

# Diversidade genética de *Bean golden mosaic virus* em linhagens elite de feijão-comum

Naíze Motta Bertholdo<sup>1</sup>, Josias Correa de Faria e Alexandre Siqueira Guedes Coelho

<sup>1</sup>Biotecnologista, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO. E-mail: naizebertholdo@gmail.com

**Resumo** - O Brasil é o maior produtor de feijão do mundo, cuja produção atende principalmente ao mercado interno, pois é também o principal consumidor desta leguminosa. Dentre os fatores que influenciam na produção, destaca-se a ampla distribuição de mosaico dourado nas lavouras de feijoeiro comum, pois pode levar a perdas de até 100% em campo, causando clorose, enrugamento foliar e nanismo. Diante disso, a Embrapa desenvolveu, através da tecnologia de RNAi, uma linhagem de feijoeiro transgênico resistente ao vírus causador do mosaico dourado, o Bean golden mosaic virus (BGMV). A presença de um gene de resistência, no entanto, pode aumentar a pressão de seleção sobre o patógeno que, por meio de mutações, pode suplantar a resistência. O BGMV apresenta-se, até então, como um vírus com menor variabilidade genética em relação aos demais *Begomovirus*, que é o gênero a que pertence. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética das populações de vírus que infectam diferentes linhagens de feijoeiro comum, transgênicas e convencionais, em dois locais, Brasília e Santo Antônio de Goiás. Para tal, foram coletadas amostras foliares de linhagens e cultivares presentes em ensaios de valor de cultivo e uso, buscando comparar as variantes dentro de cada planta. Utilizou-se, para tanto, uma metodologia amplamente utilizada em seres vivos, a partir de sequenciamento de nova geração seguido de genotipagem de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP). Usando os SNPs encontrados foram realizadas análises de diversidade genética onde, usando a proporção de sítios polimórficos e a diversidade genética de Nei, encontrou-se maior diversidade em plantas transgênicas que, apesar de não permitirem a replicação viral e por isso apresentarem menores coberturas, apontam para a possibilidade de pressão de seleção sobre as populações virais. Quanto à estrutura genética populacional encontrou-se estruturação por localidade, como tem sido amplamente descrito na literatura.

Termos para indexação: BGMV, *Phaseolus vulgaris*, mosaico dourado, diversidade genética.