



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 [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] USANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES

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

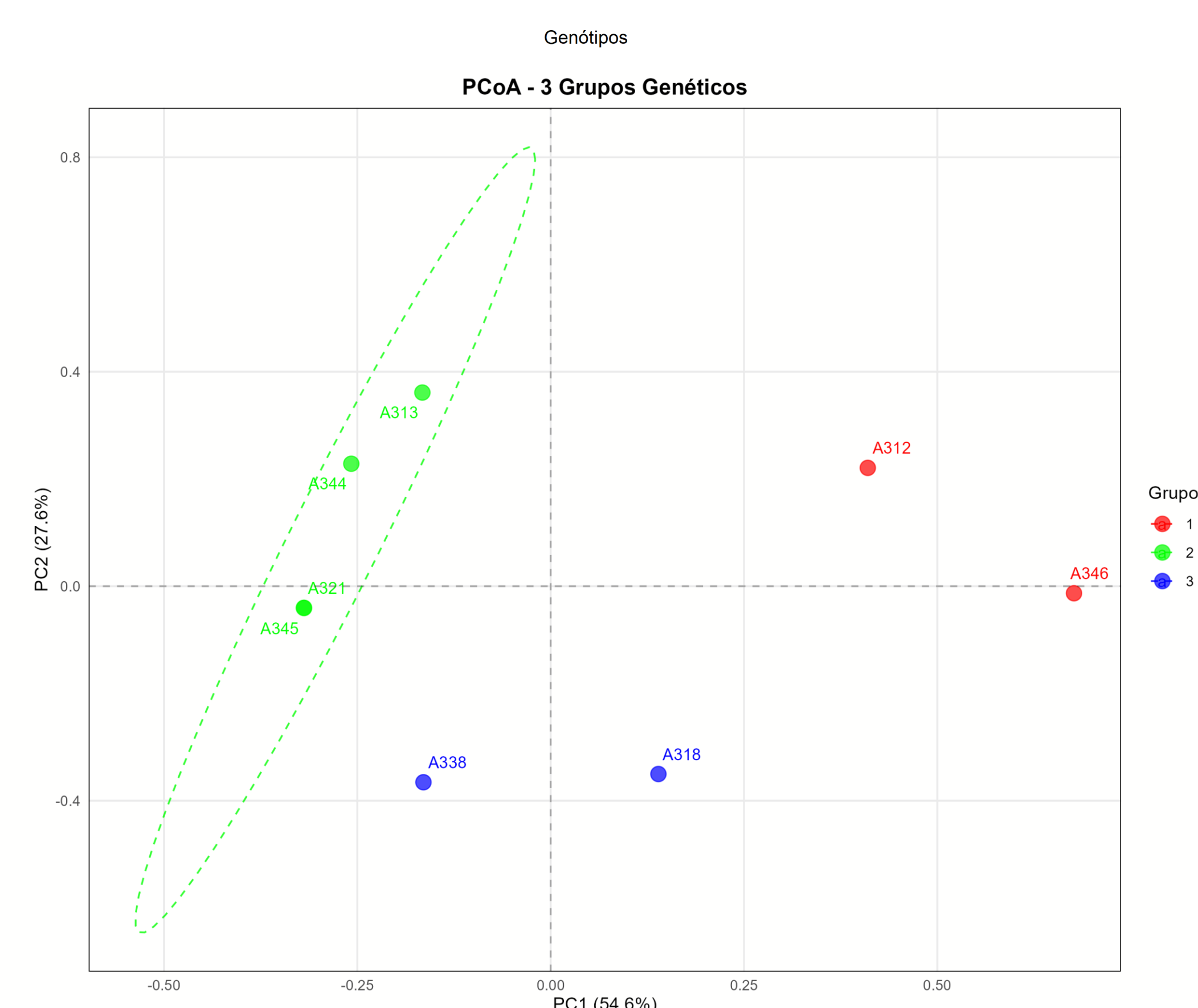
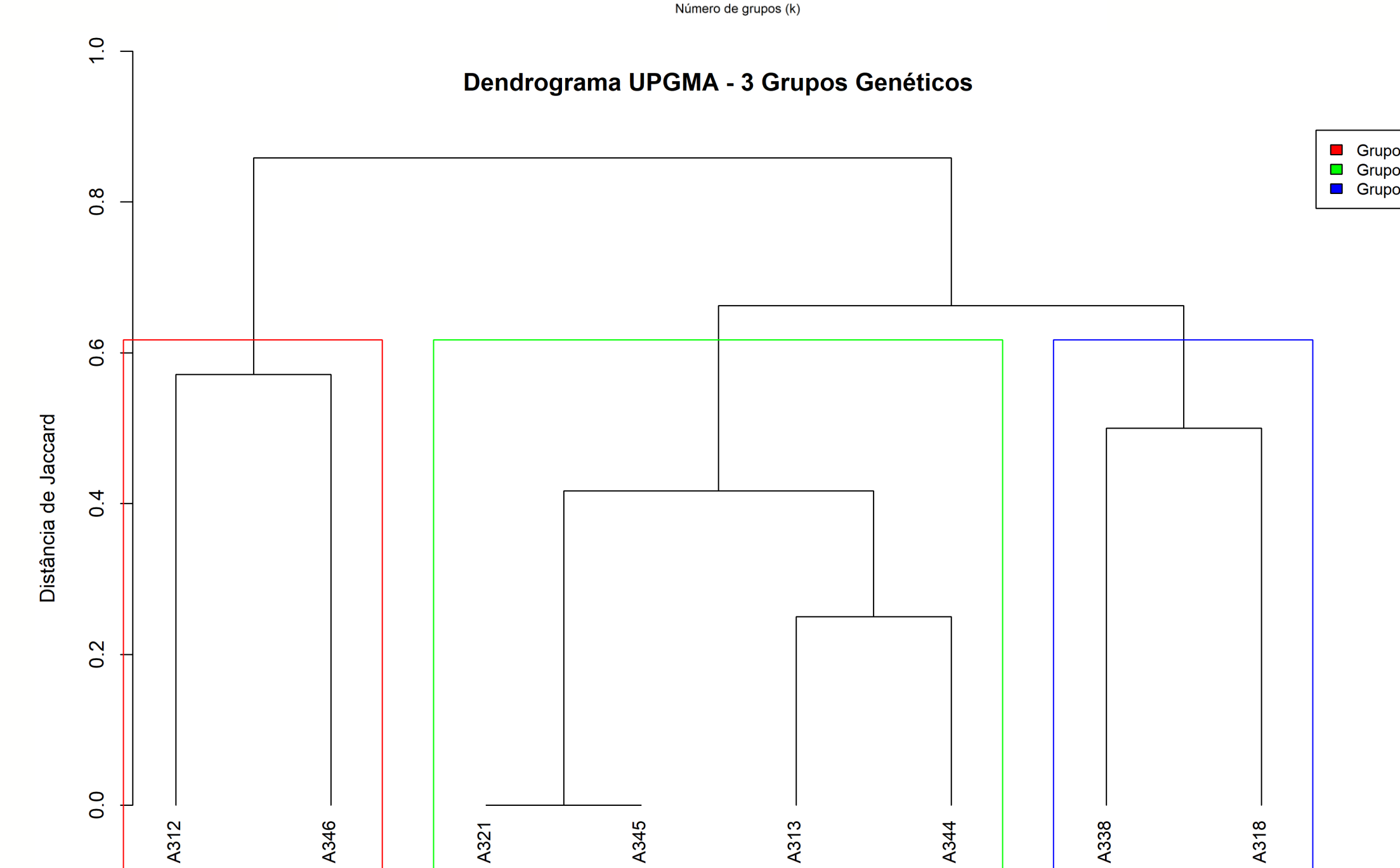
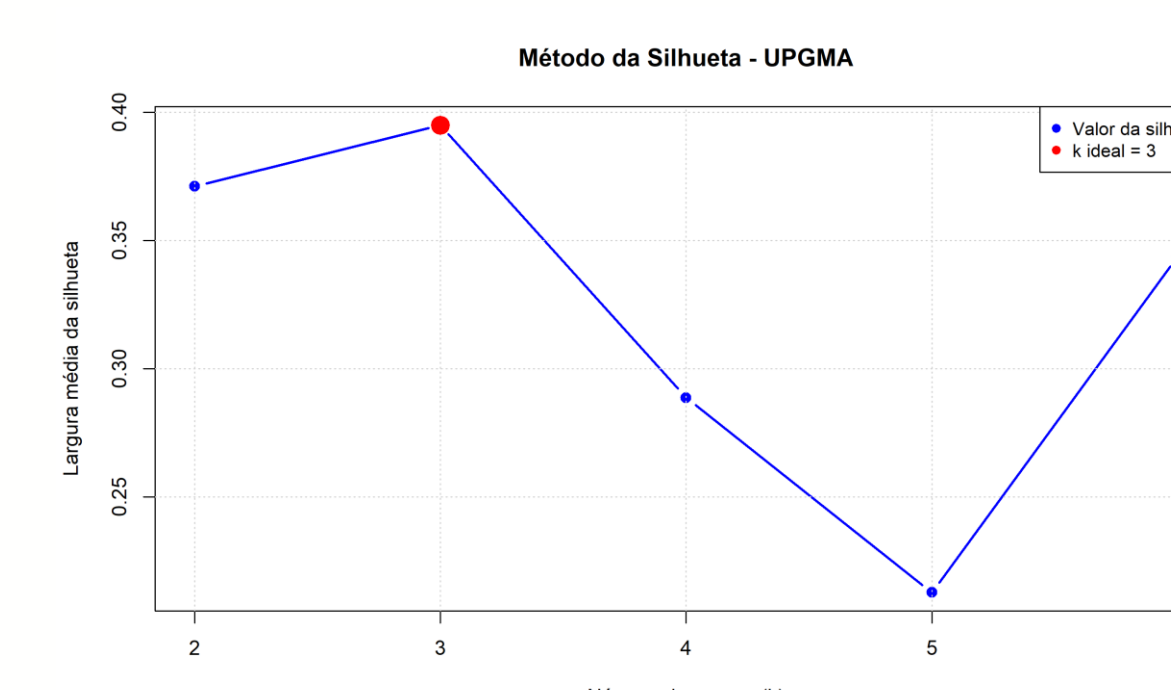
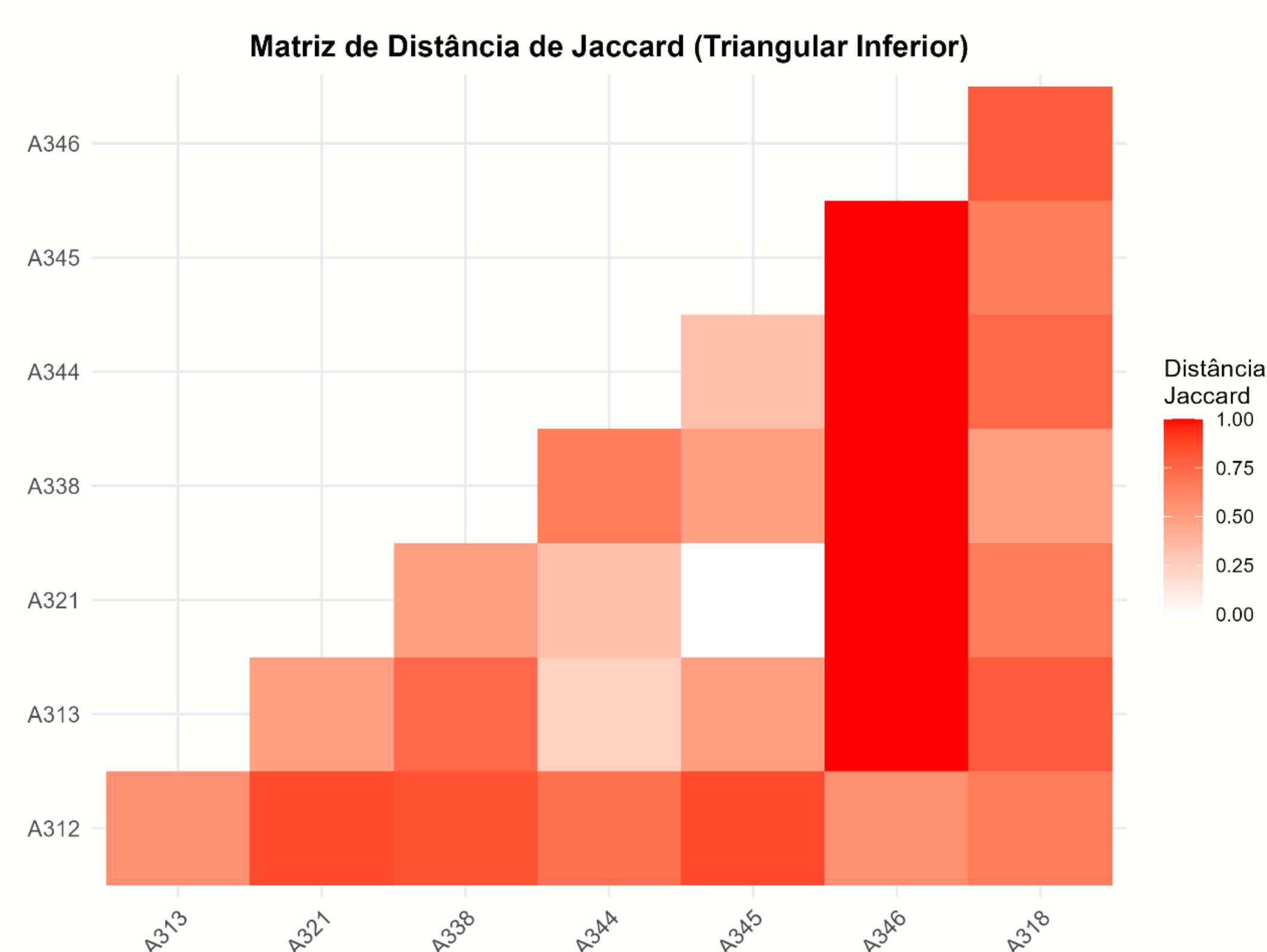
INTRODUÇÃO

O feijão-vagem é uma hortaliça importante para a agricultura familiar. Na qual, os pequenos produtores cultivam essa espécie em áreas reduzidas e com baixo uso de insumos externos. Por isso, Bancos de Germoplasma e Coleções Ativas desempenham papel estratégico ao conservar, caracterizar e disponibilizar acessos diversos.

METODOLOGIA

- Avaliar a diversidade molecular entre 8 acessos;
- 6 iniciadores SSR (BM189, BM213, IFRT15, PvM02, PvM03, SSR-IAC22);
- Software R: matriz de distância de Jaccard, agrupamento por UPGMA, número ideal de grupo do Método da Silhueta e PCoA.

RESULTADOS



CONCLUSÃO

Os marcadores SSR foram eficientes para detectar alta diversidade genética entre os acessos, com destaque para 'A346' como o mais divergente. Além disso, os agrupamentos obtidos [UPGMA (correlação cofenética = 0,8885) e PCoA] foram consistentes e orientam cruzamentos futuros. Por fim, recomenda-se que estudos futuros incluam associação com caracteres morfoagronômicos.

PROMOÇÃO



APOIO



www.enfrute.com