



**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE COQUEIRO-GIGANTE  
CONSERVADOS NO BANCO INTERNACIONAL DE COCO PARA AMÉRICA  
LATINA E CARIBE**

CARINA MENDES LOIOLA<sup>1</sup>; ALINNE DE OLIVEIRA NUNNES<sup>2</sup>; HELAINE C.  
RAMOS<sup>3</sup>; PEDRO HENRIQUE A. D. SANTOS<sup>4</sup>; JÉSSICA BARROS ANDRADE<sup>5</sup>;  
SEMÍRAMIS RABELO RAMALHO RAMOS<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Eng. Agrônoma, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju-SE, e-mail: carina\_loiola@yahoo.com.br

<sup>2</sup> Bióloga, estudante de pós-graduação, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes - RJ, e-mail:alinnenunes@live.com

<sup>3</sup> Professora da Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes-RJ, e-mail:helainecr@uenf.br

<sup>4</sup> Eng. Agrônomo, estudante de pós-graduação, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes - RJ, e-mail:phsantos2004@yahoo.com.br

<sup>5</sup>Bolsista de Iniciação Científica PIBIC/FAPITEC na Embrapa Tabuleiros Costeiros, e-mail: jessicabandrade@hotmail.com

<sup>6</sup>Pesquisadora-Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju-SE, e-mail:semiramis.ramos@embrapa.br

**Resumo:** A diversidade genética pode ser verificada por meio de análises multivariadas baseadas em caracteres fenotípicos. O trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre nove acessos de coqueiro-gigante do Banco Internacional de Coco para América Latina e Caribe (ICG-LAC), por meio de dezesseis descritores morfoagronômicos. Foram efetuadas análises multivariadas, com estimativas das dissimilaridades pela distância Euclidiana média padronizada. O agrupamento foi o UPGMA e a análise dos Componentes Principais foi realizada para definir as variáveis de maior contribuição para o estudo da diversidade. Os acessos apresentaram variabilidade para os descritores avaliados. Pelo método UPGMA foram formados cinco grupos. Foram necessários quatro componentes principais para explicar 80% da variabilidade. A seleção de genitores poderá ser utilizada com base nestes resultados.

**Palavras-Chave:** *Cocos nucifera* L; Recursos genéticos; Análise multivariada