

## AValiação DA Diversidade Genética DE ACESSOS DE *Capsicum chinense* COM BASE NA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DO FRUTO

Gisely Paula Gomes<sup>1</sup>; Viviane Yumi Baba<sup>1</sup>; Clério Valentin Damasceno Junior<sup>2</sup>; Katia Real Rocha<sup>3</sup>; Claudete de Fátima Ruas<sup>4</sup>; Paulo Maurício Ruas<sup>4,6</sup>; Rosana Rodrigues<sup>5</sup>; Leandro Simões Azeredo Gonçalves<sup>6\*</sup>

<sup>1</sup>Doutorandas em Agronomia – UEL/ Londrina- PR/ Brasil; <sup>2</sup>Mestre em Bioenergia- UEM/ Maringá- PR/ Brasil; <sup>3</sup>Doutoranda em Microbiologia – UEL/ Londrina- PR/ Brasil; <sup>4</sup>Professores do Departamento de Biologia Geral/ CCB – UEL/ Londrina- PR/ Brasil; <sup>5</sup>Professora Associada da área de Melhoramento Vegetal/ CCTA- Campos dos Goytacazes- RJ/ Brasil; <sup>6</sup>Professores do Departamento de Agronomia/ CCA – UEL/ Londrina- PR/ Brasil. \* Autor para correspondência: leandrosag@uel.br

*Capsicum* é um gênero altamente diversificado, no qual estão inseridos os pimentões e as pimentas. Atualmente, 31 espécies de *Capsicum* já foram descritas, nas quais apenas cinco são consideradas domesticadas. Dentre essas, *C. chinense* destaca-se pela sua ampla variabilidade genética, evidenciada principalmente nos frutos que podem ter diferentes formatos, colorações, tamanhos e níveis de pungência. A caracterização e avaliação das espécies domesticadas de *Capsicum* são interessantes para diferenciação em bancos de germoplasma, uma vez que uma grande variabilidade disponível nestas espécies, não é totalmente conhecida e explorada. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar 71 acessos de *C. chinense* provenientes de diferentes regiões do Brasil utilizando descritores morfológicos de frutos. Foram utilizados 14 descritores, estabelecidos pelo IPGRI, atual Biodiversity International, sendo oito qualitativos e seis quantitativos. Essas variáveis foram analisadas simultaneamente, utilizando o procedimento Ward-MLM para composição dos grupos de acessos por meio do procedimento CLUSTER e IML do programa SAS. Para obtenção do agrupamento Ward, a matriz de distância foi obtida pelo algoritmo de Gower. A definição do número ideal de grupos foi realizada de acordo com os critérios do pseudo-F e pseudo-t<sup>2</sup>, combinado com o perfil da verossimilhança, associado com o teste da razão da verossimilhança. Houve uma ampla variabilidade entre os acessos, verificando-se a formação de três grupos, no qual, as características formato de fruto e peso de fruto, foram essenciais na distribuição dos acessos. O grupo G1 foi formado por 16 acessos, o grupo G2 por 27 acessos e o grupo G3 foi constituído por 28 acessos. Não foi possível agrupar os acessos exclusivamente em função de sua origem, o que sugere-se que distâncias geográficas não se correlacionam com distâncias genéticas entre os acessos de *C. chinense*. Outra justificativa pode ser explicada pela eficiente disseminação, tanto por agentes naturais de dispersão como insetos e aves, bem como pelas atividades humanas. A formação de grupos das duas primeiras variáveis canônicas explicaram 92,20% da variabilidade entre grupos. Os grupos G2 e G3 foram os mais próximos quando comparados com G1. Resultado semelhante pode ser observado quando se considera a estimativa das distâncias entre os grupos, onde a menor distância observada foi entre os grupos G2 e G3, com 14,83. Esse dado demonstra alta similaridade entre os acessos que compõem esses grupos para as variáveis quantitativas e qualitativas. A maior distância ocorreu entre os grupos G1 e G2 (23,03). Verificou-se uma ampla variabilidade genética entre os acessos de *C. chinense* pelo descritor morfológico. A caracterização é importante para o conhecimento mais amplo e melhor discriminação entre os acessos das espécies domesticadas de *Capsicum*, como também para a conservação e identificação de progenitores para o uso em programas de melhoramento genético de plantas.

Palavras-chave: Banco de germoplasma; Melhoramento genético; Pimentas.

Apoio financeiro: CAPES