



DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.) DO BRASIL: INTEGRANDO A CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR, MORFOLÓGICA, AGRONÔMICA E ECO-GEOGRÁFICA

Marília Lobo Burle¹; Jaime Roberto Fonseca²; Steve Temple³; Maria José del Peloso²; Leonardo Cunha Melo³; Paul Gepts³

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – marilia@cenargen.embrapa.br;

²Embrapa Arroz e Feijão – jfonseca, mjpeloso e leonardo@cnpaf.embrapa.br

³University of California – Davis – plgepts@ucdavis.edu

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris*, estrutura genética, microsátélites, morfologia, 'landscape genetics'.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a principal fonte de proteína no Brasil e ainda é cultivado, predominantemente, por pequenos agricultores. O BAG Feijão da EMBRAPA é a segunda maior coleção do produto a nível mundial e possui um estratégico acervo de variedades tradicionais. Esse estudo acessou a diversidade genética do feijão brasileiro integrando três métodos: avaliação genotípica (marcadores moleculares), avaliação fenotípica (experimentos de campo), e avaliação ambiental através de Sistemas de Informação Geográfica (SIG). Nossa amostra se constituiu de 279 variedades tradicionais de feijão das diferentes regiões de cultivo no Brasil. Sessenta e sete marcadores de microsátélites, faseolina, *PvTFL1y*, APA e quatro marcadores SCAR foram utilizados para genotipar a amostra. Os gene pools de feijão Andino e Mesoamericano foram claramente distinguidos baseado na análise molecular e em descritores morfológicos. Utilizando-se um método baseado em modelagem (programa STRUCTURE), quatro outras sub-populações foram identificadas no grupo Mesoamericano, que diferiram também para descritores morfológicos, resistência a doenças, tipos comerciais do feijão e para condições eco-geográficas dos locais de coleta. Os tipos comerciais de feijão apresentaram diferenças significativas para todas as condições eco-geográficas avaliadas. Um método de 'landscape genome' identificou alguns locos de microsátélites que se comportaram como marcadores não neutros. Outros marcadores moleculares se correlacionaram significativamente com condições ambientais dos locais de coleta dos acessos, principalmente precipitação. Esse estudo agrega informações sobre a organização da diversidade nas variedades tradicionais de feijão do Brasil, estrato estratégico como fonte de diversidade e rusticidade para a cultura. O método de 'landscape genetics' enriquece a visualização dessa diversidade e estabelece bases para pesquisas futuras.

Fontes financiadoras: Capes; USDA/FAS/ICD/RSED; Embrapa Arroz e Feijão