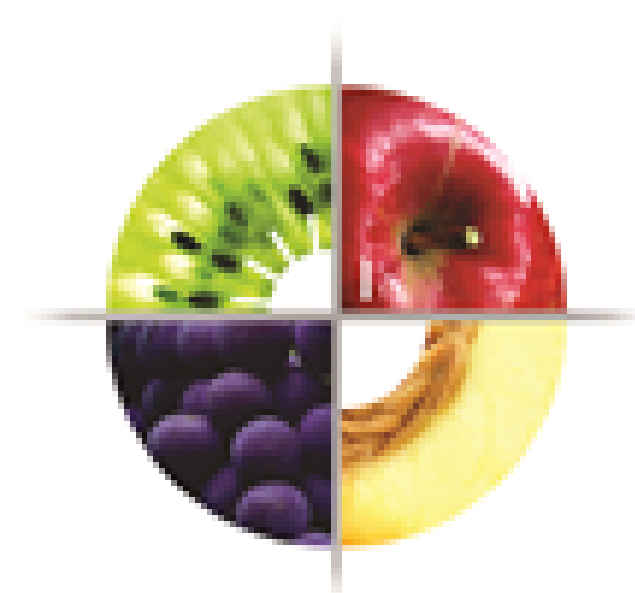




XIX ENFRUTE
ENCONTRO NACIONAL
SOBRE FRUTICULTURA
DE CLIMA TEMPERADO

28.29.30 JULHO 2026 PARQUE DA MAÇÃ - FRAIBURGO/SC



3º SEMINÁRIO
CATARINENSE DE OLERICULTURA

III SEMCO



DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) USANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES

Keny Henrique Mariguele; Maria Carolina Macario Cordeiro; Adriana Klock
– Estação Experimental de Itajaí / kenymariguele@epagri.sc.gov.br

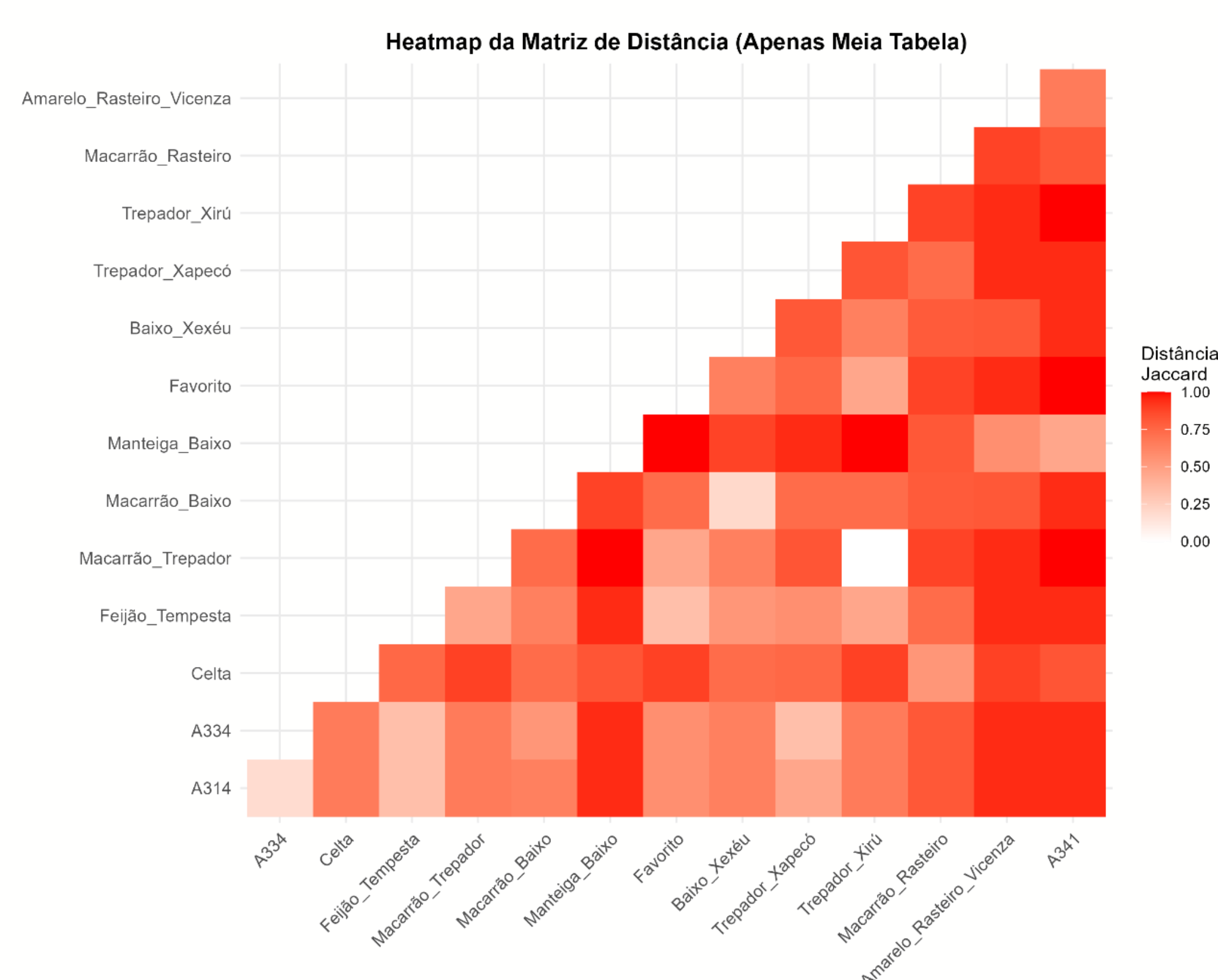
INTRODUÇÃO

O feijão-vagem é uma hortaliça com importância socioeconômica, cultivada em todo o território brasileiro. Tradicionalmente, cultivada por pequenos produtores. Por isso, conhecer a diversidade genética de acessos conservados em Bancos de Germoplasma ou em Coleções é fundamental para programas de melhoramento, conservação e uso sustentável.

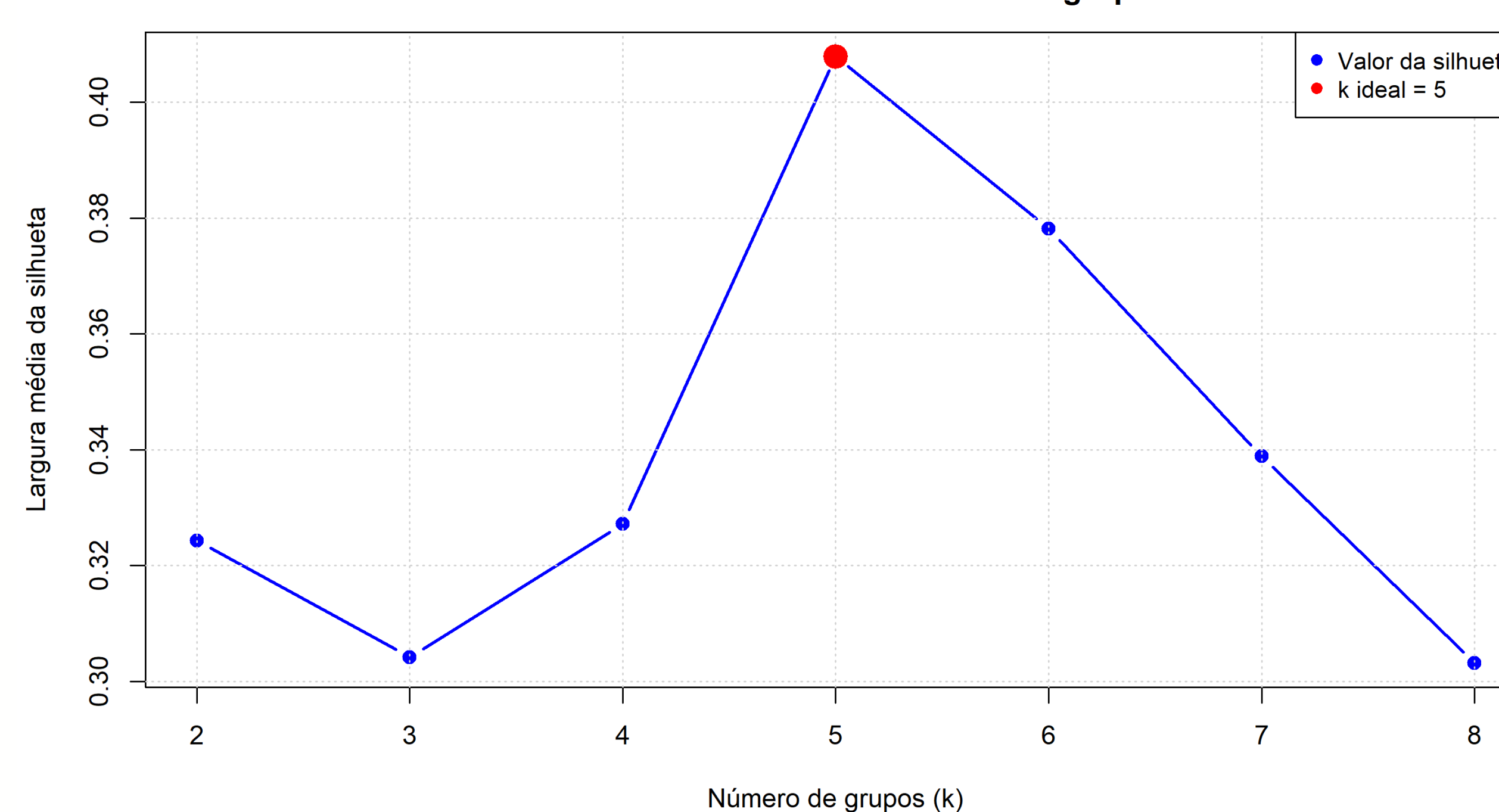
METODOLOGIA

- Avaliar a diversidade molecular entre 14 acessos;
- 12 iniciadores SSR (BMd-20, BM189, BM213, IFRT02, IFRT03, PEVEST008, PEVEST017, PEVEST030, PvM02, PvM03, SSR-IAC10, SSR-IAC22);
- Software R: matriz de distância de Jaccard, agrupamento por UPGMA, número ideal de grupo do Método da Silhueta.

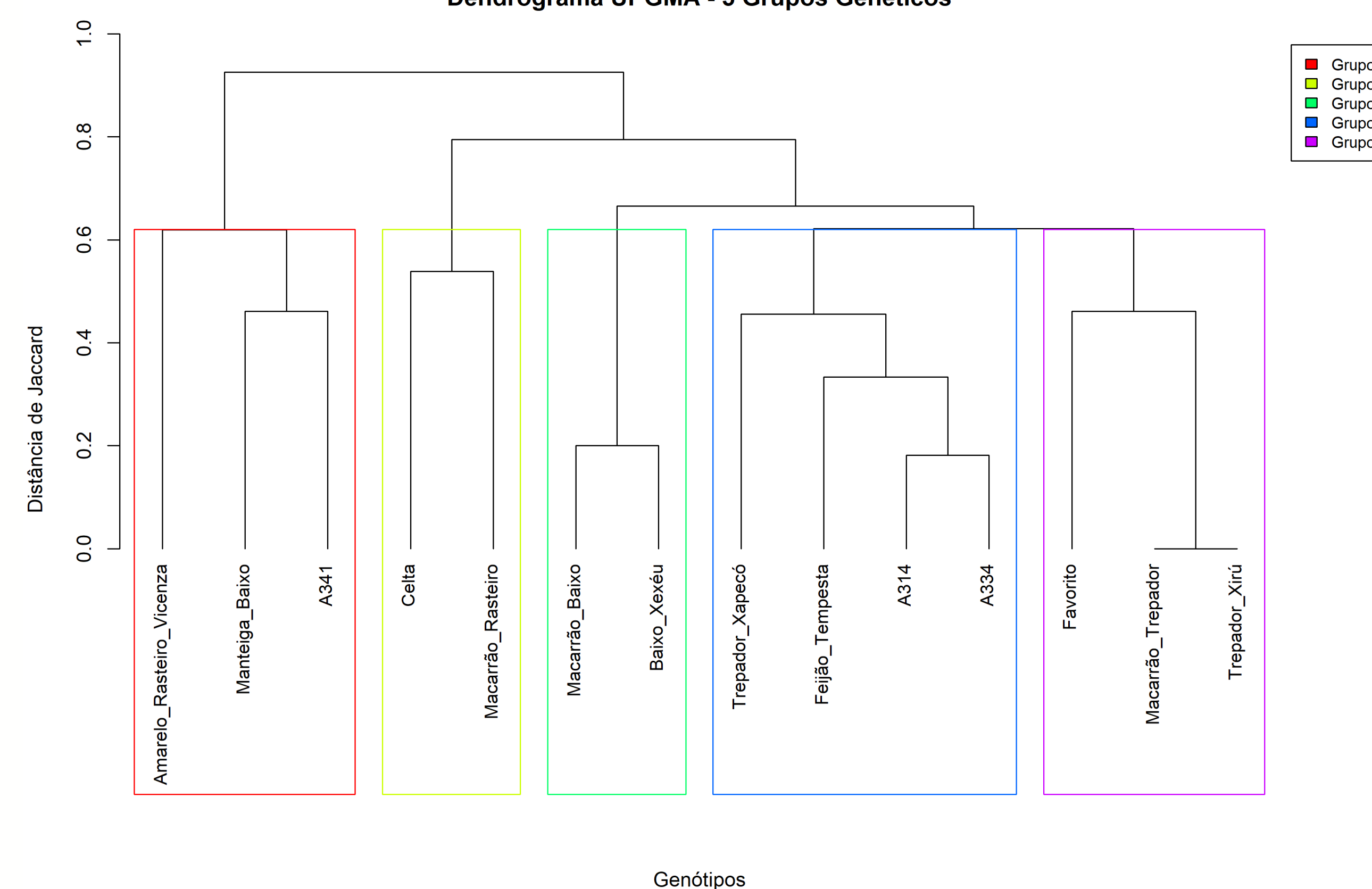
RESULTADOS



Método da Silhueta - UPGMA
Maior valor indica melhor número de grupos



Dendrograma UPGMA - 5 Grupos Genéticos



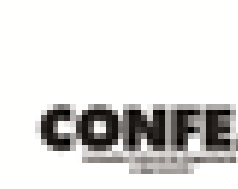
CONCLUSÃO

Os 12 marcadores SSR foram eficientes para detectar variabilidade genética molecular entre os acessos de feijão-vagem da coleção da EEI. Uma vez que, a formação de cinco grupos genéticos distintos (com correlação cofenética de 0,9258) sugere a existência de materiais promissores para uso em programas de melhoramento.

PROMOÇÃO



APOIO



www.enfrute.com