

Análise da diversidade genética de variedades tradicionais de feijoeiro comum utilizando marcadores microssatélites

Guilherme Souza Prado¹, Gesimária Ribeiro Costa-Coelho², Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes³, Jaison Pereira de Oliveira⁴, Joaquim Geraldo Cáprio da Costa⁵, Claudio Brondani⁶, Rosana Pereira Vianello⁷

No Brasil, foi estabelecida, a partir da década de 70, uma rede de pesquisa com ênfase na conservação e uso dos recursos genéticos do feijoeiro comum. O banco de germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão detém aproximadamente 17.345 acessos, dos quais 4.325 são variedades tradicionais (VTs). Esses acessos representam uma rica fonte de genes que conferem adaptação a diferentes ambientes, resistência a doenças e propriedades agrônômicas diferenciadas que podem ser exploradas por meio de técnicas moleculares que fornecem medidas bastante eficientes e diretas da variabilidade genética existente dentro e entre os acessos. Esse estudo teve como objetivo a avaliação da variabilidade genética de VTs de feijoeiro comum utilizando marcadores microssatélites (SSRs). Foi caracterizado um grupo de 100 acessos de VTs, utilizando 24 SSRs, sendo cada acesso representado por cinco plantas, totalizando 500 indivíduos. O número médio de alelos por loco foi de 9,7, dos quais 22% foram acesso-específicos. A heterozigosidade média entre os acessos foi de 0,63. A distância genética de Rogers-W média foi estimada em 0,42, com os acessos agrupados por local de coleta, sendo a maior diferenciação (Fst) observada entre os acessos coletados no DF e RS (0,51). Através da análise de variância molecular, observou-se que 75% da variabilidade genética está contida entre os acessos, enquanto 25% está representada dentro dos acessos. A estruturação foi estimada em $K = 2$ ($F_{st} = 0,457$, $P < 0,05$) com os acessos agrupados em pools gênicos Mesoamericanoe Andino. Conhecer a diversidade genética dos recursos genéticos é estratégico para propor a conservação e uso mais eficiente dos mesmos.

¹ Estudante de Graduação em Biotecnologia, bolsista PIBIC na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, guilhermesouza_guig@hotmail.com

² Engenheira agrônoma, doutora em Fitopatologia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gesimaria.coelho@embrapa.br

³ Biólogo, mestre em Genética e Biologia Molecular, professor e pesquisador do Instituto Federal Goiano (IFG), Urutaí, GO, ivan.menezes@ifgoiano.edu.br

⁴ Engenheiro agrônomo, doutor em Agronomia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jaison.oliveira@embrapa.br

⁵ Engenheiro agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joaquim.caprio@embrapa.br

⁶ Engenheiro agrônomo, Ph.D. em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

⁷ Bióloga, Ph.D. em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br