

Poster (Painel)**223-1 Variabilidade genética em cultivares de soja considerando a fixação biológica de nitrogênio e teor de proteína**

Autores: Torres, A.R. (CNPSo - Embrapa Soja) ; Grunvald, A.K. (CNPSo - Embrapa Soja) ; Martins, T.B. (CNPSo - Embrapa Soja) ; Santos, M.A. (PIONEER - Pioneer) ; Lemos, N.G. (MONSANTO - Monsanto) ; Stabile, L.A. (STS - Soytech Seeds) ; Hungria, M. (CNPSo - Embrapa Soja)

Resumo

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja [*Glycine max*(L.) e, entre os principais fatores bióticos que contribuem para essa elevada produção destaca-se a fixação biológica do nitrogênio (FBN). O sucesso da FBN com a cultura no país resulta de pesquisas de seleção de estirpes de *Bradyrhizobium* compatíveis com as cultivares brasileiras, com alta eficiência de FBN e adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas de cultivo. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética de cultivares de soja selecionadas para a maior eficiência na fixação biológica de nitrogênio quando inoculadas com estirpes comerciais de *Bradyrhizobium* utilizadas no Brasil e para alto teor de proteína nos grãos. Foram avaliadas 191 cultivares desenvolvidas por instituições públicas e privadas. O DNA genômico foi extraído de folhas jovens (estágio V3) e amplificado com 22 marcadores microssatélites (SSR) (Satt050, Satt385, Satt455, Satt_270, Satt251, Satt509, Satt416, Satt180, Satt338, Satt578, Satt202, Satt277, Satt357, Satt531, Satt192, Satt239, Satt571, Satt406, Satt567, Satt_084, Satt159, Satt478). A diversidade genética foi calculada de acordo com a expressão: $1 - \sum P_{ij}^2$, onde P_{ij} é a frequência do alelo i para o locus h considerando todos os alelos no locus i . A matriz de dissimilaridade foi utilizada para a obtenção dos agrupamentos de genótipos baseados nas distâncias entre cada par de genótipos, utilizando UPGMA (*unweighted pair-group method*), implementada no programa DARwin 5.0. Entre os 22 marcadores SSR avaliados, somente dois (Satt455 e Satt578) não apresentaram polimorfismo. O número total de alelos foi de 102, variando de 2 a 12, com uma média de 5,1 alelos por locus. A média do número efetivo de alelos (A_e) foi de 4,28, variando de 1,46 (Satt567) a 10,6 (Satt416). O índice de polimorfismo variou de 0,2 (Satt567) a 0,8 (Satt406), com uma média de 0,48. O dendrograma gerado pelo método Neighbor-Joining mostrou a relação genética entre as 191 cultivares de soja e separou-as em dois grupos distintos. Os resultados obtidos no presente estudo possibilitaram a identificação dos marcadores SSR mais informativos e a existência de alta variabilidade entre as 191 cultivares. Essas informações poderão ser úteis em programas de melhoramento genético de soja.

Palavras-chave: diversidade genética, *Glycine max* L., simbiose