



**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS CRIoulos DE FEIJÃO
MULATINHO *Phaseolus vulgaris* L.**

ANA CLÁUDIA DE LIMA SILVA¹; JAISON PEREIRA DE OLIVEIRA²; JOAQUIM
GERALDO CÁPRIO DA COSTA²;

¹ Agrônoma, estudante de pós-graduação, Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho, UNESP Botucatu – SP., e-mail: analima.silva@colaborador.embrapa.br

² Pesquisador- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Arroz e Feijão, e-mail: jaison.oliveira@embrapa.br

² Pesquisador- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Arroz e Feijão, e-mail: joaquim.caprio@embrapa.br

Resumo: Objetivou-se avaliar a diversidade genética de 745 acessos crioulos de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo comercial mulatinho da Embrapa Arroz e Feijão, através da caracterização morfo-agronômica e ecogeográfica, utilizando 86 variáveis fictícias aplicadas ao método de Ward. Na aplicação do método de Ward, foram obtidas 744 etapas de agrupamento (devido aos 745 acessos). Tais etapas levou a formação de um dendrograma com arranjos distintos para diversas distâncias de agrupamento. Observando-se os grupos formados, notou-se que os acessos reunidos nos primeiros passos de agrupamento, cujos valores da correlação semiparcial ao quadrado (SPRSQ) foram inferiores a 0,0001 foram semelhantes entre si, indicando possíveis redundâncias. Essas possíveis redundâncias foram observadas nos 18 grupos. Para o valor de SPRSQ igual a 0,0194, pelo método de Ward, foi possível agrupar, com pequenas distorções, os acessos nos seus respectivos locais de coleta, nesse caso, estado da federação. Outro ponto interessante é que os 18 grupos, apresentam acessos redundantes. Isso implica que os 745 acessos de feijão-comum mulatinho podem ser resumidos a 101 acessos sendo, assegurando a conservação de alelos distintos presentes no grupo. Essa conclusão é geral e se fundamenta em um modelo teórico que adota, a partir das variáveis estudadas, suposições sobre alguns parâmetros utilizados no cálculo das similaridades de acessos.

Palavras-chave: Análise de agrupamento; Diversidade genética; Modelos multivariado.