PARECENÇA ENTRE ACESSOS DE FEIJOEIRO COMUM DE GRÃOS BRANCO UTILIZANDO O MÉTODO DE HARRISON.

Jaison Pereira de Oliveira[1], Maria José Del Peloso[1], Orlando Peixoto de Morais[1], Jaime Roberto Fonseca[1], Heloisa Torres da Silva, Leonardo Cunha Melo[1], Silvando Carlos da Silva[1]

[1]Embrapa Arroz e Feijão - jaison@cnpaf.embrapa.br

Palavras chave: distância genética, análise multivariada, similaridade genética, variáveis categóricas, *Phaseolus vulgaris*.

O banco ativo de germoplasma (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão, praticamente só possui informações subjetivas provenientes das cadernetas de coletas. Modelos matemáticos relacionando a parecença entre acessos, utilizando variáveis subjetivas, tem sido poucos explorados nos estudos de recursos genéticos. A parecença é dividida em duas categorias, similaridade e dissimilaridade. Modelos que levam em consideração o par (0,0), podem ter o valor do coeficiente de parecença enviesado devido ao elevado número de coincidências de zeros. O objetivo deste trabalho foi estudar o coeficiente de parecença através da aplicação do modelo de Harrison, em variáveis qualitativas multicategóricas. Foram utilizados 18 acessos tradicionais de feijoeiro comum de grãos branco do BAG-Embrapa Arroz e Feijão. Os descritores, hábito de crescimento (HC), tamanho de grão (TG), unidade federativa (UF), classe de solo (CS) e classe de altitude (CA), foram transformados em variáveis binárias através da criação de variáveis fictícias. No modelo de Harrison, cada variável é ponderada pelo número de níveis que possui atenuada pelo cálculo do seu logarítmo, possibilitando uma maior exatidão da distância entre dois acessos. As freqüências relativas de similaridade encontradas nos descritores foram de 23,0% para sete níveis (HC e UF), 19,0% para cinco níveis (HC e UF) e 16,0% para quatro níveis (TG). Esta análise mostrou que descritores com muitos níveis contribui com maior freqüência relativa para a similaridade no caso de coincidência entre dois acessos. Os acessos 9 e 10 são redundantes. A maior similaridade foi encontrada entre os acessos 1, 2 e 3 (0,77). A maior dissimilaridade foi do acesso 5, variando de 0,65 a 1,00. O método de Harrison possibilitou detectar acessos redundantes sendo uma ferramenta de decisão e definição no descarte de genótipos iguais.

Fonte financiadora: Embrapa Arroz e Feijão.