

# Caracterização da Diversidade Genética das Raças de Feijoeiro-Comum Utilizando SSR<sup>(1)</sup>

Douglas Eterno Louza Sartori<sup>2</sup>, Juliana de Souza Rodrigues<sup>3</sup>, Claudio Brondani<sup>4</sup> e Rosana Pereira Vianello<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Pesquisa financiada pelo CNPq.

<sup>2</sup> Graduando em Ciências Biológicas pela Pontifícia Universidade Católica de Goiás, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>3</sup> Mestranda em Genética e Bioquímica, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>4</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>5</sup> Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

**Resumo** - Os pools gênicos de feijoeiro-comum, Mesoamericano e Andino, são divididos em raças de acordo com critérios morfológicos e adaptação agroecológica, onde o termo raça é usado para denotar um grupo de acessos locais relacionados. A avaliação da estrutura racial tem implicações importantes para o melhoramento genético do feijoeiro pelo potencial predizer a capacidade de combinação ou procurar novos alelos de genes de interesse. Adicionalmente, a caracterização das proporções do genoma das raças no germoplasma tradicional e cultivado pode ser explorada para a busca por variações genéticas úteis aos programas de melhoramento genético. O objetivo deste estudo é estimar a diversidade genética inter-racial e intra-racial de um conjunto de genótipos representativo das seis raças de feijoeiro-comum, incluindo material cultivado. A metodologia desse trabalho demandou considerável esforço na etapa de identificação e seleção de acessos de germoplasmas representativos das seis raças de feijão, Chile, Nova Granada, Peru, Durango, Jalisco e Mesoamericano. Essa atividade foi realizada através de buscas dos acessos nos bancos de dados Alelo (Embrapa) e da coleção de germoplasma do CIAT (Colômbia). Ao todo, foram identificados e selecionados 92 acessos de feijão, incluindo dez cultivares comerciais. A caracterização molecular está sendo realizada pelo painel de 24 marcadores microssatélites (SSRs), cuja detecção semiautomatizada é obtida pelo analisador de DNA ABI3500. Os acessos cujas sementes foram identificadas e disponibilizadas pelo BAG da Embrapa Arroz e Feijão foram semeados em casa de vegetação para obtenção de material foliar e multiplicação de sementes. O experimento foi conduzido em ambiente de cultivo protegido, entre os meses de março de 2018 a janeiro de 2019, sob condição normal de irrigação e controle rigoroso de pragas. Foram plantadas quatro sementes por genótipo, sendo duas sementes por vaso. Com, aproximadamente, 20 dias de cultivo foram coletadas amostras de tecido foliar, seguido pela extração de DNA genômico. O método de extração de DNA demandou um esforço considerável para ser ajustado, sendo que o mais adequado foi o método de CTAB 2%, utilizando 0,2% de beta-mercaptoetano e 20 mg de proteinase K. As amostras de DNA foram quantificadas e avaliadas quanto à qualidade para a realização da etapa de genotipagem. A concentração do DNA foi estimada em gel de agarose, seguida por diluição do DNA a 5 ng/μl. Para aumentar a eficiência dos sistemas, os SSRs foram avaliados em conjunto, totalizando quatro painéis com seis marcadores cada. Até o momento os 92 acessos foram genotipados por 18 dos 24 SSRs. A próxima etapa prevê a finalização da genotipagem desses painéis e a análise dos dados genotípicos por softwares de genética genômica. As raças de feijão apresentam características fisiológicas, agronômicas, bioquímicas e moleculares distintas e, conseqüentemente, representam um importante reservatório de variabilidade alélica com potencial para serem exploradas pelos programas de melhoramento do feijoeiro. Este estudo, além de fornecer essas evidências, representa um primeiro passo rumo ao desenvolvimento de marcadores SNPs que possibilitem a discriminação das raças de feijão de modo mais rápido e eficiente.