

EXPLORANDO E COMPREENDENDO A DIVERSIDADE GLOBAL DO GERMPLASMA DE FEIJÃO COMUM

Cecilia Luvizutti Ferreira da Silva^{1,2*}; Dario Grattapaglia³; Maria Imaculada Zucchi²; Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser¹; Paula Pereira Torga¹; Paul Gepts⁴; Travis Parker⁴; Karen Cichy⁵; Yarmilla Reinprecht⁶; Rosana Pereira Vianello¹

¹Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás. ² UNICAMP, Campinas. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília. ⁴University of California, Davis. ⁵USDA-ARS, East Lansing. ⁶University of Guelph, Guelph. *E-mail: cecilia.luvizutti@unesp.br.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) desempenha um papel crucial na alimentação mundial. Embora tenha sido domesticado inicialmente na região do México e dos Andes, atualmente o feijão é cultivado em todo o mundo. Integrar e compreender a diversidade genética global dos recursos genéticos de feijão preservados em bancos de germoplasma é essencial para ampliar a base genética e ajudar a enfrentar os desafios atuais da agricultura. O objetivo deste estudo é elucidar a diversidade genética do feijão, integrando acessos de quatro grandes bancos de germoplasma de importância global. Foram analisados 1868 acessos, sendo 863 do banco de germoplasma da Embrapa; 502 do *Andean Diversity Panel* (ADP) composto com acessos dos bancos de germoplasma USDA e CIAT; 382 da coleção nuclear do USDA; e 121 cultivares da Universidade de Guelph, no Canadá (UG). Os acessos foram genotipados com 3484 SNPs comuns do chip BARCBean6K_3. Após filtragem, 3362 SNPs com call-rate acima de 90% foram mantidos para análises. A estruturação genética revelou uma divisão dos acessos em Andino (n=1140) e Mesoamericano (n=679), com a identificação de 49 híbridos. O grupo Mesoamericano apresentou maior diversidade genética (GD=0,292) e riqueza alélica ($A_R=2,35$) em comparação com o Andino (GD=0,11; $A_R=1,95$). Em termos de coleções, os acessos da UG apresentaram a maior diversidade genética (GD=0,376; $A_R=2,13$), enquanto os da Embrapa mostraram a maior riqueza alélica (GD=0,324; $A_R=2,34$). Nos acessos Andinos, os da UG (n=34; GD=0,144; $A_R=1,76$) e do ADP (n=460; GD=0,129; $A_R=1,78$) apresentaram maior diversidade genética e riqueza alélica, respectivamente. Nos Mesoamericanos, a Embrapa (n=268; GD=0,281; $A_R=2,2$) e o USDA (n=293; GD=0,282; $A_R=1,95$) destacaram-se com as maiores estimativas. A análise revelou uma riqueza alélica de 2,99 para os 1868 acessos avaliados, 2,86 para os Andinos e 2,97 para os Mesoamericanos, com um total de 2887 alelos privados identificados, evidenciando valiosos acessos portadores desses alelos. A análise integrativa revelou padrões distintos de diversidade genética e riqueza alélica que se complementam, com valor inestimável para a conservação da espécie e sustentabilidade da cultura de feijão frente aos desafios ambientais e às crescentes demandas alimentares.

Palavras-chave: Feijão comum; Germoplasma; Diversidade Genética.

Agradecimentos: Agradecemos à Embrapa, à UNICAMP e às agências CAPES, FAPDF e FAPESP.