

## DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS ELITE DE FEIJÃO-COMUM ESTIMADA COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

Ana Rúbia de Sá Santos<sup>1</sup>; Laysla Morais Coêlho<sup>2</sup>; Rodrigo de Souza Silva<sup>2</sup>; Helton Santos Pereira<sup>3</sup>; Leonardo Cunha Melo<sup>3</sup>; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Faculdade Araguaia. <sup>2</sup>Universidade Federal de Goiás. <sup>3</sup>Embrapa Arroz e Feijão.

\*thiago.souza@embrapa.br

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; Distância Genética, Variabilidade Molecular.

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais utilizadas na alimentação humana, por ser importante fonte de proteínas, carboidratos, vitaminas e minerais. Entretanto, sua produção é afetada por fatores bióticos e abióticos, sendo dedicado grande esforço no desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas às condições mais adversas que limitam a produção e a qualidade dos grãos. Sendo assim, a caracterização molecular de linhagens elite de feijoeiro-comum, a serem lançadas como cultivares ou mesmo utilizadas como genitores, é importante para que os melhoristas avaliem a variabilidade desse germoplasma e para a determinação de sua identidade genética. Assim, o objetivo desse trabalho foi analisar a diversidade genética de linhagens elite de feijoeiro-comum com marcadores microssatélites. Foram coletadas amostras foliares de 44 cultivares e linhagens elite do programa de melhoramento de feijão da Embrapa, avaliadas no ciclo de ensaios de VCU 2018/19, com grãos de diferentes classes comerciais: carioca, preto, rajado, branco, mulatinho, roxo, entre outras. A extração de DNA foi realizada pelo método CTAB e as amostras submetidas à reação de PCR-multiplex com 24 marcadores microssatélites bem distribuídos no genoma do feijoeiro. A matriz de dissimilaridade genética entre os pares de genótipos foi estimada por meio do índice não-ponderado e utilizada para a construção do dendrograma de distâncias genéticas por meio do método UPGMA, com o auxílio do programa GENES. Com base na análise de agrupamento foram formados seis grupos. O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,93, evidenciando adequado ajuste entre a matriz de distâncias genéticas e o dendrograma. No grupo I, formado por seis genótipos, foi verificada a menor distância genética, a observada entre as linhagens CF240050 e CF840732 ( $d_{ij} = 0,04$ ), sendo este grupo formado por linhagens de grãos branco e vermelho graúdo (DRK e LRK). Distâncias totais ( $d_{ij} = 1,00$ ) foram observadas entre genótipos de outros grupos. O grupo II ficou caracterizado por linhagens de feijão rajado, roxo e mulatinho. Já o grupo III alocou apenas a linhagem CNFR 16997, de grão rajado. O grupo IV foi formado por 19 linhagens e cultivares de grãos carioca (17 genótipos) e preto (CNFP 16379 e CNFP 16384). O grupo V incluiu 11 genótipos de grãos preto, roxo, mulatinho e apenas um genótipo carioca. Por sua vez, o grupo VI foi formado apenas pela linhagem de grãos mulatinho, a CNFM 16012, sendo a mais divergente em relação a todos os outros genótipos analisados. Nota-se que há variabilidade genética entre as cultivares e linhagens do ciclo de ensaios de VCU 2018/19 da Embrapa, mesmo sendo germoplasma elite melhorado. Foi possível verificar também que os locos microssatélites utilizados foram capazes de discriminar todas as linhagens avaliadas, uma vez que a menor distância genética observada foi de 4,0% (diferente de 0,0%).

**Agradecimentos:** CNPq, FAPEG, Embrapa Arroz e Feijão e Universidade Federal de Goiás.