

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE BANANEIRA, MEDIANTE CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA.

Lívia Pinto Brandão¹, Cíntia Paula Feitosa Souza²; Edson Perito Amorim³; Cláudia Fortes Ferreira³, Sebastião de Oliveira e Silva³, Janay Almeida dos Santos-Serejo³

¹ Estudante de Pós graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Bolsista da Fundação de Amparo a Pesquisa (FAPESB), e-mail: liviapintobrandao@yahoo.com.br

² Estudante, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Bolsista de PIBIC da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical e-mail: cintiapaula_2006@hotmail.com

³ Eng. Agr., D.Sc., Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Rua Embrapa, s/n, Caixa Postal 07, Cruz das Almas – BA, e-mail: edson@cnpmf.embrapa.br; claudiaf@cnpmf.embrapa.br, ssilva@cnpmf.embrapa.br; janay@cnpmf.embrapa.br

INTRODUÇÃO

A banana é a principal fruta no comércio internacional e a mais popular no mundo. Em termos de volume é a primeira fruta exportada, perdendo apenas para as frutas cítricas em termos de valor; além de representar segurança alimentar para muitos países em desenvolvimento.

A estimativa da distância genética entre genótipos informa a respeito da organização do germoplasma, aumenta a eficiência da amostragem de genótipos, auxilia na definição de cruzamentos artificiais, na incorporação de genes exóticos (fase de pré-melhoramento) e até na recomendação de cultivares para determinadas regiões, quando o objetivo é aumentar a base genética dos cultivares sob cultivo. Assim, se constitui numa ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento e um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis (Mohammadi e Prasanna, 2003).

O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética e o agrupamento formado por genótipos de bananeira, utilizando a metodologia do Ward-MLM (Franco et al. 1998). As informações obtidas serão aplicadas ao entendimento da estruturação do germoplasma disponível e a utilização destes genótipos no programa de melhoramento da bananeira visando a obtenção de variedades resistentes/tolerantes aos principais fatores bióticos e abióticos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 48 genótipos oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Bananeira (BAG) da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, em delineamento inteiramente casualizado com cinco repetições. As avaliações foram realizadas em campo, utilizando-se descritores morfológicos para bananeira, para 68 variáveis qualitativas e quantitativas morfoagronômicas (IPGRI e Catálogo de Germoplasma de Bananeira *Musa* spp.).

Os dados foram submetidos à análise multivariada utilizando-se das técnicas de análise de agrupamento e a metodologia de Ward-MLM para a formação dos grupos. Para a formação do dendrograma, utilizou-se o método do UPGMA (Unweighed Pair Group Mean Average) pelo programa MEGA-4. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o software SAS (SAS Institute, 2003)

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para estimar a diversidade dos 48 acessos de germoplasma de bananeira utilizando-se variáveis qualitativas e quantitativas, foi empregado a metodologia do WARD-MLM (SAS Institute, 2003) e os grupos formados pelo critério pseudo-F e pseudo-T² (Figura 1).

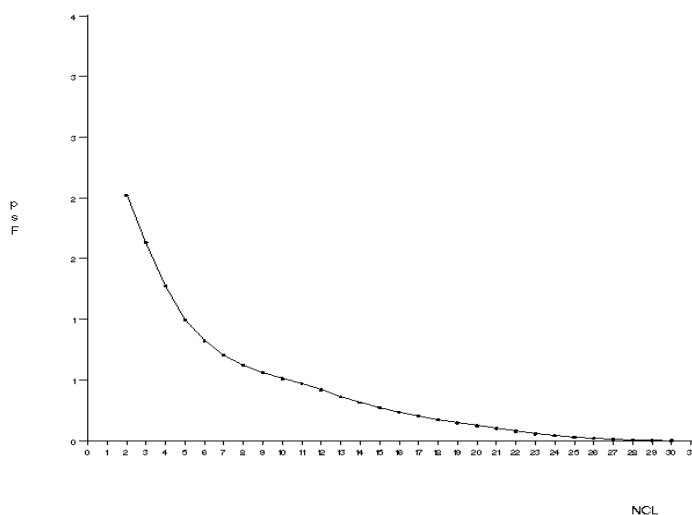


Figura 1: critério pseudo-F e pseudo-t² com número ótimo de grupos definido em 2 por meio da metodologia do Ward-MLM utilizando o programa SAS (SAS Institute, 2003).

O número apropriado de grupos foi definido com base nos picos de verossimilhança. Houve a formação de dois agrupamentos: Um composto por nove acessos (G1: Prata Batico, Prata Anã Rene, Prata Anã 2, Walha Akondro Mainty,

Kaipó e FC) e um segundo grande grupo formado por 39 acessos (G2: *Musa laterita*, Royal, Adimoo, Prata Graúda, Grand Naine, *Musa balbisiana*, Balbisiana franca, Butuhan, Tongo Dok Mak, NBF-9, Microcarpa, Malbut, Nam, Towolee, Kongo, Pioneira, Ouro da mata, Yangambi n², Niyarma Yik, Pa. Pathalung, PV0376, Yagambi Km 5, Krasan Saichon, PA. Absinea, , Zebrina, Burmannica, Tambi, F2P2, Lidi, F3P4, Jambi, Birmanie, Khi Maeo, 02803-01, 050012-02, Pipit, Ido-110, Imperial, Tuugia e Prata Baby) (Figura 2).

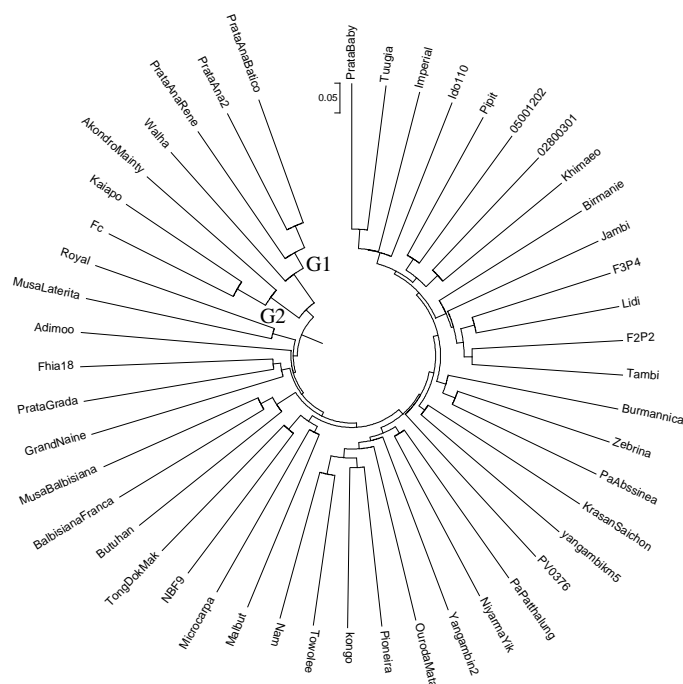


Figura 2: Dendrograma baseado no método Ward-MLM construído pelo programa MEGA-4 e método de agrupamento UPGMA para a análise de 16 variáveis quantitativas e 52 categóricas de 48 acessos de bananeira.

Com base nos valores de dissimilaridade genética que variaram 0,44 a 0,85 o menor valor para distância foi de 0,44 entre Prata Batico e Prata anã (G1) e, para FC (G1) e o híbrido 050012-02 (G2) foi verificada a distância de 0,85.

O subgrupo Prata, apresenta cultivares de grupo genômico (AAB), os indivíduos desse sub grupo agruparam-se no Grupo G1.

Entre as espécies da secção *Rhodochlamys* encontram-se os genótipos com potencial ornamental. Pode-se observar o agrupamento do híbrido Royal com o acesso *Musa laterita*; suas características são bem diferentes dos demais acessos e a origem dessas espécies, *Musa laterita* e *Musa velutina*, são selvagens. Os acessos Balbisiana França, *Musa balbisiana*, e Butuhan, são espécies selvagens diplóides (BB), e apresentam características inerentes à espécie, como presença de sementes e

resistência ao despençamento revelando alta semelhança entre os indivíduos, o que justifica a formação do grupo G2.

Malbut, NBF 9 e Microcarpa (G2) apresentam grupo genômico (AA), os dois primeiros são espécies cultivadas e originárias de Nova Guiné.

Os subgrupos Prata e Cavendish são os principais grupos comerciais e apresentam baixa variabilidade (CRESTE et al., 2003). Um alto nível de similaridade entre as cultivares de um mesmo subgrupo tem sido uma observação comum, pois elas compartilham de mesmo ancestral (CRESTE et al., 2003). A cultivar Grand Naine, foi agrupada de forma isolada sendo o único material do subgrupo Cavendish avaliado.

CONCLUSÃO

A estratégia de análise baseada no procedimento Ward-MLM possibilitou uma adequada classificação e agrupamento dos acessos de bananeira permitindo maior entendimento da relação entre os genótipos e os grupos formados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, p.236-244, 1963.

ORTIZ, R.; CROSSA J.; FRANCO, J.; SEVILLA, R. Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. **Genetic Resource Crop Evolution**, v.55, 151-162, 2008

SUDRÉ, C. P.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; RIVA-SOUZA, E. M. ; BENTO, C. dos S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.283-294, 2010.

Franco J, Crossa J, Villasenõr J, Taba S, Eberhart SA (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, 38: 1688-1696