

## Diversidade genética entre cultivares e linhagens elite de feijoeiro-comum com base na reação à doenças

Ana Paula Simplicio Mota<sup>1</sup>, Leonardo Cunha Melo<sup>2</sup>, Adriane Wendland<sup>3</sup>, Helton Santos Pereira<sup>4\*</sup>, Thiago Lívio Pessoa Oliveira Souza<sup>5\*\*</sup>

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos legumes mais utilizados na alimentação humana. Entretanto, sua produção é muito afetada pelo ataque de patógenos. 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 17 cultivares e linhagens elite de feijoeiro-comum desenvolvidas pela Embrapa e parceiros com base na reação a doenças (antracnose, ferrugem, mancha-angular, murcha-de-fusário e crestamento-bacteriano-comum). As avaliações de doenças foram realizadas em ensaios de campo usando uma escala de notas de 1 a 9, em 18 ambientes, distribuídos em seis locais em Goiás, Paraná e Santa Catarina, nas épocas da seca, águas e inverno, entre 2008 e 2010. A partir dos graus médios de reação apresentados por cada cultivar, estimou-se a matriz de dissimilaridade genética por meio da distância euclidiana média e, posteriormente, foi gerado o dendrograma pelo método UPGMA. Pela análise de divergência genética, observou-se menor distância entre CNFC 10467 e CNFC 10432. Por sua vez, a maior distância foi verificada entre BRS Valente e BRS Esplendor, ambas do grupo preto. O dendrograma gerado formou sete grupos distintos: BRS Valente; BRS Supremo; BRS Horizonte; BRS Esplendor; BRS Ametista e BRS Notável; Pérola; e CNFC 10467, CNFC 10432, CNFC 10431, BRS Pontal, CNFC 10429, BRSMG Majestoso, BRS Estilo, BRS Cometa, VC-6 e BRSMG Madrepérola. As linhagens de feijoeiro-comum mostraram perfil genético distinto entre si, indicando que as variáveis relativas às reações de doenças são informativas e, por isso, úteis na discriminação de linhagens. Os resultados apontaram alta variabilidade genética entre os genótipos avaliados, a qual poderá ser explorada pelos programas de melhoramento.

<sup>1</sup> Estudante de mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, anapaula\_pjb@hotmail.com;

<sup>2</sup> Engenheiro agrônomo, Dr. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br;

<sup>3</sup> Engenheira agrônoma, Dra. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriane@cnpaf.embrapa.br;

<sup>4</sup> Engenheiro agrônomo, Dr. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br; \*Orientador

<sup>5</sup> Engenheiro agrônomo, Dr. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br. \*\*Co-orientador