

EFICÁCIA DE DOIS DIFERENTES MÉTODOS DE AGRUPAMENTOS PARA SEPARAR GRUPOS DISTINTOS DE VIDEIRA. Carlos Antônio Fernandes Santos; Patrícia Coelho de Souza Leão; Elieth Oliveira Brandão; Nadja Pollyanna da Silva Gonçalves; Cinthia Pinto Franco. Embrapa Semi-Árido. E-mail: casantos@cpatsa.embrapa.br

O conhecimento do grau de divergência genética é de grande importância em programas de melhoramento, pois auxiliam na escolha de progenitores com as melhores combinações para hibridações. Este trabalho tem o objetivo de avaliar a divergência genética entre genótipos de videira e a distribuição dos grupos previamente estabelecidos, através de dois métodos de agrupamento. Uma coleção formada por 177 acessos de videira foi avaliada para dez caracteres fenotípicos, e os acessos classificados da seguinte forma: 86 de uva de mesa com semente (MES), 40 de uva sem sementes (LES), 22 de uva para vinho tinto (TIN) e 29 de uva para vinho branco (BRA). Uma variável classificatória adicional foi incluída: 1, 5, 10 e 15, respectivamente para BRA, TIN, MES e LES. As médias obtidas em três ciclos de produção das variáveis fenotípicas foram agrupadas considerando os dados sem e com a inclusão da variável classificatória pelos métodos "Nearest centroid sorting", disponível no procedimento Fastclus do programa de estatística SAS, e método de otimização proposto por Tocher, disponível no software Genes. Em ambas os dados originais foram standardizados para os cálculos das distâncias Euclidianas. As análises realizadas com a introdução de uma variável classificatória para os distintos grupos produziram mudanças reduzidas na formação dos grupos efetuados com o procedimento FastClus, enquanto que mudanças maiores foram observados com o método proposto por Tocher. Conclui-se que as duas metodologias falharam em separar completamente os quatro diferentes grupos de genótipos de videira, apesar de um maior percentual de acerto para a metodologia do procedimento FastClus.