

INTRODUÇÃO

O grão de bico (*Cicer arietinum* L.) é a segunda leguminosa mais consumida no mundo. Devido a sua inerente capacidade de tolerância à seca, essa cultura é considerada potencial candidata ao plantio safrinha. No entanto, o déficit hídrico ainda representa um fator limitante para o aumento da produtividade, existindo uma enorme variabilidade genética dentro do germoplasma de *C. arietinum* para a tolerância ao déficit hídrico. Diante do cenário de mudanças climáticas e escassez hídrica, o melhoramento tem buscado intensificar a busca por germoplasma com fatores de tolerância aos estresses abióticos. A avaliação dos níveis de tolerância e a caracterização da variabilidade genética de acessos com ênfase no déficit hídrico, contribui para maximizar a seleção de cultivares parentais e ampliar a base genética dos programas de melhoramento. Neste contexto, o presente trabalho visou estimar a similaridade genética entre acessos de grão de bico previamente identificados como contrastantes para a tolerância ao déficit hídrico.

METODOLOGIA

Os 46 acessos de grão de bico foram semeados em vasos plásticos com capacidade de 5L preenchidos com solo. Duas semanas após a germinação foi realizada a coleta de folhas jovens, de cada material para extração de DNA. O DNA total foi extraído individualmente de cada planta de acordo com a metodologia CTAB 2x e solventes orgânicos com algumas modificações (BOITEUX et al., 1999). Inicialmente foi realizada triagem utilizando 96 primers RAPD (Operon Technologies, Alameda, Califórnia, EUA). Seis primers foram selecionados, gerando amplicons polimórficos entre acessos. Todas as reações RAPD foram feitas em um volume de 12,5 µL. Os fragmentos de DNA amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose (1,5%) corados com brometo de etídeo. Os géis foram fotografados sob luz ultravioleta, tendo utilizado o marcador 1 Kb Plus DNA ladder (Invitrogen) para análise dos produtos obtidos. A partir da análise dos géis foi construída uma tabela de ausência ou presença de banda/ amplicons de onde foi gerada a matriz de similaridade baseada no coeficiente de Jaccard (JACCARD, 1908) utilizada para obtenção do dendograma pela opção UPGMA do software NTSYS PC (ROHLF, 2000).



Figura 1. Aspecto do cultivo em vaso de 46 acessos de grão de bico contrastantes para o déficit hídrico. Brasília, 2022.

RESULTADOS E CONCLUSÕES

A análise de agrupamento UPGMA a partir da matriz de similaridade de Jaccard forneceu índice de correlação cofenética 0,953. O primeiro nível de corte (distância de $\approx 0,640$) permitiu distinguir dois grandes grupos. Houve ainda mais três cortes com distâncias aproximadas de 0,725; 0,760 e 0,790, respectivamente, gerando dois subgrupos cada. O corte na distância de 0,790 gerou dois subgrupos. O subgrupo 1 englobou os acessos FLIP11-161, FLIP10-379, FLIP10-370, FLIP10-329 e a cultivar BRS Toro, caracterizadas previamente em ensaio de campo como pertencentes a um conjunto de cultivares com níveis mais elevados de tolerância ao déficit hídrico. Desta forma, estes acessos apresentam maior similaridade, sugerindo que eles compartilham semelhantes mecanismos genéticos de tolerância. Estes acessos também apresentam características agrônomicas superiores, abrindo a possibilidade de cruzamentos com materiais contrastantes visando combinar atributos de interesse. A presente análise identificou Cícero (grãos graúdos) e FLIP10-316 como os acessos geneticamente mais distantes. Ambos foram classificados com pouco tolerantes nos bioensaios. Novos marcadores moleculares estão sendo avaliados para expandir a presente análise.

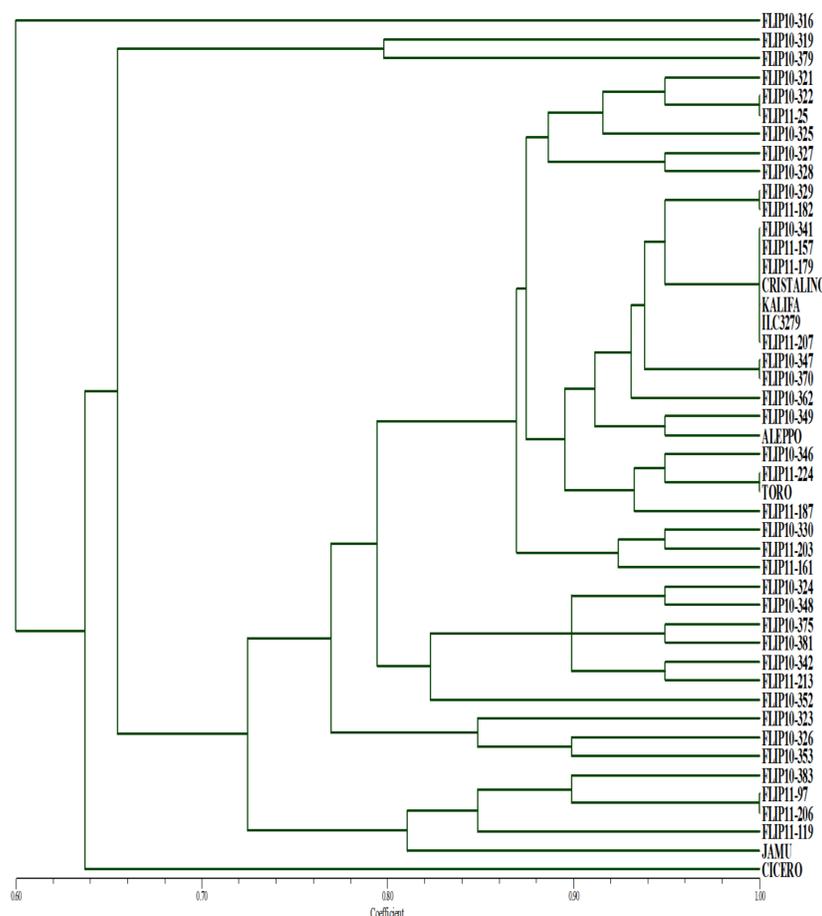


Figura 2. Dendograma baseado na análise de agrupamentos UPGMA que descreve as relações genéticas entre acessos de grão de bico. Brasília, 2022.

AGRADECIMENTOS

