

INFERÊNCIAS SOBRE A VARIABILIDADE GENÉTICA DISPONÍVEL NO BANCO DE GERMOPLASMA DE BANANEIRA DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA TROPICAL

Cíntia Paula Feitosa Souza¹; Lívia Pinto Brandão²; Edson Perito Amorim³; Valquíria Martins Pereira⁴, Sebastião de Oliveira e Silva³, Janay Almeida dos Santos-Serejo³

¹ Estudante, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Bolsista de PIBIC da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, e-mail: cintiapaula_2006@hotmail.com;

² 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.

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; ssilva@cnpmf.embrapa.br

⁴ Mestranda em Ciências Agrárias, UFRB. Cruz das Almas-BA, e-mail: martins_soledade@yahoo.com.br.

INTRODUÇÃO

A Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical possui uma das maiores coleções de bananeiras do mundo, com aproximadamente 300 acessos, de diferentes grupos genômicos e níveis de ploidia.

Um banco de germoplasma deve conter uma variabilidade genética mínima que represente o acesso, seja cultivar elite ou primitiva, espécie ou gênero. Considera-se, que o germoplasma de bananeira da Embrapa é bem representativo, apresentando desde espécies selvagens do gênero *Musa*, como *M. acuminata* e *M. balbisiana*, até cultivares e variantes dos tipos Prata e Maçã.

A bananicultura brasileira possui grande importância econômica e social, destacando-se como segundo produtor mundial. No entanto, apresenta poucos cultivares com potencial agrônomo para exploração comercial, com resistência ao despencamento, alta produtividade e tolerantes às pragas e que apresentem frutos com boas características pós-colheita. Uma das estratégias para a solução dos problemas mencionados é a seleção de novos genótipos, mediante o melhoramento

genético. Entretanto, essa estratégia passa obrigatoriamente pelo conhecimento da variabilidade genética disponível, utilizada como critério de seleção para os cruzamentos entre genótipos com características agrônômicas complementares. Desta forma, o objetivo deste trabalho é obter informações sobre a variabilidade genética disponível no Banco de Germoplasma de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.

MATERIAL E MÉTODO

O presente trabalho foi conduzido na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, localizada no município de Cruz das Almas, BA. A caracterização foi realizada em 17 acessos do Banco de Germoplasma de Banana, sendo avaliadas cinco plantas por acessos. As avaliações foram realizadas em campo e no Laboratório de Práticas Culturais, utilizando-se descritores morfológicos de banana, incluindo as seguintes características: forma do fruto, número de dedos por penca, comprimento do fruto (cm), comprimento do cacho (cm), diâmetro do cacho (cm), forma do cacho, forma da seção transversal, comprimento lateral e radial do fruto (cm), curvatura, diâmetro e comprimento do pedicelo (cm), comprimento e forma do ápice (cm), vestígios florais presentes no fruto, cor da casca dezeit e madura, cor da polpa dezeit e madura, espessura (cm) e aderência da casca, consistência da polpa com casca e sem casca (N) e fragilidade ao despençamento (N).

Os dados foram submetidos a análises multivariadas utilizando-se das técnicas de análise de agrupamento. Para a análise de agrupamento foi utilizada o algoritmo de Gower como medida de dissimilaridade e para a formação do agrupamento, utilizou-se o método de UPGMA. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se os softwares R e NTSys.

RESULTADO E DISCUSSÃO

O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,77, indicando um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (ROHLF, 2000), fundamentada no algoritmo de Gower. O número de grupos foi definido a partir da média da matriz de agrupamento (dissimilaridade) que foi de 0,43, os genótipos foram agrupados pelo método UPGMA formando IV grupos (figura 1).

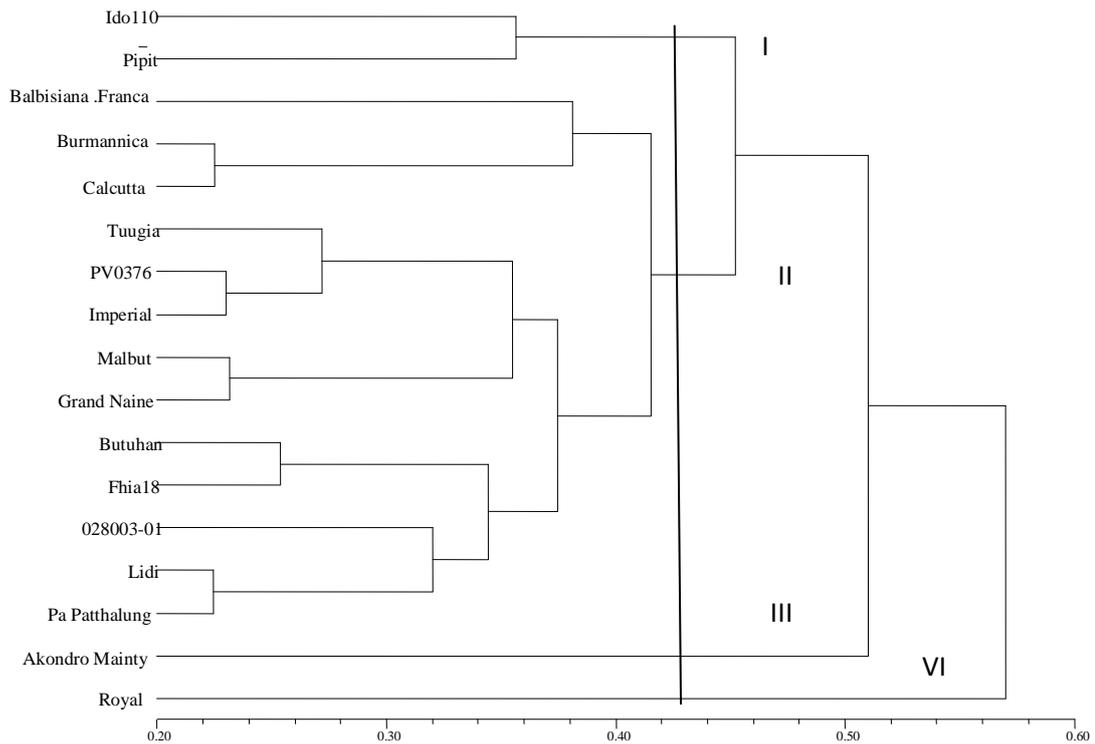


Figura 1. Dendrograma baseado no algoritmo de Gower e método de agrupamento UPGMA na análise de 10 variáveis quantitativas e 14 qualitativas de 17 acessos de bananeira

Os valores de dissimilaridade genética encontrado entre os 17 acessos analisados variaram de 0,23 a 0,68, sendo menor entre os acessos Lidi e Pa Pathalung e a maior dissimilaridade encontrada foi entre o híbrido acessos *Musa ornata* x *Musa velutina* (Royal) e FHIA-18.

O grupo I foi formado por dois acessos (Ido-110 e Pipit); o grupo II por 13 acessos (Balbisiana Franca, Burmannica, Calcutta, Tuugia, PV0376, Imperial, Malbut, Grand naine, Butuhan, FHIA-18, 028003-01, Lidi, Pa Pathalung), o grupo III por um acesso (Akondro Mainty) e o grupo IV pelo híbrido *Musa ornata* x *Musa velutina*.

Os genótipos Ido-110 e Pipit apresentam grupo genômico (AA) o que justifica a formação de um grupo por esses acessos; o mesmo acontece com os diplóides selvagens Balbisiana Franca e Butuhan (BB); entre os triplóides Imperial e Grand Naine (AAA) e entre os tetraplóides FHIA-18 e PV0376 .

Burmannica e Calcutta são sinônimas, apresentando-se no mesmo subgrupo. O híbrido *Musa ornata* x *Musa velutina* (Royal) é espécie ornamental, suas características são bem diferentes dos demais acessos estudados o que implica na formação de um grupo separado.

Os acessos Tuugia e Calcutta foram utilizados como genitores para obter o diplóide melhorado 028003-01, esse seria um fato preponderante para que esses acessos formem um mesmo agrupamento.

Os resultados demonstram que, dentro de um mesmo grupo, existe certa similaridade entre os genótipos de bananeira. Contudo, entre os grupos, pode-se inferir sobre a presença de variabilidades para os caracteres estudados, indicando que estes genótipos podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético da cultura.

CONCLUSÃO

A análise de agrupamento mostrou-se eficiente em expressar a ampla variabilidade genética entre os acessos avaliados, o que permitirá a escolha dos mesmos para serem utilizados em programas de melhoramento visando à obtenção de genótipos superiores.

REFERÊNCIAS

ALVES, E. J. , org. **A cultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais**. Brasília: Embrapa-SPI/Cruz das almas: Embrapa-CNPMPF, 585p,1997.

ROHLF, F,J, **Numerical taxonomy and multivariate analysis system**, New York: Exeter Software, 38 p, 2000.

SILVA, S. O.; CARVALHO, P. C. L.; SHEPHERD, K.; ALVES, E. J.; OLIVEIRA, C. A. P.; CARVALHO, J. A. B. S. **Catálogo de germoplasma de bananeira (Musa spp.)**. Embrapa. Documentos CNPMPF, n. 90, 152p, 1999.

SILVA, S. O.; SHEPHERD, K.; DANTAS, J. L. L.; SOUZA, A.. S.; CARNEIRO, M. S. Germoplasma de banana. In: ALVES, E.J. (ed.). **A cultura da banana**. Aspectos técnicos socioeconômicos e agroindustriais. Brasília, DF: EMBRAPA-SPI. p, 61-84.1997.