

## **Análise de mistura varietal em lote de sementes de Feijão Guandu através de marcadores morfológicos e moleculares**

Isabela dos Santos Begnami<sup>1</sup>; Wilson Malagó Junior<sup>2</sup>; Rodolfo Godoy<sup>3</sup>; Bianca Baccili Zanotto Vigna<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Aluna de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; isabegnami@gmail.com.

<sup>2</sup>Analista da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

<sup>3</sup>Pesquisador(a) da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

O feijão guandu (*Cajanus cajan*) é uma importante espécie de leguminosa, utilizada principalmente na alimentação animal como uma importante fonte de proteínas. A espécie tem uma taxa de polinização cruzada de até 60%, o que é explorado pelos Programas de Melhoramento Genético para gerar tanto novas linhagens como híbridos. No Brasil, a mais recente cultivar registrada é a BRS Guatã (linhagem g66). No lote de sementes genéticas dessa linhagem produzido em 2019 na Embrapa Pecuária Sudeste foi identificada uma mistura varietal. As plantas apresentavam características morfológicas e de sementes semelhantes entre si, porém enquanto a linhagem g66 apresenta vagens rajadas, 85% das plantas apresentavam vagens verdes lisas. Para solucionar o problema, o lote foi direcionado para um estudo com marcadores moleculares microssatélites, no qual 24 plantas de vagens rajadas, 24 de vagens verdes lisas e mais sete linhagens de guandu foram analisadas, incluindo a g66. Essas linhagens foram selecionadas por apresentarem características morfológicas de semente ou vagem parecidas com a g66 ou por apresentarem nome parecido (g6). O DNA das plantas foi extraído de acordo com o protocolo de CTAB (Brometo de cetrimônio) modificado e depois quantificado no espectrofotômetro Nanodrop. Em seguida os marcadores SSR foram amplificados por PCR e os fragmentos foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida. Dos quatorze marcadores inicialmente selecionados da literatura, nove se mostraram adequados para genotipagem e as análises de similaridade genética pelo coeficiente de Jaccard no NTSys, heterozigosidade, PIC e identificação de clones pelo GenAEx e estruturação populacional no STRUCTURE. Os marcadores AJ312887 e AJ312894 tiveram os maiores valores de PIC e heterozigosidade e, portanto, foram os mais informativos para o material avaliado. O coeficiente de similaridade entre as amostras de vagem rajada e a linhagem g66 foi de aproximadamente 87% e entre as amostras de vagem verde lisa e a linhagem g6 foi de 85%. Os clusters gerados pelo STRUCTURE também agruparam as plantas de vagem rajada com a cv. BRS Guatã e as de vagem lisa com a linhagem g6. Assim, os microssatélites se mostraram eficientes para caracterizar a mistura varietal e todos os resultados sugerem um possível erro de rotulagem entre as linhagens g66 e g6, provocando a mistura de sementes dessas linhagens. A análise clonal revelou que as plantas de vagem lisa são idênticas entre si e que as de vagem rajada foram divididas em dois grupos de plantas clones por serem homozigotas para um ou outro alelo no marcador AJ306901, ainda que a linhagem g66 seja heterozigota para este loco. Este trabalho teve aplicação direta no programa de melhoramento genético de guandu da Embrapa Pecuária Sudeste, identificando a mistura varietal e direcionando a produção de novo lote de sementes genéticas da cultivar BRS Guatã, no qual todas as plantas produtoras de semente genética estão sendo avaliadas individualmente com os marcadores moleculares mais informativos.

Apoio financeiro: Embrapa, CNPq (Processo PIBIC no: 166555/2019-3)

Área: Ciências Agrárias

Palavras-chave: guandu, mistura varietal, microssatélites