



II - SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

DIVERGÊNCIA GENÉTICO-MORFOLÓGICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO CAUPI DE PORTE SEMI-ERETO E ERETO

Erina Vitório Rodrigues¹; Bruno Brito da Silva; Kaesel Jackson Damasceno e Silva²;
Maurisrael de Moura Rocha²; Francisco Rodrigues Freire Filho².

¹ Bolsistas de Iniciação Científica E-mail: erinavict@yahoo.com.br; brunoagro07@hotmail.com

² Pesquisadores – Embrapa Meio-Norte E-mail: kaesel@cpamn.embrapa.br, mmrocha@cpamn.embrapa.br,
freire@cpamn.embrapa.br

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, divergência genética, genótipos, agrupamento.

O estudo da divergência genética é essencial para o melhoramento vegetal, pois possibilita a quantificação da variabilidade genética. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) de porte ereto. Com base em descritores qualitativos referentes à planta, à flor, à vagem e à semente, avaliou-se 20 acessos, sendo eles: (1) MNC-1731, (2) MNC-1732, (3) MNC-1733, (4) MNC-1734, (5) MNC-1735, (6) MNC-1736, (7) MNC-1737, (8) MNC-1738, (9) MNC-1739, (10) MNC-1740, (11) MNC-1741, (12) MNC-1742, (13) MNC-1743, (14) MNC-1744, (15) MNC-1745, (16) MNC-1746, (17) MNC-1747, (18) MNC-1748, (19) MNC-1749, (20) MNC-1750. O ensaio foi realizado no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI, e disposto em delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída por quatro linhas de cinco metros. Avaliou-se a divergência genética por meio de análise multicategórica. Os genótipos 9 e 10 não apresentaram diferenças para os caracteres avaliados, portanto são inadequados para produzirem cruzamentos superiores. Verificou-se a maior distância genética entre os genótipos 15 e 20, diferindo em 15 (51,72%) dos 29 caracteres avaliados, permitindo maiores chances de combinações promissoras. A análise de agrupamento discriminou 7 grupos - Grupo I: 9, 10, 13, 14, 17, 6, 11, 13, 5 e 16; Grupo II: 1, 2, 8 e 20; Grupo III: 18 e 19; Grupo IV: 7; Grupo V: 12; Grupo VI: 15; e Grupo VII: 4. O grupo I é considerado o principal, por envolver o maior número de indivíduos próximos geneticamente. Nos demais grupos verificou-se características bem distintas em relação ao total de amostra. Os acessos apresentaram um bom grau de divergência genética e, portanto, combinações entre grupos diferentes devem ser priorizadas com o intuito de obter genótipos superiores.

Fonte financiadora: Embrapa Meio-Norte