9/26) dos QTL detectados. Para LA, CA e NEA os efeitos de dominância estão presentes em 37% (6/16) dos QTL detectados. Entretanto, nenhum desses efeitos foi significativamente diferente dos aditivos, o que faz prevalecer a importância dos efeitos aditivos nos caracteres avaliados. Os resultados indicam que, embora os efeitos de dominância estejam presentes em vários caracteres, os efeitos aditivos prevalecem.

Apesar desse trabalho apresentar 16 QTL associados a resistência à bacteriose, ainda é cedo para se falar na aplicação dos marcadores descritos na seleção assistida por marcadores. Alguns marcadores ainda são pouco informativos, considerando a segregação dos QTL, de forma que não separam definitivamente os indivíduos com genótipos favoráveis, daqueles não desejados. Além disso, é necessário estudar a estabilidade dos QTL em diferentes ambientes e em diferentes populações.

A análise fenotípica da resistência à bacteriose em *P. alata* demonstrou que trata-se de resistência do tipo quantitativa. A análise genotípica, através do mapeamento de QTL, demonstrou que esse caráter apresenta uma arquitetura genética complexa, relacionada a vários QTL.

CONCLUSÕES

A resistência à bacteriose é poligênica, com predominância de efeitos genéticos aditivos; 16 QTL foram mapeados, sendo que os percentuais da variação fenotípica explicada individualmente pelos QTL variaram de 0,8% a 16,7%; considerando-se o caráter clorose, há um QTL de maior efeito ($r^2 = 16,7\%$).

REFERÊNCIAS

BRAGA, M. F. **Mapeamento de QTL (Quantitative Trait Loci) associados à resistência do maracujá-doce à bacteriose.** 2011. 286 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

GAZAFFI, R. **Desenvolvimento de modelo genético-estatístico para mapeamento de QTL em progênie de irmãos completos, com aplicação em cana-de-açúcar.** 2009. 103 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz , Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MUNHOZ, C. F. **Diversidade genética de isolados de Xanthomonas axonopodis pv. passiflorae com base em marcadores rep-PCR e AFLP e construção de primers específicos para diagnose.** 2009. 79p. Dissertação (Mestrado em Agronomia, Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

NUNES, E. S. **Caracterização fenotípica e molecular de uma população F1 de maracujá-doce visando à construção de mapas de ligação e identificação de QTL.** 2010. 138 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing.** R Foundation For Statistical Computing. 2010. Disponível em: <http://www.r-project.org>. Acesso em: 16 jun. 2010.

WU, R. L. MA, C.: PAINTER, I.; ZENG, Z B. Simultaneous maximum likelihood estimation of linkage and linkage phases in outcrossing species. **Theoretical Population Biology**, New York, v. 61, n. 3, p. 349-363, May, 2002.