

Caracterização molecular dos acessos componentes da coleção nuclear de feijão da Embrapa utilizando marcadores microssatélites

Jorge Freitas Cieslak¹; Tereza Cristina de Oliveira Borba²; Leonardo Cunha Melo³; Jaison Pereira de Oliveira⁴; Maria José Del Peloso⁵; Joaquim Geraldo Cáprio da Costa⁶

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é cultivado todo o ano, por pequenos, médios e grandes produtores, nos mais variados ecossistemas em praticamente todo o Brasil. Dessa forma, é necessário selecionar os genótipos que possuam ampla adaptação, possibilitando a recomendação de cultivares que mantenham sua competitividade nas mais diferentes condições. Diante desse cenário a exploração do banco ativo de germoplasma surge como uma opção aos programas de melhoramento. A Coleção Nuclear (CN) consiste de um limitado conjunto de acessos que procura representar a diversidade genética do Banco de Germoplasma com um mínimo de redundância. Sugere-se que a CN represente aproximadamente 70% da diversidade genética em apenas 10% do número total de acessos da coleção original. O objetivo do trabalho foi caracterizar, através de marcadores microssatélites fluorescentes, os acessos da CONFE (Coleção Nuclear de Feijão da Embrapa). Cada acesso foi representado por quatro bulks de DNA de cinco plantas, totalizando 20 plantas/acesso. Foram avaliados 72 acessos de feijão através de dez marcadores microssatélites, identificando um total de 76 alelos. O número de alelo/loco variou de dois (PV12) à 15 (PV272), com média de 7,6. O valor médio de PIC foi de 0,65, variando de 0,42 (BM149) a 0,89 (PV272). A distância genética média de Rogers modificada por Wright foi de 0,72. Entre os alelos, 25% (19) foram privados, ou seja, identificados somente em um único acesso. O marcador que detectou o maior número de alelos privados foi BM189 com quatro. Dois acessos foram identificados contendo dois alelos privados cada, CF200056 (BM189 e BM210) e CF240060 (PV272 e BM175). A utilização de marcadores microssatélites permitiu a determinação da relação genética entre os acessos, podendo inferir também sobre a variabilidade genética existente dentro de cada acesso, aspecto este relevante como etapa inicial da avaliação de uma coleção nuclear.

¹ Biólogo, Estudante de graduação, Estagiário, UFG. jorge_cieslak@hotmail.com

² Engenheira de Alimentos, Doutora, Pesquisadora, Biotecnologia, tereza@cnpaf.embrapa.br

³ Engenheiro Agrônomo, Doutor, Pesquisador, leonardo@cnpaf.embrapa.br

⁴ Engenheiro Agrônomo, Doutor, Pesquisador, jaiso@cnpaf.embrapa.br

⁵ Engenheira Agrônoma, Doutora, Pesquisadora, mjpeloso@cnpaf.embrapa.br

⁶ Engenheiro Agrônomo, Doutor, Pesquisador, caprio@cnpaf.embrapa.br