

Análise da diversidade genética de acessos componentes da Coleção Nuclear de Feijão da Embrapa

Jorge Freitas Cieslak¹, Rosana Pereira Vianello², Jaison Pereira de Oliveira², Joaquim Geraldo Cáprio da Costa², Leonardo Cunha Melo², Maria José Del Peloso², Tereza Cristina de Oliveira Borba³

Dentro do gênero *Phaseolus*, o feijoeiro comum, *Phaseolus vulgaris* ($2n = 2x = 22$), é o que possui maior importância econômica, correspondendo a 95% dos feijoeiros cultivados no mundo, ocupando uma área superior a 12 milhões de hectares. Em termos genéticos é uma planta pouco estudada quando comparada a plantas como milho ou tomate. Diante desse cenário, a exploração de coleções nucleares surge como uma opção aos programas de melhoramento. A coleção nuclear (CN) consiste de um limitado conjunto de acessos que representa a diversidade genética de um conjunto maior, por exemplo, um banco de germoplasma, com um mínimo de redundância. Sugere-se que a CN represente aproximadamente 70% da diversidade genética em apenas 10% do número de acessos da coleção original. O objetivo deste trabalho foi caracterizar, através de marcadores microssatélites, os acessos da CONFE (Coleção Nuclear de Feijão da Embrapa). Cada acesso foi representado por bulks de DNA de cinco plantas. Foram avaliados 264 acessos da CONFE através de doze marcadores microssatélite, identificando-se um total de 177 alelos. O número de alelo/loco variou de três (PV251) a 47 (PV272), com média de 14,75. O valor médio de H_e foi de 0,78, variando de 0,41 (PV251) a 0,95 (BM154). A distância genética média de Rogers modificada por Wright foi de 0,80. Entre os alelos, 19% (34) foram privados, ou seja, identificados somente em um único acesso. O marcador que detectou o maior número de alelos privados foi BM154 com 14. Três acessos foram identificados contendo dois alelos privados cada, CF200070 (BM154 e BM189), CF200090 (BM221 e PV169) e CF840233 (BM154). A análise de estrutura de população identificou dois subgrupos, de acordo com a origem dos acessos (Andino e Mesoamericano). A utilização de marcadores microssatélites permitiu inferir sobre a variabilidade genética existente dentro de cada acesso, e também determinar a relação genética entre os acessos, aspectos estes relevantes como etapas da avaliação de uma coleção nuclear.

¹Estudante de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular. Bolsista CAPES na Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, jorge_cieslak@hotmail.com

²Pesquisadores da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³Pesquisadora (Orientadora) da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO