

## **SELEÇÃO DE ACESSOS DE FEIJOEIRO COMUM PARA A COMPOSIÇÃO DA COLEÇÃO NUCLEAR DA EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO ATRAVÉS DE TÉCNICAS MOLECULARES**

Tereza Cristina de Oliveira Borba - Embrapa Arroz e Feijão

Uma coleção nuclear de germoplasma deve representar grande parte da diversidade genética armazenada nas coleções completas, com um número reduzido de acessos. A seleção dos acessos deve seguir uma metodologia que minimize a duplicidade de acessos. Os marcadores microssatélites caracterizam-se por seu alto poder informativo, sendo importantes ferramentas na caracterização de recursos genéticos. O trabalho realizado permitiu caracterizar genotipicamente dois grupos de acessos de feijoeiro comum do banco ativo de germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão: um grupo proveniente de coletas realizadas no Brasil e um grupo de materiais introduzidos de outros países. Ao total foram avaliados 211 acessos através de 23 marcadores SSR. A metodologia, apesar de rotineira em análises de diversidade genética, permitiu a identificação de acessos promissores à composição da coleção nuclear do feijoeiro comum. Os dados moleculares permitiram a identificação dos acessos com maior divergência genética e também aqueles com perfil genético bastante similar. Desta forma, facilitou-se a opção pela integração direta dos acessos mais divergentes à coleção e também permitiu que fossem sugeridas análises complementares que auxiliem a decisão de eliminação dos acessos mais próximos geneticamente.

## **Molecular markers as tools for the selection of germplasm accessions for the Embrapa's Common bean's Core Collection**

Tereza Cristina de Oliveira Borba - Embrapa Arroz e Feijão

A germplasm core collection must represent, with a minimum number of accessions, great fraction of the genetic diversity stored in the originals collections. The selection of accessions must reduce the possibility of replicas. The microsatellite markers are very important tools in the characterization of genetic resources due to their high information content. This work allowed the molecular characterization of two sets of common bean germplasm from the Embrapa's Gene Bank: the first one was a group of Brazilian landraces and the second one was from foreign germplasm. A total of 211 accessions were evaluated by 23 microsatellite markers. This approach, despite the usual utilization in genetic diversity analysis, allowed the identification of potential germplasm accessions for the composition of the common bean's core collection. The molecular data permitted the identification of the most divergent accessions as well as the accessions with very close genetic profile. Such procedure makes the option for the direct integration of the most divergent accessions easier, additionally, it also allowed the suggestion for complementary analysis with the accessions that are genetically close, for their elimination or not.