

Genômica aplicada à conservação e utilização dos recursos genéticos do feijão-comum⁽¹⁾

Cecilia Luvizutti Ferreira da Silva⁽²⁾, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁽³⁾, Paula Pereira Torga⁽⁴⁾, Claudio Brondani⁽⁴⁾, Dario Grattapaglia⁽⁵⁾ e Rosana Pereira Vianello⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Pesquisa financiada pela Embrapa Arroz e Feijão e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

⁽²⁾ Estagiária, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. ⁽³⁾ Analista, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. ⁽⁴⁾

Pesquisadores, Embrapa da Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. ⁽⁵⁾ Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

Resumo - Nos últimos anos, a demanda dos agricultores por cultivares de grãos especiais derivados do germoplasma Andino tem aumentado. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa detém amplo acervo de acessos Andinos, porém, sua caracterização molecular ainda não foi amplamente explorada. Diante disso, o objetivo deste estudo foi caracterizar 863 acessos de feijão, predominantemente Andinos, abrangendo variedades tradicionais, linhagens/cultivares nacionais e internacionais. Utilizando o EMBRAPAMulti65KChip, foram genotipados 4.275 SNPs via tecnologia Illumina Infinium. Parâmetros genéticos populacionais e análise de estruturação foram realizados utilizando os programas GenAlex e Structure. Os SNPs com call-rate acima de 70% foram filtrados (3948 SNPs), dos quais 94,53% e 99,09% foram polimórficos nos grupos Andino e Mesoamericano, respectivamente. A análise de estruturação revelou duas populações: uma com 558 acessos Andinos, principalmente grãos rajados; e outra com 267 acessos Mesoamericanos, predominantemente grãos carioca. Foram identificados 38 acessos híbridos. Quanto ao peso de 100 sementes, grãos Andinos tiveram média de 43,6g, enquanto os Mesoamericanos tiveram média de 29,7g. As heterozigosidades observadas e esperadas foram 0,011 e 0,092 na população Andina (n=558) e 0,046 e 0,244 na Mesoamericana (n=267). Os índices de fixação entre populações (Fst) e dentro das populações (Fis) foram 0,690 e 0,883, respectivamente, com um índice total (Fit) de 0,964. A análise de variância revelou 65% da variação genética total entre os grupos de germoplasma, enquanto 31% dentro de cada grupo. Este estudo é inovador por abranger o germoplasma Andino e aplicar a genômica para compreender a diversidade e propor estratégias eficazes no melhoramento de feijão. Alinhado com o ODS: Fome Zero e Agricultura Sustentável. Agradecimentos: Embrapa e FAP_DF.