

Agronomia

**Diversidade genética entre acessos de pimentas *Capsicum chinense* com base em caracteres quantitativos de frutos**

Igor César da Costa - 5º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista FAPEMIG.

Valter Carvalho de Andrade Junior - Orientador, Professor do departamento de Fitotecnia, UFLA. - Orientador(a)

Ana Izabella Freire - Coorientadora, Pós-doutoranda do departamento de Fitotecnia, UFLA.

Arthur de Carvalho Moretto - 9º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista FAPEMIG.

Matheus Azevedo de Abreu - 9º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista FAPEMIG.

**Resumo**

Compreender a diversidade genética entre os indivíduos é fundamental no contexto do melhoramento genético, pois permite uma apreciação mais abrangente da variabilidade disponível. Sendo assim, é possível satisfazer as exigências do mercado, pois no caso do gênero *Capsicum*, a diversidade serve de base para lançamentos de novas cultivares que atendam às necessidades tanto para o consumo in natura como para a indústria. O objetivo do trabalho foi estimar a variabilidade genética de caracteres quantitativos de pós-colheita dos frutos de pimenta e avaliar a diversidade genética entre 39 acessos com o uso da distância euclidiana média padronizada com posterior análise de agrupamento. Trinta e nove acessos de *C. chinense* do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras, Universidade Federal de Viçosa e da EMBRAPA foram caracterizados. Quatro caracteres quantitativos foram utilizados (Vitamina C, °Brix, Produção e Capsaicina). A distância média euclidiana, a dissimilaridade e o agrupamento de Tocher foram estimados. Os caracteres diferiram pelo teste F a 1% de probabilidade. O número de classes formadas variou de duas para vitamina C a sete para a produção. Pelo método de otimização de Tocher, os acessos foram subdivididos em 10 grupos, mostrando que existe variabilidade entre os acessos. Os caracteres selecionados desempenham um papel fundamental na identificação dos acessos, pois contribuem significativamente para a distinção entre eles. A variabilidade genética observada entre os acessos, abre caminho para a seleção de materiais distintos com potencial aplicação em programas de melhoramento genético.

Palavras-Chave: Agrupamento, pós-colheita, variabilidade.

Instituição de Fomento: CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/98JMuneW7xE>