



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI UTILIZANDO TÉCNICAS MULTIVARIADAS

Dos Santos, A. (1)\*; Ceccon, G. (2); Correa, A. M. (3)

(1) Doutorando, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

(2) Analista da Embrapa Agropecuária Oeste.

(3) Professora da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS)-Aquidauana.

\*Autor para correspondência: adriano.agro84@yahoo.com.br

A identificação de genitores visando ao aumento da variabilidade genética e consequente ganho genético por meio da heterose é um dos principais intuitos das análises de divergência genética. As análises multivariadas de dados morfológicos e agronômicos consistem em uma alternativa de baixo custo para obtenção da divergência genética em uma população. Sendo assim, o objetivo deste estudo foi quantificar a divergência genética de 20 genótipos de feijão-caupi por meio de análise multivariada, visando à identificação de genótipos superiores para cruzamento e desenvolvimento de novos cultivares. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. A unidade experimental constou de quatro linhas com 5 metros de comprimento, espaçadas de 0,50 metros entre si, considerando-se como área útil as duas linhas centrais. Os genótipos foram avaliados na região de Aquidauana, MS, quanto aos seguintes caracteres: dias para florescimento (DF); dias para maturação (DM); comprimento de vagens verdes (CVV); massa de vagens verdes (MV); número de grãos; Produtividade de grãos (PROD). Para a quantificação da divergência genética foi adotado como medida de dissimilaridade a distância generalizada Mahalanobis ( $D^2$ ). Para o agrupamento dos genótipos foi utilizado o método de agrupamento da ligação média entre grupos (UPGMA) e por variáveis canônicas. A massa de cem grãos foi o caráter que mais contribuiu para a dissimilaridade genética total entre os 20 genótipos de feijão-caupi. A distância existente entre os grupos possibilita a realização de cruzamentos intra ou intergrupos, dependendo do objetivo do programa de melhoramento, pois o cruzamento dirigido entre os genótipos pertencentes ao grupo I com o grupo II poderá propiciar a criação de famílias segregantes com elevado potencial produtivo e aumento na probabilidade de recuperar genótipos superiores. Ambos os métodos de análise multivariadas aplicados foram parcialmente concordantes entre si, seguindo a mesma tendência de agrupamento dos genótipos.

Palavras-Chave: genitores, técnicas de agrupamento, *Vigna unguiculata*.

Parceria/Apoio financeiro: Embrapa e UEMS-Unidade de Aquidauana.