



Ampliando a compreensão sobre as misturas varietais de feijão comum manejadas no Noroeste Fluminense

Diego Chagas Batista, Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti, Leonardo Kaminski Perini, Marlon Rangel da Silva Pacheco, Túlio Araujo Otal, Cláudia Pombo Sudré, Rosana Rodrigues

O manejo *on farm* da agrobiodiversidade permite a manutenção dos processos evolutivos, em espécies domesticadas, desenvolvendo a base genética para a adaptabilidade das populações e para programas de melhoramento. Apesar das práticas dos agricultores serem centrais e influenciarem diretamente esse processo, elas têm recebido pouca atenção. No Noroeste fluminense, alguns sistemas agrícolas familiares conservam a tradição de consumir e cultivar uma rica coleção de feijão-comum em misturas. Com o intuito de compreender a influência desse manejo na evolução, diversificação e conservação do feijoeiro, 20 acessos oriundos dessas misturas estão sendo caracterizados. Um total de dez descritores qualitativos e nove quantitativos associados à produção e morfologia da planta, flor, vagem e semente foram analisados, usando diferentes métodos, que incluíram contagem, pesagem e análise de imagens digitais, analisadas pelo programa ImageJ. Resultados preliminares da caracterização fenotípica, indicaram a coexistência, na mesma mistura, de genótipos característicos dos *pools* gênicos Mesoamericano e Andino, pertencentes a sete tipos comerciais distintos: Carioca, Preto, Roxinho, Verde, Pardo, Mulatinho e Rajado-Roxo. Houve polimorfismo entre os acessos, para todas as variáveis analisadas, incluindo cor da flor e das vagens, hábito de crescimento, ciclo e produção. A variabilidade dentro dos acessos foi bastante expressiva, uma vez que 50% apresentaram heterogeneidade, em pelo mesmo um descritor morfológico. A próxima etapa da pesquisa é a genotipagem desses acessos. Uma amostra de folhas jovens recém expandidas de uma planta de cada acesso já foi coletada e armazenada para extração do DNA. Vinte e seis marcadores microssatélites, desenvolvidos para feijoeiro e avaliados como altamente polimórficos serão testados. A diversidade e a estrutura genética serão estudadas usando padrões de diversidade como número de alelos por *locus*, heterozigosidades médias observada e esperada, e o índice de fixação de Wright. Para a definição de grupos genéticos será realizada uma análise bayesiana, pelo programa *Structure*. Serão construídos dendrogramas utilizando o método Neighbor-Joining, baseado em distâncias genéticas. Variações genéticas entre e dentro de grupos obtidos pelo programa *Structure* serão avaliadas usando a análise de variância molecular (AMOVA). Os resultados deste trabalho contribuirão para ampliar o entendimento de como fatores culturais e genéticos estão associados à evolução, conservação e diversificação do feijoeiro-comum, no extremo noroeste fluminense, e para a orientação de estratégias integradas de conservação das variedades locais, inéditas no estado.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; agrobiodiversidade; manejo *on farm*.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Fomento da bolsa (quando aplicável): CNPq