

## Caracterização molecular dos acessos de feijoeiro comum que compõem os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) dos anos de 2009/2010

Veiga, MMA<sup>1,2</sup>; Valdisser, PAMR<sup>1,4</sup>; Brondani, RPV<sup>1,3</sup>; Cieslak, JF<sup>1,3</sup>; Pereira, HS<sup>2</sup>; Melo, LC<sup>2</sup>; Borba, TCO<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão

<sup>2</sup>Pesquisador Embrapa Arroz e Feijão

<sup>3</sup>Estudante de Graduação, Analista B da Embrapa Arroz e Feijão<sup>4</sup>  
marimaresya@hotmail.com

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*, marcadores moleculares, melhoramento, microssatélites, diversidade genética

A demanda constante por cultivares de feijoeiro comum com características morfo-agronômicas favoráveis é contínua e guia o programa de melhoramento do feijoeiro da Embrapa Arroz e Feijão, sempre buscando novidades para atender os setores produtivos e consumidor. Todas as cultivares, para fins de registro e comercialização, devem ser avaliadas quanto ao seu valor intrínseco para a agricultura e para os consumidores através do teste de VCU. Ao final do ensaio, são identificadas as linhagens que apresentam desempenho superior às cultivares de referência incluídas no teste. O emprego de ferramentas moleculares, como os marcadores microssatélites (SSR), visam a caracterização molecular dos genótipos que compõem o ensaio, possibilitando estimar a extensão da variabilidade genética do conjunto de linhagens, bem como na determinação da identidade genética de cada material. Nesse estudo, o objetivo foi o de caracterizar a variabilidade genética de linhagens de feijoeiro comum que compõem experimentos de VCU conduzidos nos anos de 2009/2010. Foram analisados 23 linhagens de feijoeiro comum (10 do grupo preto, 12 do grupo carioca, uma do grupo especial), oito cultivares comerciais e três materiais controle para integração de dados. Cada linhagem e cultivar comercial foram representadas por três plantas para possibilitar a avaliação de dentro de cada material. Para as análises moleculares foram utilizados 14 marcadores microssatélites fluorescentes, porém três (BM138, PV251 e BM 157) foram removidos das análises posteriores por apresentarem padrão monomórfico de amplificação. Um total de 66 alelos foi identificado, com média de 5,7 alelos/marcador. Entre os alelos identificados 19 foram classificados como alelos privados, ou seja, presentes em um único indivíduo. O marcador que detectou o maior número de alelos privados foi o PV163 com oito. Os alelos privados foram identificados em nove linhagens, com a linhagem CNFC11966 apresentando o maior número (três). O valor médio de PIC (*Polymorphism Information Content*) foi de 0,62 e a distância genética média de Rogers modificada por Wright foi de 0,7. A probabilidade de identidade (PI) foi de  $4,9 \times 10^{-7}$  e foram encontradas duas linhagens geneticamente idênticas para os marcadores avaliados (CNFC11952 e CNFP11976). Entre as linhagens, foram identificadas seis (CNFP11994, CNFC11948, CNFC11956, CNFP11985, CNFC11952, CNFC11954) com plantas heterozigotas para pelo menos um marcador. A utilização de marcadores SSR permitiu a determinação da relação genética entre as linhagens avaliadas nos ensaios de VCU, além disso, possibilitou que importantes parâmetros genéticos fossem estimados. A junção das informações agronômicas das linhagens com os dados moleculares permite que a seleção das linhagens seja conduzida de maneira mais eficaz, pois evita o desenvolvimento de cultivares comerciais com alto parentesco. Apoio financeiro: Embrapa Macroprograma