

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO CARIOCA POR VARIÁVEIS QUALITATIVAS E QUANTITATIVAS

Elizeu David dos Santos<sup>1,2 \*</sup>; Nicole Tramontina Prata<sup>1,3</sup>; Vitória Vianna de Oliveira<sup>1,3</sup>; Gabriel Alencar Loyola<sup>1,3</sup>; Paulo Cezar Lopes<sup>1</sup>; José dos Santos Neto<sup>1</sup>; Vania Moda Cirino<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná IAPAR-EMATER; <sup>2</sup>Universidade Estadual de Londrina (UEL); <sup>3</sup>Centro Universitário Filadélfia (Unifil). \*E-mail do autor apresentador: elizeudavid.santos@uel.br

A avaliação da diversidade genética de diferentes genótipos de feijão garante a caracterização dos genótipos disponíveis e possibilita aumentar o ganho genético nas combinações por meio do cruzamento de genitores divergentes. Assim, os estudos de diversidade genética são uma importante ferramenta que auxilia o melhoramento convencional de cultivares de feijão. O estudo objetivou por meio de variáveis morfoagronômicas distinguir grupos de linhagens promissoras de feijão carioca desenvolvidas pelo programa de melhoramento do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR-EMATER (IDR-Paraná). O ensaio foi realizado na safra das águas (2021/22) na Estação de Pesquisa de Londrina com delineamento de blocos ao acaso em três repetições, avaliando 19 linhagens e as cultivares testemunhas: BRS Estilo, IPR Campos Gerais, IPR Curió, IPR Sabiá e IPR Tangará. Os dados foram obtidos por meio da análise de descritores qualitativos (binários e multicategóricos) e quantitativos, formando a matriz de dissimilaridade (Gower) utilizado para realizar o agrupamento de Ward, com todas as variáveis padronizadas, por meio do software RStudio. Para as variáveis ciclo até o florescimento (CF), massa de mil grãos (M1000), produtividade (PROD) e altura da inserção da primeira vagem (A1V) aplicou-se a Anova ( $p < 0,05$ ). Os resultados obtidos permitiram a formação de 4 grupos distintos (G1, G2, G3 e G4). No G1 ocorreu maior destaque pelo comprimento, largura e espessura da vagem, maior tamanho do folíolo central e menor produtividade. Já no G2 agruparam-se as melhores características desejáveis em relação a qualidade visual dos grãos, além de maiores valores se sementes por vagem e por planta. Avaliando o G3 observou-se maiores valores de altura de plantas e massa de 1000 grãos, enquanto em G4 houve maiores valores de número de nós e altura de inserção da primeira vagem. Os genótipos com maior produtividade foram BRS Estilo, IPR Tangará e as linhagens L1, L2, L3, L7, L9, L14 e L16. Os descritores utilizados são de extrema importância para diferenciar os diferentes grupos de genótipos de um programa de melhoramento, garantindo as melhores possibilidades de cruzamentos futuros, aliando características desejáveis de grupos distintos na obtenção de cultivares que além de atenderem a demanda do mercado são novas fontes de variação genética.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; DHE; melhoramento genético vegetal

**Agradecimentos:** IDR-Paraná e CNPq