



## Nº 199 – Variabilidade genética entre genótipos de feijão-caupi

Leslyene Maria de Freitas <sup>(1)</sup>; Paulo Marcelo de Sousa Queiroz <sup>(1)</sup>; Eveline Nogueira Lima <sup>(1)</sup>; Angela Maria dos Santos Pessoa <sup>(1)</sup>; Ítalo Magalhães da Costa Evangelista <sup>(1)</sup>; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini <sup>(1)</sup>.

<sup>1</sup> Universidade Federal do Ceará.

### OBJETIVOS

Objetivou-se com esse trabalho avaliar a variabilidade genética entre 43 acessos de feijão-caupi, oriundos do BAG-Caupi da Universidade Federal do Ceará, por meio de marcadores ISSR.

### MATERIAL E MÉTODOS

Utilizou-se 43 acessos, na qual, foram semeadas cinco sementes de cada acesso em vaso, com capacidade de três litros, sendo cultivados até a germinação da primeira folha verdadeira. Em seguida, coletou-se as folhas e armazenou-se em sacos plásticos, sendo postas no freezer para posterior extração do DNA genômico. A extração de DNA dos 43 acessos foi conforme o protocolo descrito por Doyle e Doyle (1990).

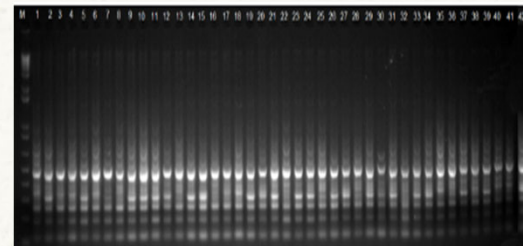
Foram realizadas reações de PCR com 30 iniciadores da marca IDT (Integrated DNA Technologies). As reações de ISSR foram preparadas para um volume final de 25 µL, contendo: 1X PCR Buffer, 0,2 mM de cada dNTP, 2 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,8 µM do iniciador; 30 ng de DNA e 1 unidade da enzima Taq DNA polimerase. Obteve-se o dendrograma por meio do método UPGMA e utilizando-se do coeficientes de similaridade de Jaccard no software NTSYSPc.

### RESULTADOS

Dos 30 iniciadores ISSR utilizados, 10 geraram amplificação (Figura 1). A partir da amplificação dos iniciadores polimórficos foi obtido um total de 75 bandas, onde 96% destas foram polimórficas (Tabela 1).

O coeficiente de Jaccard, baseado nos marcadores ISSR, variou de 0,51 a 0,94, com a máxima distância observada entre os acessos 10 e 30 (0,51), sendo estes os mais divergentes no estudo. A mínima distância foi observada entre os acessos 25 e 31 (0,94), sendo assim os mais similares. O dendrograma obtido por meio do método UPGMA formou nove grupos (Tabela 2) principais, considerando-se um nível de 75% de similaridade, demonstrando variabilidade genética que poderá ser explorada em trabalhos de melhoramento com esses acessos de feijão-caupi.

**Figura 1:** Gel de agarose 1% com primer ISSR 826. Acessos de 1 ao 43 (M: Marcador molecular 1kb).



**Tabela 1:** Total de bandas polimórficas e Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) dos iniciadores ISSR polimórficos.

Iniciador	Sequência (5'→ 3')	Bandas polimórficas	PIC médio
811	5' GAGAGAGAGAGAGAGAC	7	0,59
812	5' GAGAGAGAGAGAGAGAA	5	0,65
816	5' GAGAGAGAGAGAGAGAYG	5	0,80
826	5' ACACACACACACACACC	11	0,84
841	5' GAGAGAGAGAGAGAGAYC	7	0,82
857	5' ACACACACACACACACYG	8	0,80
861	5' ACCACCACCACCACCACC	4	0,64
880	5' GGAGAGGAGAGAGAGA	7	0,88
888	5' BDBCACACACACACA	9	0,73
891	5' HVHGTGTGTGTGTGTGT	9	0,72
TOTAL		72	-

**Tabela 2:** Grupo formados com os 43 acessos.

Grupos	Acessos
I	1, 2, 3, 4, 8 e 9
II	5 e 40
III	11
IV	15 e 16
V	35, 36, 38, 39 e 37
VI	6, 7, 26, 13, 21, 22, 14, 17, 18, 19, 23, 24, 25, 31, 33, 28, 32, 29, 34 e 41
VII	12, 20 e 27
VIII	30
IX	10

### CONCLUSÃO

Conclui-se que há presença de variabilidade genética entre os acessos de feijão-caupi estudados e que os marcadores moleculares ISSR são eficientes para analisar a divergência genética entre os acessos.

### AGRADECIMENTOS

UFC. BAG Caupi. Grupo NUMERG.