



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE FEIJÃO-CAUPI SELECIONADAS DENTRO DE CULTIVARES LOCAIS DO TIPO CANAPU E SEMPRE-VERDE

Maurisrael de Moura Rocha<sup>1\*</sup>; Anna Flávia de Sousa Lopes<sup>2</sup>; Kaesel Jackson Damasceno e Silva<sup>1</sup>; Adão Cabral das Neves<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Meio-Norte. <sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail do autor apresentador: maurisrael.rocha@embrapa.br

As cultivares locais ou tradicionais de feijão-caupi utilizadas pelos agricultores familiares apresentam bastante diversidade em termos de características morfoagronômicas que podem ser úteis e incorporadas aos programas de pré-melhoramento e melhoramento da espécie. O objetivo do trabalho foi avaliar a divergência genética entre populações de feijão-caupi do tipo Canapu e Sempre-verde coletadas no semiárido piauiense e indicar esquemas de cruzamentos mais adequadas para obtenção de novos genótipos superiores. Foram avaliadas 48 populações, selecionadas dentro de duas cultivares locais, e duas cultivares comerciais, em um ensaio em delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, em área de produtor, no município de Ipiranga-PI. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias para o início da floração (IF), comprimento de vagem (COMPV) número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG). Foram realizadas análises de variância e as médias foram utilizadas para estimar a dissimilaridade genética por meio da distância de Mahalanobis e, com base nesta, o agrupamento por meio do método de otimização de Tocher. Maior dissimilaridade e similaridade genética foram observadas, respectivamente, entre as populações 19 e 47 (94,61), e 8 e 18 (0,86). As populações foram alocadas em 15 grupos (G), sendo G1 compreendendo 13 populações (8, 18, 6, 13, 16, 9, 12, 15, 4, 21, 11, 2 e 7); G2, também com 15 populações (30, 45, 27, 40, 46, 31, 29, 5, 38, 37, 24, 35, 25, 44 e 39); G3, com cinco populações (1, 41, 26, 48, e 20); G4, com três populações (34, 36 e 33); G5, com duas populações (1 e 17); G6, com três populações (32, 43 e 22); e os demais grupos (G7 a G15) alocaram uma população por grupo (G7: 23; G8: 14; G9: 47; G10: 28; G11: 49; G12: 50; G13: 42; G14: 3; E G15: 19). Os caracteres TP (24,62%) e COMPV (25,84%) foram os que mais contribuíram para a divergência das populações, demonstrando maior variabilidade entre estas para esses caracteres, sendo a PG a que menos contribui para a divergência, evidenciando similaridade entre as populações para esse caráter. Com base na divergência genética e nas médias dos caracteres das populações, maior sucesso na obtenção de linhagens superiores para esses caracteres por meio de hibridação será obtida adotando-se os seguintes esquemas de cruzamentos: 5 x 19, 19 x 22, 19 x 23, 19 x 32, 19 x 47, 42 x 47, 12 x 23. Deve-se evitar cruzamentos entre: as populações pertencentes a um mesmo grupo, tendo em vista serem mais similares geneticamente, e entre populações muito dissimilares, mas com médias inferiores para os caracteres.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; diversidade; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** CAPES, Embrapa Meio-Norte e UFPI.