

XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U III Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

EVIDÊNCIA DE POLINIZAÇÃO CRUZADA EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-COMUM CULTIVADOS EM MISTURAS CARACTERIZADOS POR MARCADORES SSR

Diego Chagas Batista, Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti, Marcela Santana Bastos Boechat, Alex Souza Rodrigues, Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes, Rosana Rodrigues

Feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é considerado uma espécie autógama, com taxas variadas de polinização cruzada que dependem do genótipo cultivado, proximidade entre genótipos e de áreas atrativas para polinizadores, entre outros fatores. O manejo tradicional de misturas varietais de feijão-comum cultivadas nas linhas do café, no alto noroeste fluminense, pode estar favorecendo esses cruzamentos. Assim, o objetivo do presente trabalho foi caracterizar 92 genótipos cultivados nesse sistema, por meio de marcadores microssatélites. As plantas foram cultivadas em vasos, em casa de vegetação, na UENF. Uma amostra de folhas jovens foi obtida de uma única planta de cada genótipo, para a extração do DNA. Cinquenta e nove marcadores SSR foram testados e 17 foram pré-selecionados baseados na qualidade de amplificação dos fragmentos visualizados em gel de agarose 4%. Para caracterização molecular, os produtos da PCR dos marcadores selecionados foram submetidos ao sistema de eletroforese capilar. Número de alelos por loco, heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) e índice de endogamia foram estimados. A matriz de dissimilaridade genética entre os pares de genótipos foi estimada por meio do Índice ponderado e utilizada para a construção de um dendrograma de distâncias genéticas por meio do método UPGMA. Identificou-se um total de 36 alelos. Cinco *loci* foram monomórficos (F6, F20, F27, F30 e F67). O número de alelos por loco polimórfico variou de 2,0 a 4,0, com média de 2,59 alelos por loco. A menor diversidade genética foi de 0,17 (F17) e a maior foi de 0,69 (F48) e, em nove dos 12 marcadores polimórficos foram detectados heterozigotos. O valor médio do PIC foi de 0,36, variando entre 0,15 a 0,63. A heterozigosidade média obtida para os genótipos foi de 0,52, variando de 0,36 a 0,67. Apenas oito genótipos não apresentaram heterozigosidade observada. Nos demais, esse parâmetro variou de 0,08 a 0,25. O índice de fixação variou de 0,5 a 1,0. O coeficiente de correlação cofenético, igual a 0,95, demonstrou adequado ajuste entre a matriz de distância genética e o dendrograma. Pode-se visualizar a formação de dois grupos, com base no método de Mojema. O primeiro reuniu genótipos das classes *Verde* e *Rajado Roxo*, característicos de *pool* gênico Andino. O segundo reuniu 89% dos genótipos, caracterizados por sementes pequenas (*pool* gênico Mesoamericano) e apresentou quatro subgrupos. Esses resultados evidenciam a ocorrência de polinização cruzada nessa população, reforçando a importância do manejo *on farm* na ampliação e manutenção da diversidade genética de espécies domesticadas.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Eixo temático: Melhoramento Genético Vegetal

Fomento da bolsa (quando aplicável): CNPq

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



UIII Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

EVIDENCE OF CROSS POLLINATION IN COMMON BEAN GENOTYPES GROWN IN MIXTURES CHARACTERIZED BY SSR MARKERS

Diego Chagas Batista, Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti, Marcela Santana Bastos Boechat, Alex Souza Rodrigues, Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes, Rosana Rodrigues

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is considered an autogamous species, with varied cross-pollination rates that depend on the cultivated genotype, proximity between genotypes and attractive areas for pollinators, among other factors. The traditional management of varietal mixtures of common bean cultivated in coffee lines, in the upper northwest of the state of Rio de Janeiro, may be favoring these crossings. Thus, the objective of the present work was to characterize 92 genotypes cultivated in this system, using microsatellite markers. The plants were grown in pots, in a greenhouse, at UENF. A sample of young leaves was obtained from a single plant of each genotype, for DNA extraction. Fifty-nine SSR markers were tested and 17 were pre-selected based on the amplification quality of fragments visualized on a 4% agarose gel. For molecular characterization, the PCR products of the selected markers were submitted to the capillary electrophoresis system. Number of alleles per locus, observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosity and inbreeding index were estimated. The genetic dissimilarity matrix between pairs of genotypes was estimated using the *Índice Ponderado* and used to construct a dendrogram of genetic distances using the UPGMA method. A total of 36 alleles were identified. Five loci were monomorphic (F6, F20, F27, F30 and F67). The number of alleles per polymorphic locus ranged from 2.0 to 4.0, with an average of 2.59 alleles per locus. The lowest genetic diversity was 0.17 (F17) and the highest was 0.69 (F48) and, in nine of the 12 polymorphic markers, heterozygotes were detected. The mean value of the PIC was 0.36, ranging from 0.15 to 0.63. The mean heterozygosity obtained for the genotypes was 0.52, ranging from 0.36 to 0.67. Only eight genotypes did not show observed heterozygosity. In the others, this parameter ranged from 0.08 to 0.25. The fixation index ranged from 0.5 to 1.0. The cophenetic correlation coefficient, equal to 0.95, showed adequate adjustment between the genetic distance matrix and the dendrogram. The formation of two groups was observed, based on the Mojema method. The first gathered genotypes of the *Verde* and *Rajado Roxo* classes, characteristic of the Andean gene pool. The second gathered 89% of the genotypes, characterized by small seeds (Mesoamerican gene pool) and presented four subgroups. These results show the occurrence of cross-pollination in this population, reinforcing the importance of on farm management in expanding and maintaining the genetic diversity of domesticated species.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

