

## Diversidade Genética entre Acessos de Feijão-Comum Estimada com Base em Caracteres Agronômicos<sup>(1)</sup>

Érica Munique da Silva<sup>2</sup>, Rodrigo de Souza Silva<sup>2</sup>, Paula Pereira Torga<sup>3</sup>, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza<sup>3</sup> e Marcela Pedroso Mendes Resende<sup>4\*</sup>

<sup>1</sup> Pesquisa financiada pela Embrapa e pelo CNPq.

<sup>2</sup> Engenheiro-agrônomo, doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>3</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>4</sup> Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, professora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

**Resumo** - O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie autógama pertencente à família *Fabaceae*. Seus grãos possuem elevado valor nutricional com altos níveis de proteínas, carboidratos e fibras. É a leguminosa mais consumida diretamente na alimentação humana em todo o mundo, sendo uma das principais fontes proteicas na alimentação da população brasileira. Sua variabilidade genética está dividida em dois pools gênicos, Andino e Mesoamericano. Estudos para estimar a diversidade genética são essenciais para os programas de melhoramento, para que seja avaliada a variabilidade do germoplasma e suas potencialidades, ou mesmo para a determinação de sua identidade genética. Além disso, fornece parâmetros para a identificação de genitores que, ao serem cruzados, podem produzir potencialmente genótipos superiores. O objetivo do trabalho foi estimar a diversidade genética entre acessos de feijão mesoamericano pertencentes à coleção nuclear de feijão da Embrapa, com base em caracteres agronômicos primários. Foi realizado um ensaio em casa de vegetação na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO, para a avaliação de 337 acessos. Quatro descritores agronômicos foram utilizados: massa de 100 grãos (M100), comprimento dos grãos (CG), diâmetro dos grãos (DG) e espessura dos grãos (EG). Os dados obtidos foram submetidos às análises descritiva e multivariada (componentes principais). O intervalo mínimo e máximo variaram de 12,02 g a 67,52 g para M100; 8,46 mm e 18,45 mm para CG; 5,65 mm e 10,99 mm (DG) e 4,01 mm e 7,80 mm (EG). Os dois primeiros componentes principais (M100 e EG) explicaram 86,89% da variação total, sendo que o caractere M100 explicou 74,52% da variação fenotípica e EG 12,37%. A análise de componentes principais foi eficiente para discriminar os acessos, sendo as menores distâncias genéticas entre os acessos BGF0005613 (classe comercial carioca) e BGF0013928 (preto) ( $d_{ij} = 0,004$ ), e as maiores entre BGF0011762 (rosinha) e BGF0011757 (mulatinho) ( $d_{ij} = 0,73$ ). Os valores da correlação de Spearman's entre os caracteres variaram de alto (76,02) a moderado (49,04), sendo significativos a 1% de probabilidade. A coleção nuclear apresenta variabilidade genética para todos os caracteres agronômicos avaliados, principalmente para M100 e EG, sendo potencialmente promissora para ser utilizada em programas de melhoramento para o mapeamento associativo de regiões genômicas envolvidas no controle genético desses caracteres.