

Quantificação da diversidade genética entre diploides melhorados de bananeira utilizando o algoritmo WARD-MLM

Larissa Santos Oliveira¹; Valquiria Martins Pereira²; Lívia Pinto Brandão³; Sebastião de Oliveira e Silva⁴; Carlos Alberto da Silva Ledo⁵; Edson Perito Amorim⁵

¹Estudante de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Estudante de Doutorado em Biotecnologia Vegetal da Universidade Federal de Lavras (UFLA); ³Mestre em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ⁴Bolsista CNPq, Cruz das Almas-BA; ⁵Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mail: lallahy@hotmail.com, vaumarpe@hotmail.com, livbrandao@yahoo.com.br, ssilva@cnpmf.embrapa.br, ledoc@cnpmf.embrapa.br, edson@cnpmf.embrapa.br

O presente trabalho teve como objetivo estimar a diversidade genética entre 31 diploides melhorados de bananeira usando simultaneamente dados quantitativos e de marcadores moleculares SSR. O experimento foi instalado utilizando-se o delineamento em blocos aumentados, com 28 tratamentos regulares e três tratamentos comuns. Foram mensuradas 18 características agrônomicas e utilizados 20 iniciadores SSR para a genotipagem dos diploides melhorados. As características agrônomicas e os marcadores SSR foram analisados conjuntamente usando o procedimento Ward-MLM (*Modified Location Model*) e para compor os grupos dos diploides melhorados utilizou-se o procedimento *Cluster* e IML (*Interactive Matrix Programming*). Foi utilizado o método de agrupamento de Ward, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower. O procedimento Ward-MLM determinou que o número ideal de grupos foi três, com base nas estatísticas *pseudo-F* e *pseudo-t²*. Constatou-se, por meio do dendrograma, relativa semelhança entre os genótipos do G1; fato justificável pelas suas genealogias, uma vez que o diploide 001016-01 é o parental feminino dos híbridos 091087-01 e 091079-03. O mesmo ocorre com os diploides 013019-01 e 01318-01, que possuem o diploide selvagem *Malaccensis* como ancestral. No G2, o diploide Calcutta 4 aparece em 62% das genealogias. Outro diploide, o M53, aparece numa frequência superior a 33% nas genealogias. Desta forma o agrupamento formado pode estar associado com o pequeno número de genitores envolvidos na obtenção desses híbridos. Comportamento semelhante também foi observado no G3, uma vez que diploide 028003-01 é o parental masculino dos genótipos 086079-10 e 042079-06. Desta forma, infere-se que, mesmo reduzida, a variabilidade genética disponível seja suficiente para o melhoramento da cultura, uma vez que ganhos genéticos têm sido obtidos ao longo dos anos com o desenvolvimento de híbridos de bananeira apresentando características agrônomicas favoráveis e resistentes às principais pragas.

Palavras-chave: diversidade genética; híbridos; microssatélites