

Variabilidade Genética em Acessos de Bananeira por Meio de Procedimentos Uni e Multivariados

Lívia Pinto Brandão¹; Edson Perito Amorim²; Cintia Paula Feitosa Souza³; Janay Almeida dos Santos Serejo²; Sebastião de Oliveira e Silva⁴

Resumo

Este trabalho teve como objetivo quantificar a diversidade genética entre acessos de bananeira mantidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, utilizando uma lista de descritores mínimos para a cultura. A caracterização fenotípica foi realizada em 77 acessos, sendo avaliados 47 descritores (18 quantitativos e 29 qualitativos). Os descritores foram analisados conjuntamente usando o procedimento Ward-MLM. Foi utilizado o método de agrupamento de Ward, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower. Considerando a análise da diversidade fenotípica realizada pelo método Ward-MLM foi possível identificar que dentro de um mesmo grupo existe certa similaridade entre os acessos. Contudo, entre os grupos, pode-se inferir sobre a presença de variabilidade para os descritores mínimos utilizados, indicando que estes genótipos podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético.

Introdução

A caracterização é uma atividade primordial na geração de conhecimentos sobre o germoplasma conservado em coleções, por permitir um melhor manejo do germoplasma e fornecer subsídios ao melhoramento genético. A Embrapa Mandioca e Fruticultura possui uma coleção de germoplasma de bananeira com 264 acessos, obtidos a partir da introdução de germoplasma nacional e coletas internacionais (DANTAS et al., 1993). O pré-melhoramento realizada nessa coleção é uma etapa fundamental, já que visa à identificação, caracterização e posterior uso dos genótipos promissores em cruzamentos com o germoplasma elite (AMORIM et al., 2011).

A caracterização morfoagronômica dos acessos conservados na coleção de bananeira da Embrapa tem potencial para auxiliar o melhoramento genético da cultura, por meio da identificação de acessos com características agrônomicas desejáveis, tais como: porte baixo, resistência a pragas, qualidade dos frutos, etc.

Independente do tipo de caracterização, técnicas multivariadas, entre elas: os componentes principais, os métodos de agrupamento, e algoritmos, tais como o de Gower (GOWER, 1971) e o Ward-MLM, proposto por Franco et al. (1998), tem sido amplamente utilizados na análise de dados advindos de coleções de germoplasma (CABRAL et al., 2010; SUDRÉ et al., 2010).

Este trabalho teve como objetivo quantificar a diversidade genética entre acessos de bananeira mantidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, utilizando uma lista de descritores mínimos para a cultura.

Material e métodos

Foram caracterizados, utilizando descritores morfoagronômicos, 77 acessos da coleção de germoplasma de bananeira mantida pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, no município de Cruz das Almas (BA). Foram utilizados 47 descritores morfoagronômicos mínimos propostos por Brandão (2011), com base na lista completa publicada pelo IPGRI (1996), correspondendo a 18 agrônomicos e 29 morfológicos.

Para a definição do número ideal de grupos, o procedimento indicado para o modelo MLM foi considerado, baseado nas estatísticas *pseudo-F* e *pseudo-t²*. Considerando a definição do número ótimo de

¹ Bióloga. MSc em Recursos Genéticos Vegetais. UFRB. Cruz das Almas, BA – Brasil – CEP 44380-000. E-mail: liviapintobrandao@yahoo.com.br

² Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Rua Embrapa s/nº - Cruz das Almas/BA CEP 44380-000. E-mail: edson@cnpmf.embrapa.br; janay@cnpmf.embrapa.br.

³ Bolsista de Iniciação Científica. Graduada em Agronomia – UFRB - Cruz das Almas/BA CEP 44380-000. E-mail: cintiapaula_2006@hotmail.com

⁴ Professor visitante sênior. UFRB. Cruz das Almas/BA CEP 44380-000. E-mail: ssilva@cnpmf.embrapa.br.

Apoio financeiro: Embrapa/CNPq.

grupos, uma classificação hierárquica foi obtida pelo método Ward, o qual disponibiliza um valor inicial necessário para programar o passo final do modelo MLM (CROSSA e FRANCO, 2004).

Resultados e Discussão

Na Figura 1 é apresentado o dendrograma de dissimilaridade genética entre os 77 acessos de bananeira considerando a análise conjunta dos descritores quantitativos e qualitativos, realizada por meio do procedimento Ward-MLM.

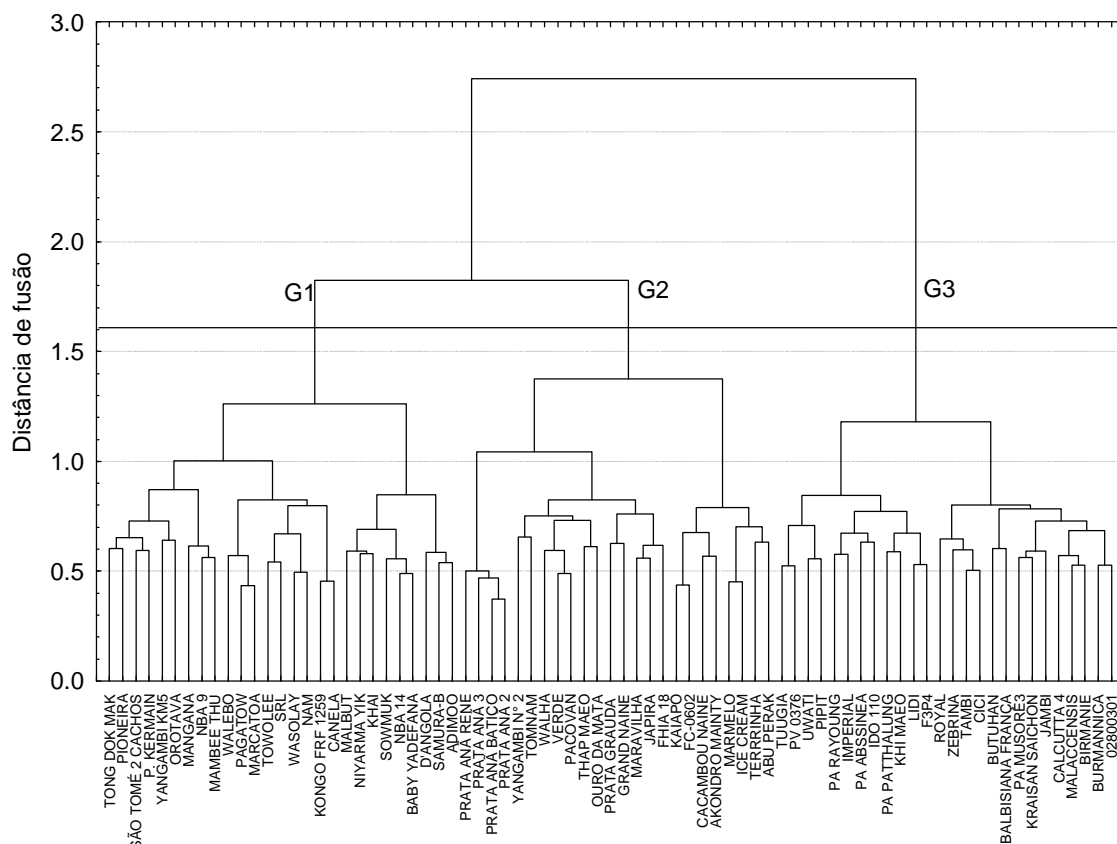


Figura 1. Dendrograma gerado pelo método Ward-MLM, a partir das distâncias genéticas obtidas nos 47 descritores morfoagronômicos mínimos, com a relação entre os 77 acessos de bananeira. Cruz das Almas, 2011.

Com base nos picos de verossimilhança foram formados três agrupamentos: G1 constituído por 27 acessos, sendo 10 diploides AA, 16 triploides (nove com genoma AAA e sete com AAB) e um tetraploide (AAAB); G2 formado por 24 genótipos, onde um é diploide (AA), 19 são triploides (um AAA, quatro ABB e 14 AAB) e 14 são tetraploides (AAAB); e G3 composto por 26 acessos, dos quais 22 são diploides (20 AA e dois BB), três são triploides (um AAA e dois ABB) e um é tetraploide (AAAA) (Figura 1).

Os valores de dissimilaridade genética entre os acessos variaram 0,37 (Prata Anã 2 e Prata Anã Bático) a 0,89 (Royal e o Akondro Mainty), com média de 0,70.

De maneira geral, não foi possível agrupar os acessos exclusivamente em função da sua ploidia, subgrupo/subespécie e ou procedência.

No primeiro agrupamento (G1), os diploides AA, ‘Sowmuk’, ‘Mambee Thu’, ‘NBA 14’, ‘Babi Yadefana’, ‘Mangana’, ‘NBA 9’ agruparam juntos, provavelmente em função da origem deste genótipos (Nova Guiné), fato que pode sugerir a troca de alelos por meio de cruzamentos naturais. Além disso, os três primeiros acessos pertencem a *ssp. banksii*. Somente o diploide ‘Uwati’, proveniente da Nova Guiné não agrupou no G1. Comportamento semelhante foi observado para os diploides ‘Khai’, ‘Niyarma Yik’ (*ssp. banksii*), todas originários da Tailândia. Agrupamento semelhante foi observado por Jesus (2010) ao analisar acessos de bananeira por meio de marcador SSR. Todos os triploides com genoma AAA agruparam no G1, a exceção de Grand Naine e Imperial, ambos do subgrupo Cavendish. Os acessos ‘Wasolay’, ‘Nam’, ‘Towolee’ e ‘Marcatoa’ agruparam no G1. Estes acessos

apresentaram características semelhantes para altura de planta, diâmetro do pseudocaule, diâmetro e peso do fruto, peso e do engajo, número de pencas, número de frutos e peso do cacho (MATTOS et al., 2010).

O subgrupo Prata caracteriza-se por apresentar frutos com aroma suave, doce, pouco ácida e de digestão leve, sendo bastante apreciadas no Nordeste brasileiro (MOREIRA, 1999). Todos os acessos desse subgrupo (Prata Anã 2, Prata Anã 3, Prata Anã Batico, Prata Anã Rene, Prata Graúda, Ouro da Mata, Pacovan e Walha) agruparam no G2. Resultados semelhantes foram observados por Jesus (2010) ao genotipar acessos do subgrupo Prata por meio de marcadores SSR. Os acessos 'Maravilha' e 'FHIA 01', ambos do subgrupo prata, apresentaram baixa dissimilaridade (0,57), fato justificável uma vez que 'Maravilha' é o nome fantasia da FHIA 01 lançada no Brasil pela Embrapa, ambas com o mesmo parental masculino (SH3142) (CAVALCANTE et al., 2003). De forma semelhante, o parental feminino do acesso 'Japira' ('Pacovan') também agrupou no G2. Todos os acessos com genoma ABB agruparam nesse grupo ('Cacambou Naine', 'Marmelo', 'Abu Perak', 'Ice Cream'); além disso 'Ice Cream' é uma sinonímia de 'Abu Perak' (SILVA et al., 1999).

Todos os diploides AA representantes da *ssp. malaccensis* agruparam no G3 ('Malaccensis', 'Cici', 'Jambi' e 'Pa Musore 3'). Comportamento semelhante também foi observado entre os diploides AA 'Birmanie' e 'Burmannica', pertencentes à *ssp. burmanica*. Os diploides com genoma BB também agruparam neste grupo ('Butuhan' e 'Balbisiana França'), da mesma forma como ocorreu com o diplóide melhorado 028003-01, que é um híbrido entre 'Calcutta 4' e 'Tuu Gia' e com 'PV 0376' ('Pacovan' x 'Calcutta 4'). Os diploides 'Khi Maeo' e 'PA Patthalung' agruparam juntos, concordando com resultados obtidos por Jesus (2010), quando estimaram a composição genética destes acessos por meio do modelo de mistura.

O complexo das subespécies *burmannica/burmannicoides/siamea* possuem suas origens no Nordeste da Índia, Burma e Sudeste da China, Tailândia, e são consideradas geneticamente próximas da subespécie *malaccensis* (Península da Malásia), o que justifica o agrupamento no G3 (JESUS, 2010).

Os plátanos 'Terrinha' e 'D'Angola' foram alocados em grupos diferentes em função de terem apresentado alta dissimilaridade genética (0,67). Estes genótipos foram avaliados nas condições do estado da Bahia quanto ao desempenho agrônomo e segundo os resultados diferem para uma série de caracteres, entre os quais peso do cacho e das pencas, número de frutos e ciclo (FARIA et al., 2010).

Referências

- AMORIM EP, AMORIM VBO, SILVA SO, PILLAY M (2011) Quality improvement of cultivated Musa In: PILLAY, M.; TENKOUANO, A. (Org.). **Banana Breeding: Progress and Challenges**. New York: CRC Press, p. 252-280, 2011.
- BRANDÃO, L.P. **Seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados**. Dissertação (Mestrado em Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, UFRB. 69p. 2011.
- CABRAL PDS, SOARES TCB, GONÇALVES LSA, AMARAL JÚNIOR AT, LIMA ABP, RODRIGUES R, MATTA FP (2010) Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **45**: 1124-1132.
- CAVALCANTE MJB, OLIVEIRA TK, SÁ CP, CORDEIRO ZJM, SILVA SO, MATOS AP (2003) **Novas cultivares de banana resistentes à sigatoka-negra no Acre**. Rio Branco-AC. 4p (Comunicado Técnico).
- CROSSA J, FRANCO J (2004) Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica** **37**: 19-37.
- DANTAS JLL, SHEPHERD K, SOARES FILHO WS, CORDEIRO ZJM, SILVA SO, SOUZA AS (1993) **Citogenética e melhoramento genético da bananeira (*Musa spp.*)**. EMBRAPA-CNPMF. 61p. (Documentos, (EMBRAPA-CNPMF, N° 48).

FARIA HC, DONATO SLR, PEREIRA MCT, SILVA SO (2010) Avaliação fitotécnica de bananeiras tipo terra sob irrigação em condições semi-áridas. **Ciência Agrotecnologia** **34**: 830-836.

FRANCO J, CROSSA J, VILLASEÑOR J, TABA S, EBERHART SA (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science** **38**: 1688-1696.

GOWER JC (1996) A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics** **27**: 857-874.

IPIGRI – *International Plant Genetic Resources Institute. Descriptors for banana (Musa spp.)*. Editora FAOP-IPIGRI-INIBAP, Rome, 55p. 1996.

JESUS ON (2010) **Caracterização Molecular de Acessos de bananeira do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, ESALQ/USP. 137p.

MATTOS LA, AMORIM EP, COHEN KO, AMORIM TB, SILVA SO (2010) Agronomical, physical and chemical characterization of banana fruits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **10**: 225-231.

MOREIRA RS (1999) **Banana teoria e pratica de cultivo**. São Paulo: Fundação Cargill, 335p.

SAS Institute. **SAS language and procedures: usage**. Version 8.1. Cary NC, 2000. CD-ROM. p.1723-1729.

SILVA SO, SHEPHERD K, DANTAS JL, SOUZA AD, CARNEIRO NS (1999) Germoplasma. In: ALVES, E.J. (org.). **A cultura da bananeira**. Cruz das Almas: CNPMF, p.61-84.

SUDRÉ CP, GONÇALVES LSA, RODRIGUES R, AMARAL JUNIOR AT, RIVA-SOUZA EM, BENTO CS (2010) Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research** **9**: 283-29.