



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERES FOLIARES ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PIMENTA LONGA

Giselle Mariano Lessa de Assis<sup>1</sup>; Jacson Rondinelli da SilvaNegreiros<sup>1</sup>; Maria Clideana Cabral Maia<sup>1</sup>; Altenira Maia Galvão<sup>2</sup>; Laís Fernanda Andrade dos Santos<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Acre. giselle@cpafac.embrapa.br; jacson@cpafac.embrapa.br; clideana@cpafac.embrapa.br

<sup>2</sup>Universidade Federal do Acre. niramaia@yahoo.com.br

<sup>3</sup>União Educacional do Norte – Uninorte. laisf05@bol.com.br

**Palavras-chave:** agrupamento, divergência genética, germoplasma, *Piper hispidinervum* C.DC.

A pimenta longa (*Piper hispidinervum* C.DC.) é uma piperácea nativa da Amazônia Ocidental, produtora de óleo essencial rico em safrol. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Pimenta Longa, localizado na Embrapa Acre, possui cerca de 1.500 acessos de *P. hispidinervum*. No entanto, poucos foram caracterizados morfológicamente, sendo necessário realizar estudos adequados para se conhecer a divergência genética entre os acessos coletados. Este trabalho teve como objetivo realizar estudo de divergência genética de caracteres foliares entre acessos do BAG de Pimenta Longa. Foram avaliados 364 acessos, sendo mensuradas as seguintes características foliares: comprimento do limbo, largura do limbo, comprimento do pecíolo, diâmetro do pecíolo-maior dimensão (DPA), diâmetro do pecíolo-menor dimensão (DPB), pilosidade da nervura central e pilosidade do pecíolo. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com 5 repetições. Foram realizadas análises de variância para cada característica. Os acessos foram agrupados conforme o método de otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis, considerando as cinco primeiras características. Efetuou-se o diagnóstico de multicolinearidade para descarte de caracteres redundantes e, em seguida, foi realizada análise de variáveis canônicas, por meio do programa Genes. Verificou-se variabilidade genética significativa para todas as características a 1% de probabilidade. A análise de agrupamento indicou a formação de 19 grupos, sendo os sete primeiros formados por 66, 44, 41, 38, 39, 35 e 27 indivíduos. Os demais grupos foram formados por, no máximo, 12 indivíduos. A característica DPA foi descartada, pois apresentou elevada correlação genotípica com DPB. Na análise de variáveis canônicas, os três primeiros autovalores acumularam 84% da variabilidade total. A análise visual da dispersão gráfica possibilitou a identificação de acessos bastante divergentes, resultado concordante com o método de Tocher. Conclui-se que há acessos divergentes na coleção avaliada, a qual possui ampla variabilidade genética para caracteres foliares.

**Fontes Financiadoras:** CNPq e Tesouro Nacional.