

DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES E LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM COM BASE NA REAÇÃO A DOENÇAS

GENETIC DIVERSITY OF COMMON BEAN CULTIVARS AND LINES BASED ON DISEASE REACTIONS

Ana Paula S. Mota¹; Leonardo C. Melo²; Adriane Wendland³, Helton S. Pereira⁴; Thiago Lívio P. O. Souza⁵

Introdução. O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos legumes mais utilizados na alimentação humana, principalmente em países da África e América Latina, por constituir importante fonte de proteínas, carboidratos, vitaminas e minerais, essenciais à dieta humana. Sua importância social e econômica é inquestionável. Entretanto, sua produção é fortemente afetada por fatores bióticos e abióticos, dentre eles o ataque de patógenos. Grande esforço tem sido dedicado no desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resistentes a doenças. Com isso, estudos de diversidade genética entre cultivares e linhagens elite podem auxiliar no desenvolvimento de cultivares, uma vez que agregam informações para a seleção de genitores (Cabral et al., 2011). Segundo Alzate-Marin et al. (2005), algumas das principais doenças de origem fúngica que acometem o feijão possuem resistência de herança simples, governada por um ou poucos genes. Nesse sentido, a caracterização de genótipos por meio da reação diferencial a doenças apresenta-se como uma estratégia interessante para a identificação de genótipos superiores. Assim, este trabalho objetivou estimar a diversidade genética entre cultivares e linhagens elite desenvolvidas pela Embrapa e parceiros com base na reação às principais doenças que acometem a cultura no Brasil: antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*), ferrugem (*Uromyces appendiculatus*), mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*), murcha-de-fusário (*Fusarium oxysporum*) e crestamento-bacteriano-comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*).

Material e Métodos. Foram avaliadas 17 linhagens, sendo 12 cultivares indicadas para plantio no Brasil e cinco linhagens elite em fase pré-comercial, desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e instituições parceiras. Destas, 14 pertencem ao grupo comercial carioca (Pérola, BRS Pontal, BRS Ametista, BRS Notável, BRS Cometa, BRS Horizonte, BRS Estilo, BRSMG Majestoso, BRSMG Madrepérola, CNFC 10429, CNFC 10431, CNFC 10432, CNFC 10467 e VC-6) e três ao grupo preto (BRS Esplendor, BRS Supremo e BRS Valente). As avaliações fenotípicas das linhagens foram realizadas em 18 ambientes e 23 locais, nos estados de Goiás, Paraná e Santa Catarina, nas safras das águas, seca e inverno, nos anos de 2008, 2009 e 2010. Foram avaliadas diversas características agrônômicas, entretanto, apenas os dados de reação a doenças foram considerados nas análises de diversidade realizadas neste trabalho (reação à antracnose, mancha-angular, ferrugem, crestamento bacteriano comum e murcha-de-fusário). As avaliações de doenças foram realizadas em apenas uma repetição por experimento, sempre que houve ocorrência natural da doença. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC), com três repetições, sendo cada unidade experimental composta por quatro linhas de 4,0 m, espaçadas 0,5 m. Os sintomas das doenças foram avaliados com base em escalas de notas contendo nove graus de reação, sendo o grau 1 atribuído às parcelas imunes e o 9 às parcelas severamente destruídas pela doença. (Melo, 2009). A existência de variabilidade genética entre as cultivares e linhagens foi testada por meio da análise de variância. Posteriormente, as médias foram agrupadas pelo critério Scott-Knott a 5% de probabilidade. Também foram calculados os coeficientes de correlação de Pearson entre as variáveis e a matriz de dissimilaridade através da distância euclidiana média, utilizando o aplicativo computacional Genes (Cruz, 2013). Posteriormente, um dendrograma foi gerado pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando os pacotes “adegenet”,

¹Mestranda, Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. anapaula_pjb@hotmail.com;

²Pesquisador, CNPAF, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Brasil. leonardo.melo@embrapa.br;

³Pesquisadora, CNPAF, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Brasil. adrianew@cnpaf.embrapa.br;

⁴Pesquisador, CNPAF, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Brasil. helton.pereira@embrapa.br;

⁵Pesquisador, CNPAF, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Brasil. thiago.souza@embrapa.br;

“ade4”, “ape” e “vegan” do programa R. Para avaliar a precisão do agrupamento, foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (CCC), obtido com 10.000 simulações pelo teste de Mantel.

Resultados e Discussão. Das cinco variáveis analisadas, ferrugem e antracnose correlacionaram-se positivamente ($r = 0,59^{**}$). Essa associação pode ser explicada pelo fato de existirem genes de resistência à antracnose e à ferrugem que estão ligados, ou seja, posicionados de forma relativamente próxima no mesmo grupo de ligação (Gonçalves-Vidigal et al., 2013). Quanto às demais características analisadas, não foram observadas associações significativas (Tabela 1).

Tabela 1. Correlação de Pearson entre reações a doenças de 17 cultivares e linhagens de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris*).

	AN ¹	MA ²	FE ³	CBC ⁴	MF ⁵
NA	-				
MA	-0.05 ^{ns}	-			
FE	0.59 [*]	-0.03 ^{ns}	-		
CBC	0.41 ^{ns}	0.04 ^{ns}	0.18 ^{ns}	-	
MF	0.11 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	-0.06 ^{ns}	0.44 ^{ns}	-

^{**}diferença significativa a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t; ^{ns}diferença não significativa. ¹Antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*); ²Mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*); ³Ferrugem (*Uromyces appendiculatus*); ⁴Crestamento bacteriano comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) e ⁵Murcha de fusário (*Fusarium oxysporum*).

Verificaram-se diferenças entre as cultivares e linhagens para a maioria dos caracteres avaliados, evidenciando variabilidade entre os acessos testados. Quanto à reação a antracnose, os genótipos agruparam-se em duas classes pelo teste Skott-Knott. As cultivares Pérola e BRS Valente apresentaram maior suscetibilidade ao ataque de *C. lindemuthianum*. Os demais genótipos, entretanto, reagiram relativamente bem, demonstrando algum grau de tolerância a essa doença, particularmente por apresentarem notas baixas na escala de avaliação, diferindo-se significativamente de Pérola e BRS Valente. É possível que no grupo de genótipos mais tolerantes encontrem-se genes de resistência a raças do patógeno que predominaram nas regiões de cultivo. Em relação à ferrugem, foram formadas três classes, sendo que todas as linhagens apresentaram graus médios de reação abaixo de 3,0, com exceção das cultivares BRS Notável e BRS Valente, o que evidencia o sucesso do melhoramento genético para resistência à *Uromyces appendiculatus*. Para mancha angular, observou-se a formação de seis classes, sendo que as linhagens elite CNFC 10429, CNFC 10431, CNFC 10432 e CNFC 10467 apresentaram resultados mais expressivos, ao contrário das cultivares BRS Cometa, BRS Horizonte e BRS Ametista, nas quais foram constatadas as notas médias mais prejudiciais. Quanto à murcha-de-fusário, houve a formação de duas classes, sendo que 65% dos genótipos foram agrupados uma classe que apresenta notas médias superiores a 6,0, o que demonstra a necessidade de maiores esforços para o desenvolvimento de cultivares resistentes à doença. Contudo, a cultivar BRS Esplendor destaca-se como resistente, apresentando grau médio de reação de 2,0. É notório que os sintomas incitados por *Fusarium oxysporum* foram os mais prejudiciais. Por fim, para crestamento-bacteriano-comum observou-se a formação de três classes. BRS Supremo, por sua vez foi agrupado isoladamente e obteve o menor grau médio de reação, indicando padrão de suscetibilidade à referida doença. (Tabela 2). As distâncias euclidianas variaram entre os extremos 0,30 (CNFC 10467 e CNFC 10432) e 2,67 (BRS Valente e BRS Esplendor). (Tabela 3). BRS Esplendor se destacou por apresentar os menores graus médios de reação a doenças. Quanto à antracnose, particularmente, sabe-se que esta cultivar é resistente a alguns patótipos de *C. lindemuthianum*, identificados como “89”, “585”, “95” e “453” (Albrecht & Carvalho, 2004). Entretanto, o agente causador da doença apresenta alta variabilidade, sendo conhecidas mais de cem raças diferentes. Logo, embora apresente genes de resistência, os patótipos que predominaram nos ambientes de avaliação possivelmente não estão dentro do espectro de resistência desta cultivar. O mesmo supostamente pode ter acontecido para as demais doenças (MA, FE, CBC e MF). Em sua grande maioria, os genótipos avaliados reagiram semelhantemente a duas das principais doenças do feijoeiro, ferrugem

e antracnose. Com exceção às cultivares BRS Valente (já mencionada) e BRS Ametista, as demais linhagens e cultivares apresentaram comportamento de resistência.

Tabela 2. Graus médios de reação a doenças de dezessete cultivares e linhagens elite de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris*), desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e parceiros.

Genótipos	Ano de lançamento	Doenças				
		AN ¹	MA ²	FE ³	CBC ⁴	MF ⁵
BRS 7762 Supremo	2007	6,28 ^a	4,20 ^c	1,50 ^a	5,00 ^c	8,00 ^a
BRS 9435 Cometa	2009	1,25 ^a	5,60 ^d	1,75 ^a	3,60 ^b	7,30 ^a
BRS Ametista	2012	2,00 ^a	6,60 ^e	1,50 ^a	3,20 ^a	2,70 ^b
BRS Esplendor	2008	1,25 ^a	4,10 ^c	2,00 ^a	2,00 ^a	2,00 ^b
BRS Estilo	2009	1,87 ^a	4,00 ^c	1,50 ^a	3,00 ^a	7,30 ^a
BRS Horizonte	2004	1,50 ^a	8,30 ^f	1,50 ^a	2,80 ^a	8,00 ^a
BRS Notável	2011	1,00 ^a	4,50 ^c	3,00 ^b	3,00 ^a	3,30 ^b
BRS Pontal	2004	1,37 ^a	2,80 ^b	1,00 ^a	2,20 ^a	6,00 ^a
BRS Valente	2012	6,00 ^b	3,30 ^b	4,75 ^c	3,60 ^b	7,30 ^a
BRSMG Madrepérola	2012	2,75 ^a	4,40 ^c	2,25 ^a	3,20 ^a	7,30 ^b
BRSMG Majestoso	2008	1,62 ^a	2,90 ^b	2,00 ^a	2,80 ^a	4,00 ^a
CNFC 10429	-	2,62 ^a	1,60 ^a	1,25 ^a	2,20 ^a	7,30 ^a
CNFC 10431	-	1,12 ^a	2,10 ^a	1,50 ^a	1,80 ^a	8,00 ^a
CNFC 10432	-	1,25 ^a	1,90 ^a	1,75 ^a	3,00 ^a	6,70 ^a
CNFC 10467	-	1,25 ^a	2,60 ^b	1,50 ^a	2,20 ^a	6,70 ^a
Pérola	1994	5,00 ^b	4,20 ^c	1,75 ^a	2,60 ^a	4,00 ^b
VC-6	-	3,00 ^a	3,20 ^b	2,25 ^a	2,80 ^a	6,70 ^a

¹Antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*); ²Mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*); ³Ferrugem (*Uromyces appendiculatus*); ⁴Crestamento bacteriano comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) e ⁵Murcha de fusário (*Fusarium oxysporum*). ⁶Médias com mesma letra na coluna não diferem a 5% de probabilidade pelo teste Scott-Knott.

Tabela 3. Matriz de distâncias genéticas entre 17 cultivares e linhagens elite de feijoeiro-comum desenvolvidas pela Embrapa e parceiros, obtidas a partir a distância euclidiana média, com base na reação a doenças em ensaios de campo.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	0																
2	1,39	0															
3	2,54	1,52	0														
4	1,16	0,50	1,57	0													
5	1,92	0,80	1,83	1,21	0												
6	1,89	1,01	1,15	0,80	1,53	0											
7	2,16	2,26	2,70	2,17	2,67	2,61	0										
8	1,67	1,03	0,97	0,86	1,70	0,81	2,19	0									
9	2,19	1,21	0,74	1,34	1,65	1,28	2,22	0,80	0								
10	1,80	1,22	1,52	0,87	1,79	0,60	2,29	1,01	1,55	0							
11	1,89	1,06	1,51	0,84	1,62	0,56	2,49	1,06	1,45	0,53	0						
12	1,49	0,97	1,47	0,62	1,72	0,70	2,22	0,67	1,27	0,67	0,60	0					
13	1,58	0,82	1,33	0,53	1,51	0,43	2,34	0,68	1,22	0,57	0,45	0,30	0				
14	1,96	1,11	1,01	1,27	1,28	1,31	2,57	1,05	1,04	1,69	1,71	1,55	1,39	0			
15	1,80	1,45	1,44	1,28	1,79	1,38	1,84	1,15	1,45	1,31	1,66	1,47	1,40	1,19	0		
16	1,48	0,65	1,45	0,60	1,18	1,00	1,76	0,94	1,15	0,92	0,97	0,88	0,80	1,27	1,05	0	
17	1,41	0,88	1,45	0,62	1,51	0,96	1,67	0,77	1,17	0,78	0,94	0,69	0,71	1,36	0,96	0,37	0

1- BRS Supremo; 2- BRS Cometa; 3- BRS Esplendor; 4- BRS Estilo; 5- BRS Horizonte; 6- BRS Pontal; 7- BRS Valente; 8- BRSMG Majestoso; 9- BRS Notável; 10- CNFC 10429; 11- CNFC 10431; 12- CNFC 10432; 13- CNFC 10467; 14- Pérola; 15- BRS Ametista; 16- BRSMG Madrepérola; 17- VC-6. DT: Distância Total, envolvendo todas os pareamentos com o genótipo i.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC), obtido a partir da matriz de dissimilaridade e a matriz cofenética foi estimado com a finalidade de verificar a consistência do agrupamento. O CCC obtido apresentou elevada magnitude (0,90), evidenciando, portanto, alta confiabilidade e precisão dos grupos formados. Semelhantemente, Cargnelutti Filho et al. (2010) avaliando caracteres de produção (produtividade de grãos e número de vagens por planta), fenologia (número de dias da emergência ao florescimento e da emergência à colheita) e morfologia (altura de inserção da primeira e da última vagem) em treze cultivares de feijão, obtiveram coeficiente de correlação linear de Pearson igual a 0,92 entre o agrupamento UPGMA e a distância euclidiana média. Conforme os autores, a maior consistência de agrupamento de cultivares de feijão é alcançada através da utilização de UPGMA obtido a partir da matriz de distância euclidiana média. A partir do corte no dendrograma, de aproximadamente 50% de dissimilaridade genética, foi constatado formação de sete grupos de genótipos (Figura 1). O primeiro grupo foi formado pela BRS Valente; o segundo pela BRS Supremo; o terceiro pela BRS Horizonte; o quarto pela BRS Ametista; o quinto pela BRS Notável e BRS Esplendor; o sexto pela cultivar Pérola e o sétimo pelos demais genótipos. Contudo, observa-se que BRS Valente e BRS Esplendor se destacaram por apresentarem, respectivamente, os piores e melhores graus médios de reações para grande das doenças avaliadas. Adicionalmente, as referidas cultivares se agruparam a nenhum outro, dando

mostra de sua dissimilaridade relativamente aos outros genótipos. Vale ressaltar, ainda, que as linhagens elite agruparam-se no mesmo grupo, sugerindo que os genótipos mais recentemente desenvolvidos no programa de melhoramento da Embrapa reagem semelhantemente à manifestação das doenças.

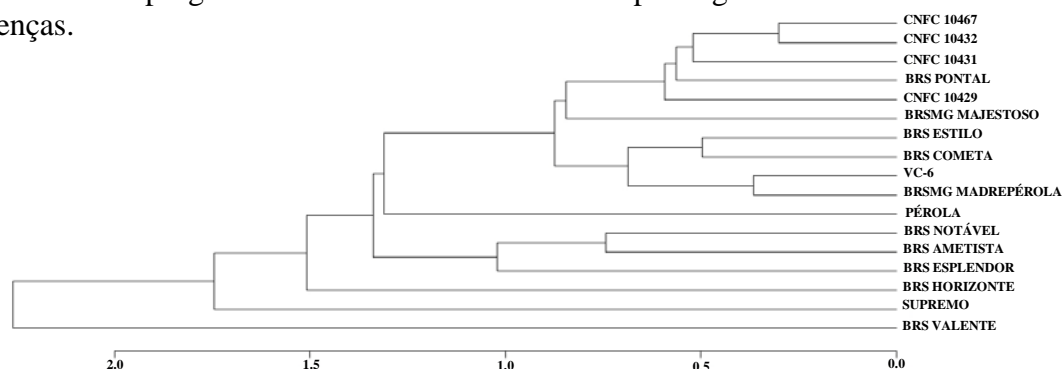


Figura 1. Dendrograma de 17 cultivares e linhagens elites de feijoeiro-comum desenvolvidas pela Embrapa e parceiros, obtido pelo agrupamento UPGMA com base em estimativas de distância euclidiana média geradas através de graus médios de reação a doenças em ensaios de campo.

Conclusão. Diante dos resultados observados, conclui-se que as técnicas multivariadas foram concordantes entre si, indicando que as variáveis relativas às reações de doenças são informativas e, por isso, úteis na discriminação de genótipos. As linhagens de feijoeiro-comum mostraram perfil genético distinto entre si e resultados expressivos para a maioria dos caracteres avaliados, evidenciando o sucesso dos programas de melhoramento da Embrapa e parceiros em produzir cultivares resistentes às principais doenças que acometem o feijoeiro-comum. Adicionalmente o grupo formado pelas cultivares BRS Esplendor e BRS Notável, foi o que mais se destacou positivamente, indicando respostas de resistência à maioria dos patógenos, inclusive *Fusarium oxysporum*. Dessa forma, a alta variabilidade genética apresentada pelos referidos genótipos possui grande potencial para ser explorada em programas de melhoramento da cultura.

Referências.

- ALBRECHT, J.C.; CARVALHO, W.P. **BRS Valente: Nova cultivar de feijoeiro comum do grupo comercial preto para o Distrito Federal e Noroeste Mineiro.** Brasília: Embrapa Cerrados, mar. 2004. 3 p. (Comunicado Técnico, 109).
- ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, D.L.; MOREIRA, A. Seleção assistida por marcadores moleculares visando o desenvolvimento de plantas resistentes a doenças com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 2, p. 333-342, 2005.
- CABRAL, P.D.S.; SOARES, T.C.B.; LIMA, A.B.P. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agrônômicos. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 4, p. 898-905, 2011.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 236-243, 2010.
- CRUZ, C.D. Genes package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; LACANALLO, G.L. Co-segregation analysis and mapping of the anthracnose *Co-10* and angular leaf spot *Phg-ON* disease-resistance genes in the common bean cultivar ouro negro. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 126, n. 6, p. 2245-2255, 2013.
- MELO, L.C. **Procedimentos para condução de experimentos de valor de cultivo e uso em feijoeiro comum.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, dez. 2009. 104 p. (Comunicado Técnico, 239).