



## Comparação de dois programas estatísticos para análise de similaridade de acessos de faveira\*

Raiane de Sousa Oliveira<sup>1</sup>; Gisele Holanda de Sá<sup>2</sup>; José Ribamar de Assunção Filho<sup>3</sup>; Francielle Alline Martins<sup>4</sup>; Raimundo Bezerra de Araújo Neto<sup>5</sup>; Paulo Sarmanho da Costa Lima<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Ciências Biológicas/UESPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte, raianedp2012@hotmail.com.,  
<sup>2</sup>Mestranda em Genética e Melhoramento/UFPI. <sup>3</sup> Professor seletivo da Universidade Estadual do Maranhão / UEMA. <sup>4</sup>Professora Adjunta III/UESPI. <sup>5</sup>Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br.

Os métodos de agrupamentos têm permitido a sua aplicação nas mais variadas áreas da ciência por meio de suas habilidades e poder discriminatório. Essas análises têm merecido atenção cada vez maior com o advento dos marcadores moleculares, pois têm como objetivo classificar um conjunto de indivíduos avaliados por meio de diversas variáveis, usando-se uma média de similaridade determinada entre eles. Além disso, são utilizados nos trabalhos de melhoramento genético, conservação de recursos genéticos e estudos filogenéticos. Vários softwares têm permitido a execução de tal análise, entre os quais, destacam-se os programas estatísticos Past e Genes. Apesar de ambos adotarem uma mesma nomenclatura para a análise de agrupamento, utilizam-se de variáveis distintas, promovendo, dessa forma, um arranjo de grupos diferentes. Com o intuito de investigar o problema, foram utilizados tais softwares e o método UPGMA, aplicando-se o índice de Jaccard. Foi considerada a avaliação de 10 acessos de *Parkia platycephala* Benth. do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. Os resultados da análise de similaridade mostraram que os programas utilizados diferiram entre si na ordem dos grupos formados no dendrograma. O software Past resultou na formação de três grupos geneticamente distintos a partir da linha de corte a uma distância de 0,42. Os acessos foram arranjados nos grupos de acordo com atributos comuns entre eles. O grupo III se apresentou isolado dos outros acessos, demonstrando ser o mais divergente. Quando se analisaram os mesmos dados por meio do programa Genes, o rearranjo dos acessos se modificou, e apenas dois grupos foram formados. O grupo I foi representado pelos acessos F-02 e F-10 com uma porcentagem de aproximadamente 93% de similaridade; o segundo grupo foi representado pelo restante dos acessos, destacando-se que o acesso F-03 não se apresentou de forma individual como observado no software anterior. Apesar das diferenças na organização dos grupos no dendrograma, alguns acessos se apresentaram simultaneamente no mesmo grupo de ambos os programas, demonstrando que alguns estádios de agrupamento foram semelhantes. Os resultados, embora um pouco diferentes, sugerem que os critérios de agrupamento são variáveis nos dois softwares. Dessa forma, cabe atenção ao pesquisador na escolha do programa a ser utilizado em suas análises, pois cada um apresenta variáveis distintas para o estudo de agrupamento, as quais podem interferir nos resultados quando comparados a outros softwares.

**Palavras-chave:** Faveira de bolota, distância genética, método de agrupamento.

**Agradecimentos:** À Embrapa Meio-Norte pelo suporte técnico e científico