

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI

Leonardo Castelo Branco Carvalho¹; Kaesel Jackson Damasceno e Silva²; Maurisrael de Moura Rocha²; Carlos Misael Bezerra de Sousa¹.

¹Universidade Federal do Piauí – Leonardo@live.hk; misael_onex@hotmail.com

²Embrapa Meio-Norte - Kaesel@cpamn.embrapa.br; mmrocha@cpamn.embrapa.br

Palavras-chave: análise multivariada, divergência, *Vigna unguiculata*

O feijão-caupi constitui-se em um dos principais componentes da dieta alimentar nas regiões Norte e Nordeste do Brasil e tem conquistado mercado na região Centro-Oeste. Na busca por genótipos promissores para enfrentar os desafios da cadeia produtiva da referida espécie, é destacada a importância dos Bancos de Germoplasma. O objetivo deste trabalho foi caracterizar morfológicamente e estimar a divergência genética entre 32 acessos de feijão-caupi pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Para a caracterização utilizou-se o método de covas. Cada genótipo foi representado por quatro covas espaçadas entre si por 0,3m. Para a caracterização dos acessos baseou-se nos descritores para caracteres qualitativos de feijão-caupi recomendados pelo International Board for Plant Genetic Resources-IBPGR, com modificações. A análise estatística dos dados foi realizada por meio da obtenção da matriz de dissimilaridade com variáveis multicategóricas. Para a obtenção da matriz de dissimilaridade foi utilizada a moda de cada variável por acesso, sem repetição, permitindo assim o agrupamento dos acessos pelo método de Tocher. Os acessos TE-MNC-75 / TE-MNC-243 e TE-MNC-150 x TE-MNC-243 foram os mais dissimilares. Ressaltou-se também que entre os dez pares de acessos mais divergentes, em oito deles, o acesso TE-MNC-243 estava envolvido, portanto caracterizando-se como o acesso mais divergente. A ocorrência de 51 pares de acessos apresentando igualdade em todos os caracteres avaliados evidenciou alta similaridade entre os acessos avaliados, no entanto, faz-se necessário a avaliação de um maior número de caracteres para estimar a divergência genética com maior precisão do grupo de acessos. Os 32 acessos formaram 21 grupos de acordo com o agrupamento de Tocher, sendo que 14 destes grupos foram constituídos por apenas um genótipo cada. Foi possível estimar a divergência genética entre os acessos por meio de dados morfológicos, sugerindo o emprego de um maior número de descritores para caracterização.

Fonte Financiadora: EMBRAPA