

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

DAVID TEIXEIRA GUIDOTI

Diversidade genética e análise de tendência entre acessos tradicionais de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio de marcadores moleculares e morfológicos

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
MARÇO – 2011

RESUMO

GUIDOTI, David Teixeira, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, março de 2011. Diversidade genética e análise de tendência entre acessos tradicionais de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio de marcadores moleculares e morfológicos. Professora Orientadora: Adriana Gonela. Professores Conselheiros: Maria Celeste Gonçalves Vidigal e Maria de Fátima Pires da Silva Machado.

Os bancos de germoplasmas são as unidades conservadoras de material genético de uma espécie para uso imediato ou futuro. A caracterização da diversidade genética desses bancos é importante para que a mesma seja utilizada de forma correta pelos programas de melhoramento. No que se refere ao feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), o qual se destaca como uma das leguminosas mais cultivadas no mundo, há bancos de germoplasmas internacionais e nacionais e, dentre estes, um pertencente à Universidade Estadual de Maringá (UEM), o Banco de Germoplasma do Feijoeiro Comum (BGF), do Núcleo de Pesquisas Aplicadas à Agricultura (Nupagri), no qual são mantidos em torno de 181 acessos da espécie. Portanto, considerando o exposto acima, o presente trabalho teve como objetivo analisar, por meio de marcadores moleculares e características morfoagronômicas, a diversidade genética existente entre 17 acessos de feijoeiro comum, pertencentes ao BGF/Nupagri/UEM. A diversidade genética foi obtida com base na análise conjunta de todas as características avaliadas, utilizando a plataforma Genetics do SAS - 'Statistical Analysis System'. Para tanto, uma matriz de dissimilaridade foi elaborada com base no coeficiente de Jaccard, a partir da qual foi construído um dendograma, validado pela Análise Multidimensional Escalar e dos Componentes Principais não Ortogonais. Além disto, realizou-se a Análise de Tendência de Cochran-Armitage, com a finalidade de testar os marcadores quantitativamente, associando-os com as características agronômicas ou morfológicas observadas. Com base na análise de diversidade genética, foi possível agrupar os acessos em dois grandes grupos, sendo um composto por 11 acessos de origem Andina e o outro por seis Mesoamericanos. A maior dissimilaridade genética foi obtida entre o acesso BGF 13 e o grupo CL04 (BGF 1, BGF 4, BGF 5, BGF 12 e BGF 18). Os acessos mais similares foram BGF 2 x BGF 3, BGF 6 x BGF 11 e BGF 9 x BGF 17. A análise de tendência de Cochran-Armitage foi eficiente na identificação de loci microssatélites que apresentaram tendência de ligação às características morfo-agronômicas, tais como, BMD-9 e BMD-42 ao conjunto gênico, BMD-10, BMD-12 e BMD-46 ao hábito de crescimento, e BMD-42 com relação à reação à raça 2047 de *C. lindemuthianum*. Com base nos resultados obtidos, pôde-se concluir que as análises foram eficientes em detectar a

diversidade genética existente entre os acessos analisados, assim como loci microssatélites com tendência de ligação às características morfoagronômicas, possibilitando, assim, a inserção do germoplasma analisado em programas de melhoramento do feijoeiro comum.

Palavras chave: Variabilidade genética; microssatélite, Cochran-Armitage.

ABSTRACT

GUIDOTI, David Teixeira, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, March 2011. **Genetic diversity and trend analysis among accessions of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) by molecular markers and morpho-agronomic traits.** Adviser: Adriana Gonela. Committee Members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal and Maria de Fátima Pires da Silva Machado.

The germplasm banks are conservative units of the genetic material of a specie for an immediate or future use. The genetic diversity characterization is important for the correct use of these genetic resources mainly by the improvement programs. Concerning about the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), which stands out as one of the most cultivated leguminous in the world there are international and national germplasm banks and, among these, there is one belonging to the Universidade Estadual de Maringá, the Common Bean Germoplasm Bank (CBGM) of Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri) in which are kept around 181 accessions of the specie. Therefore, according to the exposed above, the present research had as objective to analyze by molecular markers and morpho-agronomic traits the genetic diversity found among 17 common bean accessions from CBGM. The genetic diversity was obtained with basis on the combined analysis of all the evaluated characteristics, using the Genetics Platform SAS - Statistical Analysis System. A dissimilarity matrix was elaborated with basis on the Jaccard coefficient, which was used to construct a dendrogram, validated by Multidimensional Scaling Analysis and Non-Orthogonal Principal Components. Moreover, it was carried out the Cochran-ArmitageTendency Analysis, with the aim to test the markers quantitatively, associating them to the agronomic and morphological characteristics observed. According to the genetic diversity analysis it was possible to cluster the accessions into two large groups, one composed by eleven accessions from Andean gene pool while the other six from Mesoamerican gene pool. The highest genetic dissimilarity was obtained between the BGF 13 accession and the group CL04 (BGF 1, BGF 4, BGF 5, BGF 12 and BGF 18). The most similar accessions were BGF 2 x BGF 3, BGF 6 x BGF 11 and BGF 9 x BGF 17. The Cochran-Armitage Trend Test was efficient on the identification of *loci* microsatellites with the trend-binding to

morpho-agronomic traits, such as, BMd-9 and BMd-42 to the gene pool, BMd-10, BMd-12 and BMd-46 to the growing habit and BMd-42 with relation of the reaction to the 2047 race of *C. lindemuthianum*. Therefore, according to the results obtained, it was possible to conclude that the analysis were efficient in detecting the genetic diversity existent among the accessions analyzed, such as *loci* microsatellites with the trend-binding to morpho-agronomic traits thus enabling the insertion of this germplasm in common bean improvement programs.

Key words: Genetic variability, microsatellites, Cochran-Armitage.

