

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI

Leslyene Maria de Freitas¹; Paulo Marcelo de Sousa Queiroz^{1*}; Eveline Nogueira Lima¹; Angela Maria dos Santos Pessoa¹; Ítalo Magalhães da Costa Evangelista¹; Cândida Hermínia Campos de Magalhães¹.

¹Universidade Federal do Ceará. *freitaslesly61@gmail.com

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) é destaque na cadeia produtiva de grão no Brasil, sendo a região Nordeste a principal produtora. Em decorrência dos fatores positivos de adaptabilidade, o feijão-caupi destaca-se como cultura de interesse para programas de melhoramento que objetivam obter variedades novas e modernas. O melhoramento de plantas pode ser iniciado avaliando e caracterizando o germoplasma disponível para conhecer sua variabilidade genética. Isso pode ser feito por meio do uso de marcadores moleculares, que refletem diretamente os polimorfismos genéticos no nível do DNA. Assim, objetivou-se com esse trabalho avaliar a variabilidade genética entre 43 acessos de feijão-caupi, oriundos do BAG-Caupi da Universidade Federal do Ceará (UFC), por meio de marcadores ISSR. Foram utilizados 43 acessos, os quais foram semeados em vasos e cultivados até a germinação da primeira folha verdadeira. Em seguida, foram coletadas as folhas, as quais foram armazenadas em sacos plásticos no freezer do laboratório de melhoramento e biotecnologia vegetal do departamento de Fitotecnia da UFC, para posterior extração do DNA genômico realizada conforme protocolo descrito por Doyle e Doyle (1990). Foram realizadas reações de PCR com 30 iniciadores da marca IDT (Integrated DNA Technologies). Dos 30 iniciadores ISSR utilizados, 10 geraram amplificação. A partir da amplificação dos iniciadores polimórficos foi obtido um total de 75 bandas, onde 96% destas foram polimórficas. O coeficiente de Jaccard baseado nos marcadores ISSR variou de 0,51 a 0,94, sendo a máxima distância observada entre os acessos 10 e 30 (0,51), sendo, os materiais mais divergentes no estudo, e a mínima distância foi observada entre os acessos 25 e 31 (0,94), sendo assim os mais similares. O dendrograma obtido através do método UPGMA com os coeficientes de similaridade de Jaccard indicou que estes estavam agrupados em nove grupos principais no nível de 75,0% de similaridade, demonstrando variabilidade genética que poderá ser explorada em trabalhos de melhoramento com esses acessos de feijão-caupi. Portanto, há presença de variabilidade genética entre os acessos de feijão-caupi estudados e os marcadores moleculares ISSR são eficientes para analisar a divergência genética entre os acessos.

Palavras-chave: Marcadores moleculares, DNA, ISSR.

Agradecimentos: Universidade Federal do Ceará, BaG- Caupi.