

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TRADICIONAIS DE FEIJÃO ROXINHO COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS

Flávio Pereira dos Santos¹; Jaison Pereira de Oliveira²; Lázaro José Chaves¹

¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, GO, Brasil, ² Embrapa Arroz e Feijão, Email: flavioagron@gmail.com

O conhecimento da diversidade genética entre as cultivares tradicionais é útil aos melhoristas, por permitir melhor organização dos recursos genéticos e maior aproveitamento da diversidade genética. A análise de divergência genética por medidas de similaridade ou dissimilaridade podem ser estimadas com base em diferenças morfológicas. O objetivo deste trabalho foi identificar a existência de diversidade entre os acessos de feijoeiro comum do grupo Roxinho coletados no Estado de Goiás, pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão, por meio de descritores morfológicos. O material experimental foi formado por 32 acesso de feijoeiro comum do grupo Roxinho coletados no Estado de Goiás. Foi montado um experimento em casa de vegetação (caracterização morfológica). Foram utilizados dois vasos com três sementes por acesso, sem delineamento experimental. Os acessos foram caracterizados com base em 29 descritores morfoagronômicos qualitativos. Os descritores foram transformados em variáveis binárias resultando em 113 variáveis fictícias. Então foi obtida uma matriz de similaridade, utilizando o modelo de Harrison, que foi convertida em matriz de dissimilaridade; em seguida aplicou-se a análise de agrupamento pelo método UPGMA e para evidenciar a relação de divergência genética entre os acessos obteve-se o gráfico *Heat Map*. Os acessos mais divergentes foram os BGF0013282 x BGF0012274, BGF0012284 x BGF0012293, BGF0012293 x BGF0012284, BGF0012293 x BGF0011832, que apresentaram o menor valor de dissimilaridades 0,58. As maiores divergências foram observadas nos acessos BGF0012293 e BGF0013382 com dissimilaridades variando de 0,58 a 0,37. Não foram encontrados acessos redundantes. A maior similaridade foi de 0,95 entre os pares de acessos BGF0012262 x BGF0012261, BGF0012261 x BGF0012262, BGF0012285 x BGF0012336, BGF0012336 x BGF0012285. Pela análise de agrupamento os acessos foram agrupados em quatro grupos, com coeficiente de correlação cofenética (CCC) de 0,81, significativo pelo teste de Mantel ($P < 0,001$). O número de acessos por grupo variou de 15 a um. Verificou-se a formação de dois agrupamentos constituídos por apenas um acesso, apresentando os menores coeficientes de similaridade. De acordo o gráfico *Heat Map*, quanto maior a intensidade do vermelho menor é o coeficiente de dissimilaridade. Os acessos avaliados apresentam variabilidade genética. O método de Harrison foi eficaz em identificar os acessos que possuem maior similaridade. O método de agrupamento foi concordante com a matriz de dissimilaridade, onde os acessos foram agrupados de acordo com sua similaridade.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L; Divergencia genética; Modelo de Harrison.