

FENOTIPAGEM DE ACESSOS DE FEIJÃO COMUM QUANTO À RESISTÊNCIA A *Meloidogyne incognita*. Phenotyping of common bean accessions for resistance to *Meloidogyne incognita*. Maciel, D. O. ¹; Souza, L. F. ¹; Vianello, R. P. ²; Torga, P. P. ²; Rocha, M. R. ¹. ¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia - GO. ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás - GO. Email: douglasmaciel@discente.ufg.br.

Apoio: CAPES e CNPq.

O feijão comum é a mais importante leguminosa utilizada diretamente na alimentação humana, rica em proteínas e de grande relevância social e nutricional. Sua produtividade pode ser afetada por nematoides fitoparasitas, tendo destaque a espécie *Meloidogyne incognita*, pois é altamente agressiva, podendo ocasionar elevadas perdas econômicas. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a resistência à *M. incognita* de vinte acessos de feijão pertencentes à Coleção Nuclear de Feijão (CONFE) da Embrapa, mais três cultivares comerciais. O experimento foi conduzido em vasos com substrato previamente esterilizado em casa de vegetação. Cada planta foi inoculada com 2000 ovos+J2 de *M. incognita*. Aos 60 dias após a inoculação, o sistema radicular foi retirado dos vasos, lavado, pesado e feita a extração para quantificação da população final. Foram avaliados o fator de reprodução (FR) e a densidade populacional (DP). Para FR, quatro linhagens (BGF 12533, BGF 13955, BGF 1115 e BGF 13355) apresentaram valores menor do que 1, sendo consideradas resistentes. Para DP, o teste de agrupamento de médias de Skott-Knott separou em três grupos, sendo o grupo de menores médias formado pelos acessos BGF 1115, BGF 11762, BGF 480, BGF 13355, BGF 13955, BGF 158 e BGF 12533. Todas as linhagens com FR menor do que 1 ficaram no grupo de menores médias para DP, evidenciando uma possível resistência genética. Os resultados indicam a presença de grande variabilidade genética na CONFE, podendo ser explorada como fonte de resistência genética à *M. incognita* para programas de melhoramento genético.