

Desenvolvimento de um sistema de genotipagem molecular para determinação da identidade genética de cultivares de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*)

Cardoso, PCB; Garcia, RAV; Brondani, C; de Faria, LC; del Peloso, MJ; Brondani, RPV

Embrapa Arroz e Feijão; Universidade Federal de Goiás
paola@cnpaf.embrapa.br

Palavras-chave: microssatélites, cultivares, rastreabilidade

A demanda constante por cultivares mais produtivas, com melhor qualidade de grão, resistência às principais doenças e adaptadas às condições de cultivo brasileiras, tem dado foco ao programa de melhoramento do feijoeiro comum da Embrapa Arroz e Feijão que, nos últimos 16 anos, lançou mais de 20 novas cultivares. O requisito indispensável para o registro de uma nova cultivar baseia-se em sua distinguibilidade, que pode ser de difícil determinação, tendo em vista a base genética estreita do feijoeiro comum. A utilização de técnicas moleculares que possibilitam acessar a variabilidade diretamente pelo DNA é tida como uma estratégia complementar, permitindo a geração de descritores não sujeitos as variações ambientais ou estágio de desenvolvimento da planta. O objetivo central desse estudo foi o de aperfeiçoar e operacionalizar um sistema de genotipagem multiloco semi-automatizado baseado em marcadores microssatélites para fins de determinação da identidade genética de cultivares de feijoeiro comum. Com base em um conteúdo informativo médio superior a 60%, ampla distribuição genômica, robustez e um padrão específico de amplificação foram selecionados um conjunto de 33 marcadores microssatélites para caracterizar 48 cultivares de feijoeiro comum. Com base no tamanho dos fragmentos amplificados para cada loco foram estabelecidos sete sistemas multiplex contendo de 4 a 6 locos marcados utilizando três fluorescências distintas. A partir das informações genotípicas geradas foi desenvolvido um banco de dados moleculares a partir do qual foram derivadas as estimativas genéticas. O número de alelos variou de 2 a 15, com média de 5,5 alelos por loco. O índice de conteúdo polimórfico (PIC) variou de 0,10 a 0,87, com valor médio de 0,47. Entre os locos avaliados, não se encontrou nenhuma evidência de ligação. A cultivar que apresentou maior número de alelos privados e diferenciou-se das demais foi a SUG 33, pertencente ao grupo Cranberry. Dos 33 marcadores, cinco com PIC superior a 0,8, foram capazes de discriminar todas as 48 cultivares analisadas. A estimativa de Probabilidade de Identidade (PI) combinada foi de 3.72×10^{-15} , indicando um elevado poder de discriminação do conjunto de locos que compõem o sistema de genotipagem. O desenvolvimento de um banco de dados molecular representativo da diversidade genética da espécie, que possibilite identificar um padrão único de combinação molecular por variedade, auxiliará na proteção de novos materiais desenvolvidos, bem como poderá assegurar, por meio de prova legal, os direitos de propriedade intelectual dos melhoristas ou suas instituições. Por fim, o sistema desenvolvido para feijoeiro comum, considerado estratégico para a Embrapa, detentora do maior banco de germoplasma desta espécie no Brasil, poderá ser prontamente estabelecido para uso rotineiro em análises de monitoramento de pureza genética de sementes de cultivares comerciais, e a rastreabilidade de amostras e seus derivados.

Apoio financeiro: Capes, CNPq.