



Estimativa da divergência genética entre genótipos de feijão-caupi a partir de análises multivariadas

Medeiros, AM¹; Damasceno e Silva, KJ²; Assunção Filho, JR¹; Rocha, MM²; Freire Filho, FR²

¹Iniciação Científica – Universidade Federal do Piauí

²Embrapa Meio-Norte

kaesel@cpamn.embrapa.br

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; Mahalanobis; Tocher; Variabilidade; Genótipos

Os estudos de divergência genética podem ser de grande importância para os programas de melhoramento de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.), por fornecerem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes. Objetivou-se, neste trabalho, estimar a divergência genética entre genótipos de feijão-caupi por meio de técnicas multivariadas. Foram avaliados 16 genótipos de feijão-caupi (BRS-Novaera, BR3-Tracueteua, Cacheado Vagem Roxa, Vita-7, TVx 5058-09C, BRS-Paraguaçu, IT82D-60, Inhuma, Canapu amarelo, MNC00-599F-9, Capela, Corujinha-CE, Vita-3, Pretinho, Rajado, BR14 – Mulato), obtidos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. O experimento foi executado na área experimental da Embrapa Meio-Norte, em Teresina, PI, no delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela experimental foi representada por uma linha de seis metros, com espaçamento de 0,60m entre plantas e 1,0m entre linhas. Os caracteres avaliados foram: comprimento da vagem (COMP), número de grãos vagem (NGV), número de dias para o início da floração (NDIF), número de vagens por pedúnculo (NVP) e peso de 100 grãos (P100G). Inicialmente, todos os caracteres foram submetidos à análise de variância univariada e, posteriormente, à multivariada. A divergência genética foi estimada com base na distância de Mahalanobis e o método de agrupamento de Tocher. As análises de variância univariadas, revelaram diferenças significativas ($P < 0,01$), pelo teste F, para os cinco caracteres avaliados. Foram detectadas baixas estimativas de coeficientes de variação, sendo a menor estimativa 5,42%, para o comprimento de vagens e a maior, 10,79% para o número de vagens por pedúnculo, indicando boa precisão experimental. Os genótipos Cacheado Vagem Roxa e Canapu Amarelo foram os que mais divergiram geneticamente. Já as menores estimativas de distância genética foram obtidas para os genótipos Pretinho e BR14-Mulato. A característica comprimento de vagem foi a que mais contribuiu para a divergência (46,83%) entre os genótipos. O menor e maior valor para esta característica foi 12,2 cm e 21,4 cm, respectivamente. Portanto, pode-se inferir que o comprimento de vagem é o principal fator de divergência genética no feijão-caupi. Na análise de agrupamento de Tocher baseada na distância de Mahalanobis, obtiveram-se cinco grupos: Grupo 1- Pretinho, BR14-Mulato, MNC00-599F-9, Vita-7, TVx 5058-09C, Corujinha-CE; Grupo 2- Capela, Rajado, Vita-3, Cacheado Vagem Roxa; Grupo 3- BRS-Novaera, Inhuma, IT82D-60, BR3-Tracueteua; Grupo 4- Canapu amarelo; Grupo 5- BRS-Paraguaçu.