



VEGETAIS

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI FUNDAMENTADA EM DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS

Eva Maria Rodrigues Costa¹; Kaesel Jackson Damasceno e Silva²; Artur Mendes Medeiros²; Maurisrael de Moura Rocha²; Leonardo Castelo Branco Carvalho².

¹UFLA – evamrc_9@hotmail.com / ²Embrapa Meio-Norte – kaesel@cpamn.embrapa.br; mmrocha@cpamn.embrapa.br; arturmedeiros_eln@hotmail.com; Leonardo@live.hk

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, banco ativo de germoplasma, dissimilaridade.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) apresenta grande importância econômica e social nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. Visando ao estreitamento da relação entre os bancos ativos de germoplasmas (BAGs) e o melhoramento torna-se necessário o conhecimento dos acessos armazenados. Diante disto, objetivou-se quantificar a divergência genética entre linhagens de feijão-caupi pertencentes ao BAG da Embrapa Meio-Norte por meio de caracterização morfoagronômica. Foram mensurados os seguintes caracteres: Número de vagens por pedúnculo (NVP), número de grãos por vagem (NGV), comprimento de vagem (COMPV), comprimento do grão (COMPG), largura do grão (LARGG) peso de cem grãos (P100G) e produção (PROD). O experimento foi realizado na área experimental da Embrapa Meio-Norte em Teresina-PI. O delineamento foi em blocos ao acaso, com três repetições e 57 tratamentos. Foram realizadas análises de variância univariada e multivariada, adotando-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e para formação dos grupos, foi utilizado o método hierárquico - UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,05$) foram observadas entre as médias das linhagens de feijão-caupi para todos os caracteres avaliados, o que evidencia variabilidade genética entre as mesmas. A linhagem IT82D-889 apresentou o maior comprimento da vagem (20,92 cm). A linhagem IT89KD-245 apresentou o maior P100G (25,93 g). Os valores encontrados para produção oscilaram entre 102,70 e 388,07g compreendendo as linhagens IT84S-2135 e IT87D-697-2. A linhagem IT89KD-245 foi considerada a mais divergente entre os genótipos estudados, podendo ser indicada como parental em programas de melhoramento. Foram formados quatro grupos. As características que mais contribuíram para a divergência foram: P100G (49,7 %), COMPV (16,7 %), COMPG (12,0 %) e NGV (9,7 %). Foi possível quantificar a divergência genética e identificar linhagens com boas características agrônomicas.

Fonte Financiadora: EMBRAPA e CNPq