

## Seleção de genitores e diversidade genética entre linhagens de feijão-caupi de porte ereto e prostrado via marcadores moleculares EST-SSR

### Genitors selection and genetic diversity between semi-erect and semi-prostrate cowpea lines by molecular markers EST-SSR

Kaesel Jackson Damasceno-Silva<sup>(1)</sup>, Carolina Neves Correia<sup>(2)</sup>, Manassés Daniel da Silva<sup>(2)</sup>, Maurisrael de Moura Rocha<sup>(1)</sup> e Éderson Akio Kido<sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup> Embrapa Meio-Norte, Caixa Postal 01, CEP 64006-220 Teresina, PI. E-mail: kaesel.damasceno@embrapa.br, maurisrael.rocha@embrapa.br

<sup>(2)</sup> Universidade Federal de Pernambuco, Av. Prof. Moraes Rego, 1235- Cidade Universitária, CEP: 50670-901, Recife, PE. E-mail: carolin.correia@gmail.com, manassesdaniel@gmail.com, kido.ufpe@gmail.com

De forma geral, os programas de melhoramento lançam mão de genótipos-elite como parentais para compor os cruzamentos. Para tanto, o conhecimento da variabilidade genética existente entre estes é relevante. Os marcadores SSR, são eficientes na determinação da diversidade genética. Objetivou-se, estimar a diversidade genética e selecionar genitores entre genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado e semiereto, através da genotipagem via marcadores SSR. Foram extraídos o DNA de 38 linhagens e testados 26 pares de *primers* desenhados a partir de sequências expressas (EST) de *Vigna unguiculata*, disponíveis no Genbank (NCBI), contendo repetições de motivos microssatélites. Os fragmentos amplificados foram separados em gel de poliacrilamida 7% (p/v) em condição desnaturante (7M de uréia) e visualizados com AgNO<sub>3</sub>. Foram estimados os índices de diversidade de Nei, as estatísticas de Wright e as distâncias genéticas de Nei e agrupamento pelo método UPGMA por meio do software POPGENE (ver.1.32). Foram geradas 51 bandas polimórficas (EST-SSR), dois a quatro alelos por loco e elevada endogamia, em função não apenas do sistema de cruzamento, mas também do processo de deriva das populações, o que, de fato, é muito preocupante. As linhagens foram separadas em dois grupos. Recomendam-se cruzamentos entre indivíduos de mesmo porte e que apresentem as maiores distâncias genéticas, quais sejam: MNC99-537F-4 e MNC00-553D-8-1-2-3 ou MNC99-541F-5 e MNC99-557-2 (grupo semiereto) e os cruzamentos da cultivar BRS Paraguaçu com MNC01-649E-2, MNC01-631F-15, MNC01-631F-20-5 ou MNC99-510F16-3 (grupo semiprostrado). Recomenda-se a inserção de novos genitores, de modo a ampliar a base genética e conseqüentemente, aumentar os ganhos genéticos da cultura.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, microssatélites, parentais.

**Agradecimentos:** À Embrapa Meio-Norte e à Universidade Federal de Pernambuco pelo apoio financeiro ao projeto de pesquisa.