

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-COMUM PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS

Érica Munique da Silva¹; Rodrigo de Souza Silva¹; Paula Pereira Torga²; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza²; Marcela Pedroso Mendes Resende¹

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão.

*ericamunique47@gmail.com

Palavras-chave: Dissimilaridade, *Phaseolus vulgaris*, variabilidade genética.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) possui ampla variabilidade genética, dividida em dois pools gênicos, Andino e Mesoamericano. A caracterização dessa diversidade genética é importante para o melhoramento, uma vez que possibilita a identificação de grupos similares que possam constituir duplicatas e realizar inferências dos caracteres que mais contribuem para a variação. Com isso, permite identificar combinações parentais que gerem genótipos superiores. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de acessos de feijão-comum para caracteres qualitativos. Foram avaliados 372 acessos da coleção nuclear da Embrapa Arroz e Feijão, em casa de vegetação. Sete descritores morfológicos foram utilizados: hábito do crescimento (HC), uniformidade da cor do grão (UCG), cor primária do tegumento do grão (CPTG), cor secundária do tegumento do grão (CSTG), cor do halo (CH), brilho do grão (BG) e grupo de cor (GC). Os dados foram submetidos à análise de correspondência múltipla (ACM) e, para a estimação da matriz de dissimilaridade genética, os dados foram convertidos em binários para todas as classes fenotípicas. Foram utilizados os programas SPSS e GENES. As duas primeiras dimensões da análise ACM explicaram, em média, 52,5% da variação total. Os caracteres GC, CPTG e CHL explicaram, em média, 25,4%, 22,9%, e 22,5% da variação das duas primeiras dimensões, respectivamente. Observaram-se distâncias genéticas (d_{ij}) de até 0,48 entre os acessos. Foram identificadas duplicatas de alguns acessos para os sete caracteres avaliados, indicando que alguns acessos podem ser excluídos se forem considerados apenas esses caracteres. Entretanto, estudos complementares devem ser realizados com maior número de descritores para confirmar essa duplicidade. A coleção nuclear apresenta variabilidade genética para os caracteres morfológicos avaliados, sendo potencialmente promissora para ser utilizada em programas de melhoramento.

Agradecimentos: Capes, Embrapa, UFG.