



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DISSERTAÇÃO DE MESTRADO**

**VARIABILIDADE GENÉTICA UTILIZANDO MARCADORES SSR E
COMPORTAMENTO AGRONÔMICO DE DIPLOIDES MELHORADOS
DE BANANEIRA**

VALQUIRIA MARTINS PEREIRA

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
FEVEREIRO - 2011**

VARIABILIDADE GENÉTICA UTILIZANDO MARCADORES SSR E COMPORTAMENTO AGRONÔMICO DE DIPLOIDES MELHORADOS DE BANANEIRA

VALQUIRIA MARTINS PEREIRA

Licenciatura em Ciências Agrárias
Universidade Estadual da Paraíba, 2008

Dissertação submetida à Câmara de Ensino de Pós-Graduação e Pesquisa da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Ciências Agrárias, Área de Concentração: Fitotecnia.

Orientador: Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

Co-orientador: Dr. Edson Perito Amorim

Co-orientadora: Dra. Claudia Fortes Ferreira

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA – 2011

FICHA CATALOGRÁFICA

P436

Pereira, Valquíria Martins.

Variabilidade genética utilizando marcadores 'ssr' e comportamento agrônômico de diplóides melhorados de bananeira / Valquíria Martins Pereira_. Cruz das Almas-Ba, 2011. 82f.; il.

Orientador: Carlos Alberto da Silva Ledo.

Co-orientadores: Edson Perito Amorim e Claudia Fortes Ferreira.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas.

1.Banana – Cultivo. 2.Banana – Melhoramento genético. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II. Título.

CDD: 634.772

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

**COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DA
ALUNA VALQUIRIA MARTINS PEREIRA**

Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo
EMBRAPA – Mandioca e Fruticultura
(Orientador)

Dr. Onildo Nunes de Jesus
EMBRAPA – Mandioca e Fruticultura

Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia-UFRB

Dissertação homologada pelo Colegiado de Curso de Mestrado em Ciências Agrárias em.....
Conferindo o Grau de Mestre em Ciências Agrárias em.....

AGRADECIMENTOS

A Deus, primeiramente e principalmente...

A minha família, especialmente meus pais Miguel e Maria, por acreditarem sempre em mim, me apoiar, pelo amor e confiança. Amo vocês...

Aos meus irmãos Ana Vagna (*in memoriam*), José Pascoal e Liama, pelo apoio incondicional, sempre. Esse sucesso também pertence a vocês!

Ao meu esposo maravilhoso Flávio Costa, pelo amor, paciência, confiança e por estar sempre me apoiando em qualquer que seja a decisão...

Ao meu orientador Carlos Ledo, pela orientação, amizade e confiança nestes dois anos,

Aos meus co-orientadores Dr. Edson Perito e Dr^a. Claudia Fortes que são pessoas maravilhosas, obrigada pelos sábios ensinamentos e pela paciência todo esse tempo,

A Sebastião de Oliveira e Silva, pela amizade, ajuda e confiança todo esse tempo, a você muito obrigada, lhe admiro muito...

A Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, pela oportunidade de poder cursar o Mestrado,

A Embrapa Mandioca Fruticultura, por propiciar espaço para o desenvolvimento do experimento de dissertação,

A CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela concessão da bolsa,

A todos do Laboratório de Biologia Molecular, aprendi muito com todos, Epaminondas, Raimundo e Fernanda,

A nossa segunda mãe, 'minha e de Flávio', Suely Xavier, uma pessoa de coração infinito para a família e os amigos! Te adoramos...

Ao Professor e Ex-Orientador Alberto Soares de Melo, foi quem incentivou a fazer a seleção e vibrou com o resultado, aprendi muito com o senhor...

A minha tia Margarida, ao Professor Vital Paz e ao Prefeito de Catolé do Rocha Dr. Edvaldo Caetano, pela ajuda e confiança sempre,

Aos meus familiares e meus amigos, que sempre estiveram presentes...

Ao amigo inesquecível Paulo Laesso, que será sempre lembrado por mim e Flávio,

Aos meus amigos e ex-colegas inesquecíveis, que apesar da distância sempre procurei manter contato, Daniely Moura, Josirene e Lucimario, Cliucia, Maraiza, Wilma, Rosely, Janivan e Antônio Suassuna, Mônica, Aldo, Reginaldo, Livia Campos, Rayanna, Valdeci, Simone, Priscila, Ricardo (Tripé) e Whelyson, foi maravilhoso ser colega de vocês, e demais colegas...

Ao pessoal de Práticas Culturais, ambos foram professores também, Sinesio, Jorge, Tarciano, Daniel, José Magalhães, Rogério e Raimundo de Santana.

As minhas amigas que sentirei muita saudade de Bruna, Juliana Alves, Tamires Amorim, Daniela Velame, Livia Brandão, Mayana Matos, Gabriela Oliveira, Elizabeth, Lorena Mattos, Juliana Leles, Vânia, Gilmara, Leila, Larissa Santos, Thamyres Silveira, Lindineia, Cintia Paula e Fabíola, a vocês muito obrigada por fazerem meus dias mais felizes...

Aos Doutores Pesquisadores da Embrapa/CNPMP, Janay, Eder, Eugênio, Mauricio, Marilene, Vanderlei e Claudio, muito obrigada pela simpatia sempre,

Aos meninos de convívio, pelas conversas a fora, Rossini Daniel, Gian Carlo, Vinicius, Mário, Alexandre, Cleiton, Nilo, Afrânio, Artur Pamponet,

A Zalmar e Larissa Santos (bolsistas) pela ajuda no campo e no laboratório, sempre...

Ao Dr. Onildo Nunes e Dr. Ricardo Cunha, por aceitarem participar da banca de defesa e, Dr. Sebastião Oliveira e Dr. Abelmon Gesteira, por aceitarem ser suplentes...

A todos de Cruz das Almas - BA...

...Sentirei muita saudade de todos que conheci na Cidade, na Universidade e na Embrapa.

Aos meus pais Miguel e Maria de Zeca de Anízio, meus irmãos Pascoal e Liama e meu esposo Flávio. Pessoas que amo incondicionalmente.

Dedico.

Princípios da eficiência: não temer o futuro e nem idolatrar o passado. O insucesso é apenas uma oportunidade de começar um novo com mais inteligência. O passado só nos serve para mostrar nossas falhas e fornecer indicações para o progresso no futuro. O fracasso é a oportunidade de começar de novo inteligentemente. (Henry Ford)

SUMÁRIO

	Página
INTRODUÇÃO.....	01
Capítulo 1	
ANÁLISE MULTIVARIADA E ÍNDICE DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE DIPLOIDES SUPERIORES DE BANANEIRA	26
Capítulo 2	
QUANTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE DIPLOIDES MELHORADOS DE BANANEIRA UTILIZANDO O ALGORÍTMO WARD-MLM	49
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	71

VARIABILIDADE GENÉTICA UTILIZANDO MARCADORES SSR E COMPORTAMENTO AGRONÔMICO DE DIPLOIDES MELHORADOS DE BANANEIRA

Autor: Valquiria Martins Pereira

Orientador: Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar características agronômicas em 31 híbridos diploides de bananeira, assim como estimar a diversidade genética por meio de análises multivariadas, usando simultaneamente dados quantitativos e de marcadores SSR. O experimento foi instalado utilizando o delineamento em blocos aumentados, com 28 tratamentos regulares e três tratamentos comuns. Foram mensuradas 18 características agronômicas e utilizados 20 iniciadores SSR para a genotipagem dos diploides melhorados. Para a classificação dos genótipos foi utilizado o índice de soma proposto por Mulamba & Mock. As características agronômicas e os marcadores SSR foram analisadas 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*) do SAS. Foi utilizado o método de agrupamento de Ward, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower. Houve diferenças significativas para a grande maioria dos caracteres, podendo-se inferir que há comportamento agronômico diferenciado entre os genótipos. Foi possível identificar os seis melhores diploides melhorados a partir do índice de Mulamba & Mock: 013018-01; 086094-20; 042049-04; 017041-01; 042049-02; e 042049-06. Os dois melhores diploides apresentaram médias para altura de planta abaixo de 200 cm, mais de 90 frutos por cacho, e ciclo da emissão a colheita inferior a 200 dias; critérios utilizados na seleção de diploides pela Embrapa. O método de Tocher permitiu a formação de três agrupamentos (G I, GII E GIII). O grupo I formado por 29 híbridos; enquanto que nos grupos II e III, somente um genótipo cada. Apesar dos poucos grupos formados, as distâncias intergrupos foram de 1,86 (GI x GII); 2,04 (GI x GIII) e 2,48 (GII x GIII), podendo-se inferir sobre a presença de variabilidade genética. O grupo II foi formado pelo diploide '042049-04', que apresentou a maior média para altura de planta entre todos os genótipos (318 cm). De forma

semelhante, o grupo III foi formado pelo diploide '013019-01', que apresentou o maior número de frutos por cacho (202 frutos) e possui como parental masculino o diploide selvagem Tjau Lagada, presente somente na genealogia deste híbrido. O procedimento Ward-MLM determinou que o número ideal de grupos foi três, com base na função de log-verossimilhança. 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 com 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 parental masculino dos genótipos 086079-10 e 042079-06. Comparando-se os agrupamentos formados pelo método de Ward-MLM e o obtido por meio das variáveis canônicas, percebe-se maior poder discriminatório no segundo método, uma vez que foram formados seis grupos, contra três no Ward-MLM. Desta forma, infere-se que, 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.

Palavras-chave: *Musa* sp., variabilidade, melhoramento, índice de seleção, análise de crescimento, análise multivariada.

GENETIC VARIABILITY USING SSR MOLECULAR MARKERS AND AGRONOMIC PERFORMANCE OF IMPROVED BANANA DIPLOIDS

Author: Valquiria Martins Pereira

Adviser: Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

Abstract: The objective of the present work was to evaluate agronomic characteristics of 31 banana diploid hybrids as well as to estimate the genetic diversity by multivariate analysis using quantitative and SSR data simultaneously. The experiment was carried out in augmented block design with 28 regular treatments and three common treatments. Eighteen agronomic characteristics were measured and 20 SSR primers were used for genotyping the improved diploids. The sum index of classification proposed by Mulamba and Mock was used to classify the genotypes. The agronomic characteristics and the SSR markers were analyzed simultaneously by the Ward-MLM procedure and the Cluster and IML (*Interactive matrix programming*) procedures by the SAS software, were used. The Ward clustering method was used considering the combined matrix obtained by the Gower algorithm. Significant differences were observed for most characteristics showing differentiated agronomic behavior between the genotypes. It was possible to identify six improved diploids using the Mulamba and Mock indice: 013018-01; 086094-20; 042049-04; 017041-01; 042049-02; and 042049-06. The best two diploids presented, according to the selection criteria used by Embrapa, average plant height lower than 200 cm, more than 90 fruits per bunch and cycle from emission to harvest earlier than 200 days. The Tocher method formed three clusters with group I formed by 9 hybrids; whereas groups II and III were represented by one genotype each. Despite the low number of groups formed, the intergroup distances were: 1,86 (GI x GII); 2,04 (GI x GIII) and 2,48 (GII x GIII) whereas the presence of genetic variability is shown. Group II was formed only by the 042049-04 diploid, which presented the highest average for plant height among all genotypes (318 cm). Similarly, group III was formed by the 013019-01 diploid which presented the highest number of fruits per bunch (20 fruits) having as its male parent, the wild diploid Tjau Lagada present only in the genealogy of this hybrid. The Ward-MLM procedure determined that the

number of ideal groups was three based on the likelihood-log function. Relative similarity between the genotypes in G1 was observed by the dendrogram since the 001016-01 diploid is the female parent of the 091087-01 and 091079-03 hybrids; the same occurred with the 013019-01 and 01318-01 diploids which have the wild *Malaccensis* diploid as their ancestor. In G2, the Calcutta 4 diploid appears in 62% of the genealogies. Another diploid, M53, appears at a frequency greater than 33% in the genealogies. Therefore, the groups formed may be associated with the small number of genitors involved to obtain these hybrids. Similar behavior was also observed in G3, since the 028003-01 diploid is the male parent of the 086079-10 and 042079-06 genotypes. Hence, it can be inferred that, although reduced, the genetic variability available is sufficient for improvement of this crop since genetic gains have been obtained throughout the years with the development of banana hybrids with favorable agronomic characteristics and resistance to main diseases.

Key-words: *Musa* sp., variability, breeding, selection indice, growth analysis, multivariate analysis.

INTRODUÇÃO

1. ASPECTOS GERAIS E IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DA BANANEIRA

O Brasil ocupa o quinto lugar na produção mundial de banana, com uma produção de 7,2 milhões de toneladas em 2009, em uma área aproximada de 512 mil hectares (FAO, 2011). O consumo *per capita* da fruta no País é estimado em 20 kg⁻¹ hab⁻¹ ano⁻¹, com tendência de redução no consumo a partir dos anos 1990; muito em função do efeito-substituição causado pela entrada de outras frutas no mercado a preços convidativos e de boa qualidade (MASCARENHAS, 1999).

As exportações brasileiras em 2008 foram de apenas 168 mil toneladas, correspondendo a 2,6% do mercado mundial. Isto caracteriza o agronegócio brasileiro de bananas como predominantemente de mercado interno, embora a exportação para os países do Mercosul tenha uma grande importância para os produtores do estado de Santa Catarina; situação que é favorecida pela maior proximidade geográfica (ALMEIDA et al., 2010).

A expansão da bananicultura brasileira é limitada pela falta de variedades comerciais que apresentem, concomitantemente, porte baixo, tolerância à seca e ao frio, resistência aos nematóides, boas características pós-colheita; entre elas a resistência ao despencamento do fruto e resistência as pragas: Sigatoka amarela e negra, mal-do-Panamá, Moko e algumas viroses (LESSA et al., 2010a).

A melhor estratégia para suplantando estas limitações é o desenvolvimento de novas cultivares mediante o melhoramento genético. Esses novos genótipos, em sua maioria, são tetraploides, oriundos de cruzamentos entre triploides e diploides melhorados ou selvagens (SILVA et al., 2005).

A bananicultura é praticada em todas as regiões geográficas do País e possui elevada importância social e econômica. Na região Nordeste do Brasil, é uma das principais explorações agrícolas entre as fruteiras, assumindo importância

fundamental por seu valor na alimentação, na fixação de mão-de-obra no meio rural e por gerar divisas para o País (MASCARENHAS, 1997; GOMES et al., 2004).

Embora exista um grande número de variedades de bananeira no Brasil, quando se consideram aspectos como preferência dos consumidores, produtividade, tolerância às pragas, porte adequado e resistência à seca e ao frio, restam poucas com potencial agrônômico. Os cultivares mais difundidos no Brasil são: Nanica, Nanicão e Grand Naine, do grupo AAA, utilizados principalmente na exportação, e Prata, Pacovan, Prata-Anã, Maçã, Mysore, Terra e D'Angola, do grupo AAB (SILVA et al., 1999b).

A banana 'Maçã' é a preferida pela maioria dos consumidores em razão de seu paladar, obtendo maiores preços no mercado. Todavia, devido a sua alta suscetibilidade ao mal-do-Panamá, está sendo dizimada de norte a sul do País (SILVA et al., 1999a).

A 'Mysore' é uma cultivar de porte alto e com frutos externamente semelhantes aos frutos da 'Maçã', embora com sabor diferente. É muito produtiva, embora apresente o vírus BSV, que provoca uma redução no tamanho do cacho e no crescimento da planta (CORDEIRO, 1999; SILVA & ALVES, 1999).

As cultivares do tipo Prata são responsáveis por aproximadamente 60% da área cultivada com bananeira no Brasil. Apresentam normalmente porte alto e frutos de sabor doce a suavemente ácido, à exceção da 'Prata-Anã' ('Enxerto'), mutante da 'Branca' (LICHTENBERG et al., 1998), que possui porte de médio.

As cultivares descritas são suscetíveis à Sigatoka-amarela, à exceção da 'Maçã', da 'Mysore' e os plátanos, à Sigatoka-negra, à exceção da 'Mysore', e ao Moko (SILVA & ALVES, 1999). As pragas da cultura acarretam severas perdas na produção, as quais, sob certas circunstâncias, atingem até 100%, pois, muitas vezes não há uma alternativa eficiente de controle (SILVA et al., 2002).

Apesar da variedade de cultivares de bananeira existentes no Brasil, poucas apresentam potencial agrônômico para utilização comercial (SILVA et al., 1997) por possuírem baixa produtividade ($<16t\ t\ ha^{-1}$), porte elevado e suscetibilidade a pragas que afetam o bom desempenho da cultura (ALVES, 1986). A melhor estratégia para a solução desses problemas é o desenvolvimento de cultivares mediante programas de melhoramento genético (DONATO et al., 2006; GUIMARÃES et al., 2009).

2. DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E BOTÂNICA

O centro de origem da maior parte do germoplasma de bananeira está localizado no continente asiático, com ocorrência de centros secundários na África Oriental, em algumas ilhas do pacífico e uma considerável diversidade genética na África Ocidental (CHAMPION, 1967).

A bananeira (*Musa* spp), encontra-se classificada botanicamente na classe das *Liliopsida* (Monocotiledôneas), subclasse *Zingiberidae*, ordem *Scitaminales*, Família *Musaceae*. A família *Musaceae* compreende três subfamílias: *Strelitzoideae*, *Helicinoideae* e *Musoideae*. Nesta última estão os gêneros *Ensete* e *Musa*; este último onde se encontram as bananeiras comestíveis (SIMMONDS, 1960).

O gênero *Musa* está dividido em quatro subgêneros: *Eumusa* e *Rhodochlamys* (com $2n = 22$), *Callimusa* e *Australimusa* (com $2n = 20$). No gênero *Ensete* o número básico de cromossomos é $n = 9$, enquanto que em *Musa* é $n = 10$ ou 11 , podendo acontecer casos excepcionais de $n = 7$ ou 9 . Também descreveu duas espécies do gênero *Musa* com o número básico de cromossomos abaixo de 10 , $n = 7$ para *M. ingens* e $n = 9$ para *M. beccari*. O genoma com 11 cromossomos é característico de *Eumusa* e *Rhodochlamys*, enquanto que $n = 10$ constitui o número básico de *Callimusa* e *Australimusa* (SIMMONDS, 1960). Essa classificação foi proposta por Cheesman (1947) com base no número de cromossomos, que é aceita até os dias atuais.

Na evolução das bananeiras comestíveis, para Simmonds & Shepherd (1955), a letra A representa o genoma de *M. acuminata* e B, o de *M. balbisiana*. No entanto, em alguns híbridos estudados na Nova Guiné foi comprovada a participação de outras espécies, tais como *M. angustigemma* (genoma T) do subgênero *Australimusa* e de *M. schizocarpa* (genoma S) do subgênero *Rhodochlamys*, podendo ocorrer combinações dos tipos AS, AAS, ABBS, AAT e ABBT (D'HONT et al., 2000).

Simmonds e Shepherd (1955) explicaram a participação das espécies *M. acuminata* e *M. balbisiana* na origem das bananeiras com frutos comestíveis. Estes estudos levaram a constatação dos seguintes grupos genômicos: diplóides AA e AB; triplóides AAA, AAB e ABB e tetraplóides AAAA, AAAB, AABB e ABBB, sendo esta classificação adotada até hoje em todo o mundo. Além dos grupos genômicos, foi

estabelecido o uso do termo subgrupo, para denominar um complexo de cultivares, originárias, por meio de mutações de uma única cultivar original (SHEPHERD et al., 1984), como no caso do grupo AAA, subgrupo Cavendish e grupo AAB, subgrupos Prata e Terra, no Brasil.

Além da definição de grupos genômicos resultantes de combinações dos genomas A e B, foi estabelecido o uso do termo 'subgrupos', para denominar um conjunto de cultivares provenientes de mutações de uma única cultivar original (SIMMONDS, 1973).

A variabilidade genética importante localiza-se nas diversas formas selvagens e nas cultivares da espécie *M. acuminata* (grupo genômico AA). Esta espécie abrange sete subespécies, algumas ainda não bem definidas e cada uma com a sua própria distribuição na Ásia e Oceania. As diferenças morfológicas são tão acentuadas que, se não fosse à facilidade de se obter híbridos férteis entre estas subespécies, seria possível classificá-las como espécies distintas. As cultivares AA também apresentam uma grande diversidade morfológica, muitas estéreis ou pouco férteis (SHEPHERD et. al., 1986).

O objetivo do melhoramento do germoplasma AA é, portanto, concentrar, em um mesmo genotipo, o maior número possível de características favoráveis como partenocarpia, elevado número de frutos e pencas, maior comprimento dos frutos, boa formação de cachos e resistência a doenças, para posteriormente tentar transferi-las as variedades triploides comerciais, mediante a síntese de tetraploides (SILVA et al., 1996; SILVA et al., 1997).

A bananeira é desprovida de caule vegetativo aéreo. O caule subterrâneo ou rizoma é uma estrutura assimétrica ou cônica, formado por vários entrenós curtos. É o centro vital da bananeira, pois é nele que ocorre a formação das raízes, folhas, inflorescências e rebentos. A partir dos nós existentes no rizoma surgem as raízes, enquanto da sua parte apical dará origem as folhas (SIMMONDS & SHEPHERD, 1955; SIMMONDS, 1973).

O pseudocaule da bananeira é um estipe, sendo constituído pelas bainhas das folhas. Seu comprimento, que representa a altura da planta, é igual à distância do solo até o topo da roseta foliar. Em relação ao verdadeiro caule subterrâneo, este se apresenta em maior volume e o caule aéreo torna-se dependente deste para seu suporte. O pseudocaule é imprescindível para o suprimento de nutrientes à planta,

pois por meio deste ocorre a conexão vascular entre raízes, folhas e cachos (STOVER & SIMMONDS, 1987).

As folhas da bananeira são constituídas por bainha, pecíolo, limbo e nervura central. As bainhas são fortemente imbricadas, formam o pseudocaule, que além de fornecer água e amido, sustenta as folhas, permitindo que estas se posicionem de forma elevada, favorecendo a captação de luz para o aparelho fotossintético (SOTO BALLESTERO, 1992). Sua posição pode variar entre grupos genômicos, sendo eretas nos diploides e pendentes a bem arcadas nos triploides e tetraploides, respectivamente (SHEPHERD, 1984).

As flores iniciais da inflorescência são femininas, que ao desenvolverem-se constituem as pencas. Estas apresentam ovário bem desenvolvido, que dará origem aos frutos. No restante do eixo da inflorescência aparecem grupos de flores masculinas, com algumas peculiaridades, como ovário reduzido e estames desenvolvidos (DANTAS et al., 1997).

O coração (inflorescência masculina) é formado por brácteas que vão caindo e expondo as flores que secam e caem, formando um eixo denominado de ráquis masculina onde se notam as cicatrizes florais, denominadas de almofadas (CARVALHO, 1995; DANTAS et al., 1999).

O fruto da bananeira é uma baga carnosa resultante do desenvolvimento, geralmente partenocárpico, dos ovários das flores femininas de uma inflorescência. Sua multiplicação se processa naturalmente no campo, via vegetativa, pela emissão de novos rebentos, que recebem denominações específicas de acordo com o desenvolvimento (SOUZA et al., 1999). A propagação da bananeira se faz normalmente por mudas, oriundas do desenvolvimento de gemas ou rebentos em campo, ou micropropagadas *in vitro*. Em caso especial, melhoramento genético, a planta pode também ser propagada via sementes (MOREIRA, 1999).

A bananeira é uma planta tipicamente tropical, cujo bom desenvolvimento exige calor constante, elevada umidade e boa distribuição de chuvas. Essas condições são registradas na faixa compreendida entre os paralelos 30°, latitude norte e sul, nas regiões onde as temperaturas situam-se entre os limites de 15°C e 35°C. Há, entretanto, a possibilidade de seu cultivo em latitudes acima de 30° de latitude norte e sul, desde que a temperatura e o regime hídrico sejam adequados (MOREIRA, 1987).

3. GERMOPLASMA E MELHORAMENTO DA BANANEIRA

O estabelecimento do banco de germoplasma de bananeira na Embrapa Mandioca e Fruticultura teve início em 1983 a partir da introdução de germoplasma nacional e coletas em nível internacional (DANTAS et al., 1993). Atualmente, o banco de germoplasma possui aproximadamente 264 acessos dos quais 90% são cultivares e 10% espécies selvagens. Dentre estas últimas, predominam a *Musa acuminata* e a *M. balbisiana*.

A manutenção destes acessos é realizada a campo e *in vitro*, sendo que o intercâmbio tem sido feito utilizando-se ápices caulinares micropropagados. Uma lista completa do germoplasma de bananeira com a descrição de sinonímia, grupo genômico e procedência encontra-se em Silva et al. (1997).

Vale ressaltar que, os acessos do grupo genômico AAB, cujos representantes mais importantes no Brasil são as cultivares, Prata, Pacovan, Prata Anã, Mysore e Terra, ocorrem em maior frequência, enquanto que os diploides (AA) e os triploides AAA representados, no país, respectivamente, pela Ouro e pelas cultivares Caru Verde, Caru Roxa, São Tomé, Nanica, Nanicão e Grand Naine, apresentam frequência intermediária (Figura 1).

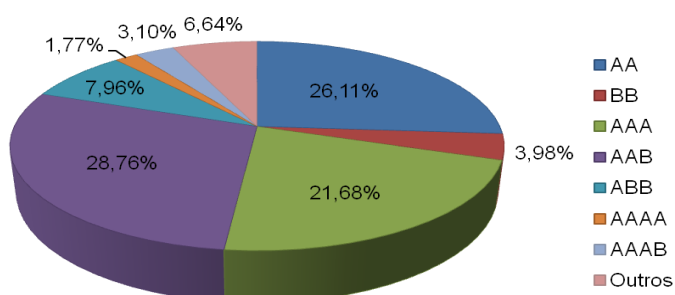


Figura 1. Frequência dos grupos genômicos de bananeira presentes no Banco Ativo de Germoplasma de banana da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas, 2011.

O melhoramento da bananeira foi iniciado no Brasil em novembro de 1983 e teve como objetivo básico a obtenção de variedades tetraploides (AAAB) com frutos tipo Prata, resistentes às principais pragas e doenças. A partir de 1993, uma nova linha de hibridações foi iniciada, com o objetivo de se obter híbridos tetraploides, tipo Maçã, resistentes ao mal-do-Panamá (SILVA et al., 1998).

Em virtude das limitações do melhoramento convencional, relacionadas principalmente com os diferentes níveis de esterilidade das cultivares triploides, outras técnicas, como engenharia genética, mutação, variação somaclonal, hibridação somática e duplicação de cromossomos vêm sendo utilizadas no melhoramento da bananeira (PANIS et. al., 1995; Silva et al., 2005; SANTOS-SEREJO et al., 2006).

O melhoramento genético da bananeira baseia-se principalmente no desenvolvimento de híbridos tetraplóides derivados de cruzamentos entre alguns poucos cultivares triploides férteis (genitor feminino) e diplóides melhorados (doador de pólen). A variabilidade genética se concentra entre as diversas formas selvagens das espécies e subespécies diplóides de *M. acuminata* que são usadas como genitores masculinos no melhoramento, e devem contribuir com resistência a doenças e características agrônomicas favoráveis (OSELEBE; TENKOUANO; PILLAY, 2006). Híbridos tetraploides agronomicamente superiores e resistentes às sigatokas e mal-do-Panamá tem sido obtidos (SILVA et al., 2001; OSELEBE; TENKOUANO; PILLAY, 2006; DAMODARAN; KUMAR; KAVINO, 2009).

Por essa razão, o desenvolvimento de diplóides melhorados é considerado um importante componente no melhoramento genético. Sendo assim, o melhoramento convencional se inicia com a hibridação e seleção de recombinantes em nível diploide, cujo objetivo é concentrar, em um mesmo genótipo (genitor masculino), um maior número de caracteres desejáveis, removendo eventuais defeitos inerentes dessas bananas não comerciais. Diplóides melhorados são então cruzados com cultivares triploides, que apresentam fertilidade parcial, para produção de híbridos tetraploides (SILVA et al., 1998). Nesse processo supõe-se que nos diplóides formam-se gametas reduzidos (n) enquanto nos acessos triploides formam gametas não reduzidos ($3n$) dando origem aos híbridos tetraplóides primários. Os híbridos tetraploides podem apresentar fertilidade masculina e feminina, reduzindo assim a qualidade da fruta devido à presença de sementes na polpa. Assim, outra possibilidade seria o desenvolvimento de híbridos triploides secundários derivados do cruzamento entre acessos diploides que produzem gametas reduzidos (n) com cultivares ou híbridos tetraplóides com gametas ($2n$) (TENKOUANO; ORTIZ; VUYLSTEKE, 1998).

4. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA

A bananeira é uma das plantas que se desenvolvem bem em climas quentes e úmidos, típicos de regiões tropicais. Possui uma grande velocidade de crescimento e seu vigor vegetativo só acontece em condições ecológicas propícias. Os mecanismos de crescimento e desenvolvimento controlam o desempenho das diferentes cultivares e são condicionados pelas características genéticas intrínsecas e pelos fatores ambientais. Do ambiente provêm os ingredientes necessários aos processos fisiológicos, mas fatores internos de cada planta é que ditam o padrão de utilização dos recursos ambientais disponíveis (PEREIRA & MACHADO, 1987; PEIXOTO, 1998), sendo o crescimento um aumento irreversível do tamanho e que resulta em aumento da massa, forma, superfície, volume ou unidades estruturais (REIS & MÜLLER, 1979).

Para se obter uma boa produtividade faz-se necessário o estabelecimento das plantas no campo com um manejo racional da cultura. Assim, o conhecimento do desempenho da cultura torna-se uma ferramenta que favorece a avaliação da resposta à utilização de insumos e que propicia condições de expressar o potencial produtivo. A caracterização agronômica torna-se indispensável no que se refere à avaliação da variabilidade existente. Para isso, uma série de características é mensurada em diferentes condições edafoclimáticas, tais como: altura da planta; diâmetro do pseudocaule; número de filhos na floração; data da floração; data da colheita; peso do cacho; peso de pencas; peso médio de frutos; número de pencas; número de frutos por cacho; comprimento do fruto; diâmetro do fruto e presença das sigatokas amarela e negra (SILVA et al., 1999c).

A caracterização e avaliação do comportamento de genótipos de bananeira com posterior seleção dos mais produtivos resistentes às pragas e adaptados às diferentes condições edafoclimáticas, são etapas essenciais ao programa de melhoramento genético e constituem-se numa solução significativa para incrementos em produtividade e qualidade nos sistemas de produção (DONATO et al., 2003). Assim, para a seleção de uma boa cultivar, fazem-se necessárias avaliações dos genótipos em vários locais e ou anos.

5. CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR

Para o sucesso de um programa de melhoramento, a existência de variabilidade genética para os caracteres de interesse é fundamental (AMORIM et al., 2009a). Desta forma, a caracterização agronômica associada ao uso de ferramentas moleculares pode disponibilizar informações úteis para o melhorista de plantas. Os marcadores de DNA são uma excelente ferramenta para o melhorista na quantificação da variabilidade disponível, na escolha de genitores para cruzamentos, na seleção assistida por marcadores e no mapeamento de genes de interesse. A associação entre informações derivadas de marcadores moleculares e aquelas obtidas a partir de características agronômicas apresenta potencial para maximizar os ganhos genéticos ao longo das gerações no processo de seleção.

Em bananeira, alguns trabalhos têm sido realizados com o objetivo de estimar a variabilidade genética disponível aos programas de melhoramento a partir da avaliação dos Bancos Ativos de Germoplasma ou mesmo do germoplasma elite utilizado nos cruzamentos, com marcadores moleculares (WANG et al. 2007; AMORIM et al., 2008; AMORIM et al., 2009a, b; MATTOS et al., 2010a,b; JESUS, 2010; PESTANA et al., 2011).

Dentre as técnicas moleculares, destacam-se os marcadores baseados em hibridização, tais como os RFLP's (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e os derivados de PCR (*Polimerase Chain Reaction*), como o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), os SSR's (*Simple Sequence Repeats*) e os ISSR's (*Inter Simple Sequence Repeats*) (GUIMARÃES et al., 2004).

Utilizando marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), Pillay et al. (2001) estimaram a variabilidade genética e o relacionamento genético entre 31 cultivares de bananeira, sendo 27 triploides AAA, um triploide AAB (plátano), dois diploides AB e um diploide AA. Os marcadores RAPD separaram os genótipos triploides (AAA e AAB) dos diploides AA e AB, favorecendo a seleção de genitores para o melhoramento genético da cultura.

Creste et al. (2004) utilizaram marcadores SSR para investigar a variabilidade genética e o relacionamento genético entre 58 genótipos de bananeira, incluindo 49 diploides (selvagens e cultivados) e nove triploides, mantidos na coleção de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Os diploides apresentaram grande variabilidade genética. A partir do dendrograma foi possível observar a formação de dois grandes grupos, um constituído pelos genótipos diploides e outro

com triploides. Entretanto, não foi possível separar os diploides selvagens dos cultivados.

Wan et al. (2005) compararam 13 genótipos selvagens de bananeira, coletados em diferentes regiões de Myanmar, com 11 cultivares de bananeira comerciais, disponibilizados pelo INIBAP (*International Network for the Improvement of Banana and Plantain*) por meio de marcadores SSR. Dois grupos foram formados mostrando uma separação clara entre os genótipos de Myanmar e os disponibilizados pelo INIBAP, indicando que o germoplasma de origem diferentes apresenta uma série de características distintas.

Jesus et al. (2006) caracterizou molecularmente (RAPD e SSR) 14 cultivares de bananeira adaptadas, desenvolvidas e recomendadas pela Embrapa Mandioca e Fruticultura que pertencem a diferentes grupos genômicos e possuem resistência variada a diversas pragas. Os marcadores foram capazes de separar as cultivares segundo a origem e os grupos genômicos. Em um grupo, foram inseridos todos os genótipos portadores do genoma A, e no outro foram agrupados todos os genótipos triploides e tetraploides portadores dos genomas A e B, incluindo, nesse último, todos os híbridos tetraploides avaliados.

Amorim et al. (2008) estimaram a divergência genética entre diploides de bananeira, incluindo genótipos melhorados, cultivados e selvagens, por meio de 15 marcadores microssatélites. Foi detectada ampla variabilidade genética entre os genótipos, sendo que alguns diploides se agruparam de acordo com sua origem geográfica.

Amorim et al. (2009a) genotiparam 21 diploides, 19 triploides e dois triploides de bananeira com quantidades variáveis de carotenóides por meio de marcadores DArT (*Diversity Array Technology*). Ampla variabilidade foi observada entre os genótipos. Pelos resultados é possível planejar cruzamentos visando desenvolver populações segregantes para o caráter ou mesmo desenvolver cultivares tri ou tetraploides ricos nessa substância.

Amorim et al. (2009b) caracterizaram 11 diploides melhorados de bananeira por meio de características agrônômicas e marcadores SSR. A distância generalizada de Mahalanobis indicou alto grau de divergência genética. As características altura de planta, número de pencas, número de frutos e diâmetro do pseudocaule contribuíram para a diversidade genética observada. A variabilidade

genética observada por meio dos marcadores SSR refletiu a mensurada a partir das características agronômicas.

Mattos et al. (2010a) caracterizaram 26 acessos de bananeira pertencentes à coleção da Embrapa Mandioca e Fruticultura, por meio de características agronômicas, físicas e físico-químicas dos frutos e marcadores SSR. Foi observada ampla variação para algumas características em especial para número de frutos, peso do cacho, teores de carotenóides, polifenóis e vitamina C. A análise conjunta dos dados, realizada por meio do algoritmo de Gower identificou variabilidade genética entre os acessos, de forma possibilitar o melhoramento, a partir do cruzamento entre genótipos com características agronômicas complementares.

Pestana et al. (2011) estimaram a variabilidade genética entre mutantes putativos de bananeira da cultivar Pacovan por meio de marcadores ISSR. Foram utilizados dados agronômicos e moleculares em conjunto, adotando-se o método Ward-MLM, proposto por Franco et al. (1998). Foi detectada ampla variabilidade entre os mutantes putativos; além disso, os raios gama foram eficientes em induzir mutação para porte reduzido.

6. ANÁLISES MULTIVARIADAS

Para Anderson (1984), existem, basicamente, duas formas de classificar as análises multivariadas: as que permitem extrair informações a respeito da independência entre as variáveis que caracterizam cada elemento, tais como análise fatorial, análise de agrupamento, análise de variáveis canônicas, análise de ordenamento multidimensional e análise de componentes principais; e as que permitem extrair informações a respeito da dependência entre uma ou mais variáveis ou uma com relação à outra, tais como análises de regressão multivariada, análises de contingência múltipla, análises discriminantes e análises de variância multivariada.

A análise de agrupamento é uma técnica multivariada que tem por objetivo proporcionar uma ou várias partições na massa de dados, em grupos, por algum critério de classificação, de tal forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre grupos (SNEATH & SOKAL, 1973; MARDIA et al., 1997). Está técnica pode ser descrita sucintamente, onde dado um conjunto de n indivíduos

para os quais existem informações sobre a forma p variáveis, o método de análise de agrupamento procede ao agrupamento dos indivíduos em função das informações existentes, de tal modo que os indivíduos pertencentes a um mesmo grupo sejam tão semelhantes entre si quanto diferentes dos componentes de outros grupos. Essa técnica é também chamada de técnica de partição, classificação ou taxonomia, embora o termo partição seja mais utilizado para uma das técnicas específicas da análise, onde os indivíduos são divididos por um número preestabelecido de grupos (REIS, 1997).

A premissa mais importante da análise de agrupamento é a de que a medida de similaridade ou dissimilaridade na qual o processo de agrupamento se baseia é uma medida válida entre os indivíduos. A segunda premissa mais importante é a de que existe uma justificativa teórica para estruturar os indivíduos em grupos. Como em outras técnicas multivariadas, também há teoria e lógica guiando e dando base à análise de agrupamento (AAKER et al., 2001).

Na análise de agrupamento, é fundamental ter particular cuidado na seleção das variáveis de partida que vão caracterizar cada indivíduo, e determinar, em última instância, qual o grupo em que deve ser inscrito. Nesta análise não existe qualquer tipo de dependência entre as variáveis, isto é, os grupos se configuram por si mesmo sem necessidade de ser definida uma relação causal entre as variáveis utilizadas. Essa análise não faz uso de modelos aleatórios, mas é útil por fornecer um sumário bem justificado de um conjunto de dados. As técnicas são exploratórias e a idéia é, sobretudo gerar hipóteses, mais do que testá-las, sendo necessária a validação posterior dos resultados encontrados por meio da aplicação de outros métodos estatísticos (REIS, 1997).

A maioria dos métodos de análise de agrupamento requer uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os elementos a serem agrupados, normalmente expressos como uma função distância ou métrica (DONI, 2004). Os métodos mais comuns de agrupamento são: ligação simples, ligação completa, dos centróides, da mediana, das médias das distâncias e da soma de erros quadráticos ou variância (método Ward) (ANDERBERG, 1973).

O método das médias das distâncias (da Média de agrupamento) consiste em definir a distância entre dois grupos como sendo a média das distâncias entre todos os pares de elementos, sendo um em cada grupo. Este procedimento pode ser

utilizado tanto para medidas de similaridade como de distância, contanto que o conceito de uma medida média seja aceitável (EVERITT, 1974).

Conforme Reis (1997), o método de Ward se baseia na perda de informação resultante do agrupamento das espécies e é medido por meio da soma dos quadrados dos desvios das observações individuais relativamente às médias dos grupos em que são classificadas.

O dendrograma é definido como uma representação matemática e ilustrativa de todo o procedimento de agrupamento por meio de uma estrutura de árvore (EVERITT et al., 2001).

Para Barroso & Artes (2003), o número de grupos pode ser definido *a priori*, por meio de algum conhecimento que se tenha sobre os dados, pela conveniência do pesquisador, por simplicidade, ou ainda pode ser definido *a posteriori* com base nos resultados da análise.

A correlação cofenética é uma medida de validação utilizada, principalmente, nos métodos de agrupamento hierárquicos. A idéia básica é realizar uma comparação entre as distâncias efetivamente observadas entre os objetos e distâncias previstas a partir do processo de agrupamento (BARROSO & ARTES, 2003), tal correlação mede o grau de ajuste entre a matriz de dissimilaridade original (matriz D) e a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento (matriz C). No caso, C é aquela obtida após a construção do dendrograma (BUSSAB et al., 1990).

A análise de variáveis canônicas é um procedimento estatístico multivariado que permite o exame da estrutura de relações existente entre dois grupos ou conjuntos de variáveis (X e Y) (ABREU & VETTER, 1978). As correlações canônicas referem-se às correlações entre variáveis canônicas, ou seja, entre combinações lineares de variáveis, de tal modo que a correlação entre essas combinações seja máxima. Assim, não existirá nenhuma outra combinação linear de variáveis cuja correlação seja maior que essa.

A análise caracteriza-se por avaliar relações entre dois complexos influenciados, no mínimo, por dois caracteres. De maneira genérica, considera-se que o primeiro complexo é estabelecido por p caracteres e o segundo, por q . O número de correlações canônicas é igual ao menor número de caracteres que constitui um dos complexos (p ou q) e sua magnitude sempre decresce com a ordem

em que são estimadas. Entretanto, o primeiro coeficiente é sempre maior ou igual, em valor absoluto, a qualquer coeficiente de correlação simples ou múltipla, entre os caracteres do primeiro e do segundo grupo (CRUZ & REGAZZI, 1994).

Os índices de seleção permitem gerar um agregado genotípico sobre o qual se exerce a seleção, funcionando como caráter adicional, resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, nas quais se deseja exercer a seleção simultânea, permitindo separar genótipos superiores, independentemente da existência ou não de correlações entre características (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; WILLIAMS, 1962; CASTOLDI, 1997; CRUZ e REGAZZI, 2001; VILARINHO et al., 2003)

Para obter ganhos genéticos em diversas características, de forma eficiente, há algumas metodologias de seleção simultânea (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; WILLIAMS, 1962; PESEK & BAKER, 1969; MULAMBA & MOCK, 1978). Estes índices associam as informações referentes às diversas características de interesse agrônomo, fazendo uso de pesos econômicos, previamente estabelecidos, bem como de variâncias genotípicas e fenotípicas de cada característica, e as respectivas covariâncias entre cada par de características, permitindo, num mesmo evento de seleção, ganhos para diversas características.

Mulamba & Mock (1978) desenvolveram um índice no qual se efetua a soma do número de ordem que o genótipo apresenta para cada caráter mensurado; quanto menor o valor obtido, melhor a classificação. Em todos esses casos, não são necessárias estimativas de parâmetros genéticos, como para os índices lineares.

7. EMPREGO DE BLOCOS AUMENTADOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

O delineamento, denominado de blocos aumentados, foi proposto por Federer (1956), com a finalidade de possibilitar a avaliação de genótipos sem a necessidade da utilização de repetições desses materiais. Dois tipos de tratamentos são considerados: os *tratamentos comuns*, constituídos por testemunhas ou tratamentos controle, incluídos uma vez em cada bloco do experimento, e os tratamentos a

serem avaliados, denominados de *tratamentos regulares* (famílias, progênies, etc.), incluídos uma vez em um dos blocos (RAMALHO et al., 2000).

A possibilidade do uso de apenas uma repetição para os genótipos a serem testados, permite ao melhorista proceder à avaliação de materiais com limitação na quantidade de sementes ou material propagativo; fato que frequentemente ocorre durante os programas de melhoramento de plantas, como é o caso da bananeira. Outra vantagem do delineamento é possibilitar a avaliação de um grande número de tratamentos, mesmo em condições limitantes de área experimental.

O delineamento em blocos aumentados permite dois tipos bem distintos de análise; a análise intrablocos e a análise com recuperação da informação interblocos (COCHRAN & COX, 1957; JOHN, 1971; PIMENTEL GOMES, 1990).

Na análise intrablocos, consideram-se apenas as comparações de observações dentro de cada bloco na estimação imparcial das diferenças entre tratamentos. Tais estimativas estão sujeitas, portanto, a um erro que depende unicamente das diferenças de fertilidade do solo dentro dos blocos com o erro intrablocos, denotado por σ^2 . Assim, quando o material experimental for muito heterogêneo, uma maneira de melhorar a eficiência das comparações pode ser obtida diminuindo-se o tamanho dos blocos (RAO, 1947).

No delineamento de blocos completos os contrastes interblocos revelam somente efeitos de blocos e ou do acaso (ABREU, 1985). Contudo, nos blocos incompletos, um novo sistema de equações pode ser construído utilizando-se somente os totais de blocos. Assim, sob determinadas circunstâncias, um segundo conjunto de estimativas relacionadas aos efeitos de tratamentos, chamadas estimativas interblocos pode ser obtido (ZELEN, 1957; JOHN, 1971).

O procedimento de Yates (1939), generalizado por Rao (1947), estima os componentes de variância por meio do método da análise de variância, não sendo muito útil para o estudo adequado de conjuntos desbalanceados de dados. Contudo, a estimação por máxima verossimilhança (ML – *Maximum Likelihood*), atualmente preferida nestes casos, só foi formalizada mais tarde (HARTLEY & RAO, 1967). Poucos anos depois, Patterson & Thompson (1971) propuseram um método para combinar as análises intra e interblocos, por meio do que chamaram *máxima verossimilhança modificada* (mais tarde REML – *Restricted Maximum Likelihood*), incluindo situações em que os blocos não são necessariamente de mesmo tamanho.

Em experimentos de melhoramento genético, a escolha de blocos, muitas vezes, representa mais uma medida de precaução do que uma estratificação criteriosa das unidades experimentais. Dessa forma, em muitos ensaios, existe uma grande chance de os blocos terem sido mal escolhidos e, por conseguinte, não serem efetivos no controle da variação local. Neste sentido, espera-se que numa boa parte desses ensaios, a recuperação da informação interblocos venha trazer benefícios efetivos à análise estatística dos dados (DUARTE, 2000).

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

AAKER, D. A.; KUMAR, V.; DAY, G. S. **Pesquisa de marketing**, São Paulo: Atlas, 745p. 2001.

ABREU, A. R. **Distribuição do estimador de Yates na recuperação da informação interblocos**. Piracicaba. 69 p. Tese (Doutorado) – ESALQ/USP. 1985.

ABREU, M. A.; VETTER, D. **A análise de relações entre conjuntos de variáveis na matriz geográfica: correlação canônica**. In: FAISSOL, S. Tendências atuais na geografia urbano/regional: teorização e quantificação. Rio de Janeiro: IBGE. p.133-144. 1978.

ALMEIDA, G. V. B. de.; CÂMARA, F. M. da. MERCADO NACIONAL DE BANANA. **Anais** do I Simpósio sobre a cultura da bananeira nos subtrópicos do Cone Sul, Joinville, Santa Catarina – B r a s i l. p.192-203. 2010.

ALVES, E. J. **A bananicultura Brasileira e o programa de pesquisa coordenada pela EMBRAPA em prol do seu melhoramento**. Cruz das Almas, EMBRAPA-CNPMF, 50p. 1986.

AMORIM, E. P.; REIS, R. V. dos.; SANTOS-SEREJO, J. A. dos.; AMORIM, V. B. de O.; SILVA, S. de O. e. Variabilidade genética estimada entre diplóides de banana por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.8, p.1045-1052, agosto. 2008.

AMORIM, E. P.; LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; AMORIM, V. B. de O.; REIS, R. V. dos.; SANTOS-SEREJO, J. A. dos.; SILVA, S. O. Caracterização agrônômica e

molecular de genótipos diploides melhorados de bananeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, p. 154-161, 2009a.

AMORIM, E. P.; COHEN, K. O.; AMORIM, V. B. O.; SANTOS-SEREJO, J. A.; SILVA, S. O.; VILARINHOS, A. D.; MONTE, D. C.; PAES, N. S.; REIS, R. V. The genetic diversity of carotenoid-rich bananas measured by Diversity Arrays Technology (DArT). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, 2009b.

ANDERBERG, M. R. **Cluster analysis for applications**. New York: Acafenic press. 359p. 1973.

ANDERSON, T. W. **An introduction to multivariate statistical analysis**, New York: John Wiley & Sons. 675 p. 1984.

BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise de Multivariada**. Lavras: UFLA, 157p. 2003.

BUSSAB, Wilton O.; MORETTIN, Pedro Alberto. *Estatística Básica*. 5 ed. São Paulo: Saraiva, 2003.

CARVALHO, P. C. L. **Estabelecimentos de descritores botânico-agronômico para caracterização de germoplasma de banana (Musa spp.)**. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias)-Universidade Federal da Bahia /Escola de Agronomia, Cruz das Almas-BA, 174p.1995.

CASTOLDI, F.L. **Comparação de métodos multivariados aplicados na seleção em milho**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 118f. 1997.

CHAMPION, J. **Les bananiers et leur culture**; Tome I: Botanique et genetique. Paris: IFAC, 214p. 1967.

CHEESMAN, E. E. Classification of the bananas. 2. The genus Musa L. **Kew Bulletin** 2, 106–117. 1947.

COCHRAN, W. G.; COX, G.M. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 611 p. 1957.

CORDEIRO, Z. J. M. **Doenças**. In: ALVES, E. J. (Org.). A cultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais. 2. ed. rev. Brasília: Embrapa-SPI/Embrapa-CNPMF, p. 353-407. 1999.

CRESTE, S.; NETO, A.T.; VENCOVSKY, R.; SILVA, S.O.; FIGUEIRA, A. Genetic diversity of Musa diploid and triploid accessions from the Brazilian banana breeding program estimated by microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v.51, n.7, p.723-733, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV. Imprensa Universitária. 390 p. 1994.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV. 390p. 2001.

D'HONT, A., PAGET-GOY, A., ESCOUTE, J., and CARREEL, F. The interspecific genome structure of cultivated banana, Musa spp. Revealed by genomic DNA in situ hybridization. **Theoretical and Applied Genetics**. p.177–183. 2000.

DAMODARAN, T.; KUMAR, N.; KAVINO, M. Breeding and evaluation of Musa hybrids resistant to Fusarium oxysporum f. sp. cubense race 1. **Fruits**, Les Ulis, v. 64, n. 1, p. 3-12, 2009.

DANTAS, J. L. L.; SHEPHERD, K.; SOARES FILHO, W. dos. S.; CORDEIRO, Z. J. M.; SILVA, S. de O. e.; SOUZA, A. da. S. **Citogenética e melhoramento genético da bananeira (Musa spp)**. EMBRAPA-CNPMF. 61p. (Documentos, (EMBRAPA-CNPMF, Nº 48), 1993.

DANTAS, J. L. L.; SHEPHERD, K.; SILVA, S. O. S.; SOARES FILHO, W. S. **Classificação Botânica, Origem, Evolução e Distribuição Geográfica**. In: ALVES, E. J. (Org.). A Cultura da Banana: Aspectos Técnicos, Socioeconômicos e Agroindustriais. Brasília: Embrapa-SPI/ Cruz das Almas: Embrapa-CNPMF. p. 27-34. 1997.

DANTAS, J. L. L.; SHEPHERD, K.; SILVA, S. O.; SOUZA, A. S.; ALVES, E.J.; CORDEIRO, Z. J. M.; SOARES FILHO, S. S. **Citogenética e melhoramento genético**. In: ALVES, E. (Org.). A Cultura da Banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais. Cruz das Almas: Embrapa CNPMF, 2 ed., p. 107 – 150, 1999a.

DANTAS, A.C.V.L.; DANTAS, J.L.L.; ALVES, E.J. **Estrutura da Planta**. In: ALVES, E.J. A cultura da Banana. Brasília: Embrapa-SPI / Cruz das Almas: Embrapa-CNPMF, p. 47-60. 1999b.

DONATO, S. L. R.; SILVA, S. O.; PASSOS, A. R.; LIMA NETO, F. P.; LIMA, M. B. Avaliação de variedades e híbridos de bananeira sob irrigação. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, n. 2, p. 348-351, 2003.

DONATO, S. L. R.; SILVA, S. O.; LUCCA FILHO, O. A.; LIMA, M. B.; DOMINGUES, H.; ALVES, J. S. Correlação entre caracteres da planta e do cacho em bananeira (*Musa* spp). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 30, n. 1, p. 21-30, jan./fev. 2006.

DONI, M. V. **Análise de Cluster: métodos hierárquicos e de partição**, São Paulo: Mackenzie. Monografia (Pós-graduação) – Universidade Presbiteriana Mackenzie. 93f. 2004.

DUARTE, J. B.; **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba - São Paulo. 293p. 2000.

EVERITT, B. **Cluster analysis**, London: Heinemann Educational Books, 136p. 1974.

EVERITT, B. S, LANDAU, S., LEESE, M. **Cluster analysis**. 4^o ed. London: Arnold. 207p. 2001.

FAO. Faostat Database Query. Disponível em: <http://www.fao.org/>. Acesso em: 20 de janeiro de 2011.

FEDERER, W. T. **Augmented (or hoonuiaku) designs**. Hawaiian Planter's Records, v. 55, p. 191- 208, 1956.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASEÑOR, J.; TABA, S.; EBERHART, S. A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, v.38, p.1688-1696, 1998.

GOMES, E. W. F.; WILLADINO, L.; MARTINS, L. S. S.; SILVA, S. O.; CAMARA, T. R. MEUNIER, I. M. J. Diploides (AA) de bananeira submetidos ao estresse salino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.6, p.525-531, jun. 2004.

GUIMARÃES, C. T.; PADILHA, L.; SOUZA, I. R. P.; PAIVA, E. **“Fingerprinting” Molecular de linhagens de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. 4p. (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado técnico, 92). 2004.

GUIMARÃES, N. C. C.; TORGA, P. P.; RESENDE, E. C. de; JÚNIOR, A. C.; PAIVA, E.; PAIVA, L. V. Identificação de variantes somaclonais em bananeiras 'prata anã', utilizando técnicas moleculares e citogenéticas. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 2, p. 448-454, marb/abr., 2009.

HARTLEY, H. O.; RAO, C. R. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, v. 54, p. 93 – 108, 1967.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v.28, p.476-490, 1943.

JESUS, O. N. de. **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. 2010.

JESUS, O. N. de.; CÂMARA, T. R.; FERREIRA, C. F.; SILVA, S. de O. e; PESTANA, K. N.; SOARES, T. L. Diferenciação molecular de cultivares elites de bananeira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, p.1739-1748, 2006.

JOHN, P. W. M. **Statistical design and analysis of experiments**. New York: Macmillan, 356 p. 1971.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. da S.; SILVA, S, de. O. e.; AMORIM, E. P.; OLIVEIRA, T. K. de. Características Agronômica de Híbridos Diploides de Bananeira em Três Ciclos de Produção em Cruz das Almas, Bahia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 32, n. 1, p. 213-221, Março. 2010.

LICHTENBERG, L. A.; MIRANDA, M.; MALBURG, J. L.; SACKNIES, R. G.; PEIXOTO, A. N. **Situação da bananicultura na região Sul do Brasil**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE BANANICULTURA, 4., Campo Grande. Anais... Jaboticabal: Funep, p. 66-96. 1998.

MARDIA, A. K. V.; KENT. J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 518p. 1997.

MASCARENHAS, G. Análise do mercado brasileiro de banana. **Preços Agrícolas**, n.134, p. 4-12, dez. 1997.

MASCARENHAS, G. C. C. Banana: Comercialização e mercados. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 20, n. 196, p. 97-108, jan/fev. 1999.

MATTOS, L. A.; AMORIM, E. P.; AMORIM, V. B. de. O.; COHEN, K. de. O.; LEDO, C. A. S.; SILVA, de. O. e S. Agronomical and molecular characterization of banana germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.45, n.2, p.146-154, fevereiro. 2010a.

MATTOS, L. A.; AMORIM, E. P.; COHEN, K. O. ; AMORIM, T. B.; SILVA, S. O. . Agronomical, physical and chemical characterization of banana fruits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** (Impresso), v. 10, p. 225-231, 2010b.

MOREIRA, R. S. **Banana: teoria e prática de cultivo**. Campinas, Fundação Cargill, 335p, 1987.

MOREIRA, R. S. **Banana - teoria e prática de cultivo**. São Paulo: Fundação Cargill, 2a edição. 1999.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetic and Cytology**, Giza, 7:40-51, 1978.

OSELEBE, H.O.; TENKOUANO, A.; PILLAY, M. Ploidy variation of Musa hybrids from crosses. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 5, n. 11, p. 1048-1053, 2006.

PANIS, B.; COTE, F.; ESCALANT, J.V.; SAGI. **Aspects of Genetic Engineering in Banana**. In: FRISON, E.A.; HORRY, J.P.; WAELE, D. DE. *New Frontiers in Resistance Breeding for Nematode, Fusarium and Sigatoka*, Montpellier, IPGRI/CIRAD/MARDI/INIBAP, p.182-183. 1995.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545 – 554, 1971.

PEIXOTO, C. P. **Análise de crescimento de três cultivares de soja em três épocas de semeadura de três densidades de plantas**. Tese (Doutorado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 151p. 1998.

PEREIRA, A. R.; MACHADO, E. C. **Análise quantitativa do crescimento de comunidade vegetal**. Campinas: Instituto Agrônômico, 33p. 1987.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, Ottawa, v.1, p.215-274, 1969.

PESTANA, R. K. N.; AMORIM, E, P.; FERREIRA, C. F.; AMORIM, V, B. O.; OLIVEIRA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SILVA, S. O. Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa sp.*) mutants using a multivariate statistical algorithm. **Euphytica** (Wageningen), p.151-158. 2011.

PILLAY, M.; OGUNDIWIN, E.; NWAKANMA, D. C.; TENKOUANO, G. U. A. Analysis of genetic diversity and relationships in East African banana germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v.102, n.6-7, p.965-670, 2001.

PILLAY, M.; OGUNDIWINY, E.; TENKOUANOD, A.; DOLEZEL J. Ploidy and genome composition of *Musa* germplasm at the International Institute of Tropical Agriculture (IITA). **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 5, n. 13, p. 1224-1232, 2006.

PIMENTEL GOMES, M. C. G. **Indução de aberrações cromossômicas estruturais em milho (*Zea mays L.*) por radiação gama**. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV, Viçosa, MG. 131f. 1990.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras-UFLA. 326 p. 2000.

RAO, C. R. **General methods of analysis for incomplete block designs**. J. Amer. Stat. Assoc., v. 58, p. 541 – 561, 1947.

REIS, E. **Estatística multivariada aplicada**. Lisboa: Edições Silabo. 342p. 1997.

REIS, G. G.; MULLER, M. W. **Análise de crescimento de plantas**. Mensuração do crescimento. Belém: FCAP. 39 p. 1979.

SANTOS-SEREJO, J. A.; SOUZA. A. S.; MORAIS LINO, L. S.; SOARES, T. L.; SOUZA, F. V. D.; KOBAYASHI, A. K.; FERREIRA, C. F.; SILVA, S. O. **Biotecnologia: algo mais que plantas transgênicas**. In: XVII Reunião

Internacional ACORBAT, 2006, Joinville. Anais da XVII Reunião Internacional ACORBAT - Bananicultura: um negócio sustentável, v.01. p.10-23. 2006.

SHERPHERD, K. **Banana: taxonomia e morfologia**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE BANANICULTURA, 1, 1984, Jaboticabal, SP, Anais... Jaboticabal, SP: FCAVJ/UNESP, p.50-74. 1984.

SHEPHERD, K. **History and methods of banana breeding**. In: Report of the First External Program and Management Review of the International Network for the Improvement of Banana and Plantain, Washington, CGAR SECRETARIAT, The World Bank, p. 108 -110, 1992.

SHEPHERD, K.; DANTAS, J.L.L.; ALVES, E. J. Melhoramento genético da bananeira. **Informe Agropecuário**, v.12 p.11-19, 1986.

SILVA, S. de O. e; SHEPHERD, K, DANTAS, J. L. L.; SOUZA, A. da 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.

SILVA, S. O.; MATOS, A. P.; ALVES, E. J. Melhoramento genético da bananeira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.5, p.693-703, 1998.

SILVA, S. de O. e; ALVES, E. J.; SHEPHERD, K.; DANTAS, J. L. L. **Cultivares**. In: ALVES, E. J. (Org.). A cultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais. 2. ed. rev. Brasília: Embrapa-SPI/Embrapa-CNPMPF, p.85-105. 1999a.

SILVA, S. de O. e; 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.)**. Cruz das Almas: Embrapa-CNPMPF, (Documentos, 90). 152 p. 1999b.

SILVA, S. O.; CARVALHO, P. C. L.; CARVALHO, J. A. B. S.; SHEPHERD, K. **Catálogo de germoplasma de bananeira (Musa spp.)**. Cruz das Almas: Embrapa – CNPMPF. v.1. 140 p. 1999c.

SILVA, S. O.; ALVES, E. J.; LIMA, M. B.; SILVEIRA, J. R. S. **Bananeira**. In: BRUCKNER, C. H. (Org.). Melhoramento de Fruteiras Tropicais. Viçosa-MG, v. 1, p. 101-157. 2002.

SILVA, S. de O., & ALVES, E. J. Melhoramento genético e novas cultivares de bananeira. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 20, n. 196, p. 91-96, jan./fev., 1999.

SILVA, S. O.; MORAIS, L. S.; SANTOS-SEREJO, J. A. **Melhoramento Genético de Bananeira para Resistência às Doenças**. In: ROMANO R.; RAMOS, R. R. S (eds). Recursos Genéticos Vegetais no Estado da Bahia. UEFS. Feira de Santana, p.49-67. 2005.

SIMMONDS, N. W. **Los platanos**. Barcelona: Blume, 539p. 1973.

SIMMONDS, N. W. **Classification of the bananas**. Kew Bull. p.198-212. 1960.

SIMMONDS, N. W.; SHEPHERD, K. The taxonomy and origin of the cultivated bananas. **The Botany Journal of Linnean Society of London**, Londres, v. 55, n. 359, p. 302-312, 1955.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. Numeric taxonomy: the principles and practice of numerical classification. **San Francisco: W. H. Freeman**, 573p. 1973.

SOTO BALLESTERO, M. **Banana: Cultivo e comercialización**. San José. Litografía y Imprensa, p.170-204. 1992.

SOUZA, A. S.; DANTAS, J. L. L.; SOUZA, F. V. D.; CORDEIRO, Z. J. M.; SILVA NETO, S. P. **Propagação**. In ALVES, E. J. A cultura da Banana. Brasília: Embrapa-SPI / Cruz das Almas: Embrapa-CNPMP, p. 151-195. 1999.

STOVER, R. H.; SIMMONDS, N. W. **Bananos**. New York: John Wiley & Sons, 468p.1987.

TENKOUANO, A.; ORTIZ, R.; VUYLSTEKE, D. Combining ability for yield and plant phenology in plantain-derived populations. **Euphytica**, Wageningen, v.104, n.3, p. 151-158, 1998.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; SANTOS, J. F.; CÂMARA, T. M. M. Eficiência da seleção de progênies S1 e S2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.62, p.9-17, 2003.

WAN, Y.; WATANABE, J. A.; YI, S. S.; HTAIK, T.; WIN, K.; YAMANAKA, S.; NAKAMURA, I.; WATANABE, K. N. Assessment of genetic diversity among de major Myanmar banana landraces. **Breeding Science**, v.55, n.3, p.365-369, 2005.

WANG, X. L.; CHIANG, T. Y.; ROUX, N.; HAO, G.; G. E, X. J. Genetic diversity of wild banana (*Musa balbisiana* Colla) in china as revealed by AFLP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v.54, n.3, p.1125-1132, 2007.

YATES, F. **The recovery of inter-block information in variety trials arranged in the three dimensional lattices.** *Annals of Eugenics*, v. 9, p. 136 – 156, 1939.

ZELEN, M. **The analysis of incomplete block designs.** *J. Amer. Statist. As soc.*, v. 52, p.204 – 217, 1957.

CAPÍTULO 1

ANÁLISE MULTIVARIADA E ÍNDICE DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE DIPLOIDES SUPERIORES DE BANANEIRA¹

¹ Artigo a ser submetido ao corpo editorial do periódico científico Pesquisa Agropecuária Brasileira.

ANÁLISE MULTIVARIADA E ÍNDICE DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE DIPLOIDES SUPERIORES DE BANANEIRA

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar características agronômicas em 31 híbridos diploides de bananeira, assim como estimar a diversidade genética por meio de análises multivariadas. O experimento foi instalado utilizando-se o delineamento em blocos aumentados, com 28 tratamentos regulares e três tratamentos comuns. Foram mensuradas 18 características agronômicas. Para a classificação dos genótipos foi utilizado o índice de soma de classificação proposto por Mulamba & Mock. A dissimilaridade genética entre os diploides foi obtida por meio da distância Euclidiana média e o agrupamento realizado por meio do método de Tocher. Houve diferenças significativas para a grande maioria dos caracteres, podendo-se inferir que há comportamento agronômico diferenciado entre os genótipos. Foi possível identificar os seis melhores diploides melhorados a partir do índice de Mulamba e Mock: 013018-01; 086094-20; 042049-04; 017041-01; 042049-02; e 042049-06. Os dois melhores diploides apresentaram médias para altura de planta abaixo de 200 cm, mais de 90 frutos por cacho, e ciclo da emissão à colheita inferior a 200 dias; critérios utilizados na seleção de diploides pela Embrapa. O método de Tocher permitiu a formação de três agrupamentos, com o grupo I formado por 29 híbridos; e os grupos II e III, formados apenas por um genótipo cada. Apesar dos poucos grupos formados, as distâncias intergrupos foram de 1,86 (GI x GII); 2,04 (GI x GIII) e 2,48 (GII x GIII), podendo-se inferir sobre a presença de variação genética. O grupo II foi formado pelo diploide 042049-04, que apresentou a maior média para altura de planta entre todos os genótipos (318 cm). De forma semelhante, o grupo III foi formado pelo diploide 013019-01, que apresentou o maior número de frutos por cacho (202 frutos) e possui como parental masculino o diploide selvagem Tjau Lagada; presente somente na genealogia deste híbrido. Por meio desses resultados, é possível planejar novos cruzamentos entre os diploides melhorados de forma a combinar em um mesmo híbrido, características agronômicas úteis para o melhoramento genético da bananeira.

Palavras chave: Mulamba & Mock; híbridos; melhoramento.

MULTIVARIATE ANALYSIS AND SELECTION INDICE IN THE IDENTIFICATION OF SUPERIOR BANANA DIPLOIDS

Abstract: The objective of the present work was to evaluate the agronomic characteristics in 31 banana diploid hybrids as well as to estimate the genetic diversity by multivariate analysis. The experiment was carried out in augmented block design with 28 regular treatments and three common treatments. The genetic dissimilarity between the diploids was calculated using the average Euclidian distance and the cluster formation by the Tocher method. Significant differences were observed for most characteristics showing differentiated agronomic behavior between the genotypes. It was possible to identify six best improved diploids by the Mulamba and Mock indice: 013018-01; 086094-20; 042049-04; 017041-01; 042049-02; and 042049-06. The best two diploids presented low plant height, 200 cm, more than 90 fruits per bunch and cycle from emission to harvest earlier than 200 days, according to the selection criteria used by Embrapa. The Tocher method formed three clusters with group I formed by 9 hybrids; whereas groups II and III were represented by one genotype each. Despite the low number of groups formed, the intergroup distances were: 1,86 (GI x GII); 2,04 (GI x GIII) and 2,48 (GII x GIII) whereas the presence of genetic variability is shown. Group II was formed only by the 042049-04 diploid, which presented the highest average for plant height between all genotypes (318 cm). Similarly, group III was formed by the 013019-01 diploid which presented the highest number of fruits per bunch (20 fruits) having as its male parent, the wild diploid Tjau Lagada, present only in the genealogy of this hybrid. These results show that it is possible to plan new crosses between the improved diploids in order to combine, in a single hybrid, useful agronomic characteristics for the genetic breeding of bananas.

Key-words: Mulamba & Mock; hybrids; breeding.

INTRODUÇÃO

A banana é a segunda fruta mais consumida no Brasil, perdendo apenas para a laranja. Em relação ao seu papel social, a cultura é explorada por pequenos empresários rurais, permitindo a fixação de mão-de-obra no campo, uma vez que se constitui em uma fonte de renda contínua para estes agricultores (MASCARENHAS, 1997).

O Brasil é o quinto produtor mundial de banana, tendo produzido 7,2 milhões de toneladas em 2009, em uma área aproximada de 512 mil hectares (FAO, 2011). A expansão da bananicultura brasileira é limitada pela falta de variedades comerciais que apresentem, concomitantemente, porte baixo, tolerância à seca e ao frio, resistência aos nematóides, boas características pós-colheita, entre elas a resistência ao despencamento do fruto e resistência a pragas (sigatocas amarela e negra, mal-do-Panamá, moko e algumas viroses) (LESSA et al., 2010a).

A melhor estratégia para a solução dos problemas mencionados é a obtenção de variedades melhoradas mediante programas de melhoramento genético, a exemplo do realizado na Embrapa Mandioca e Fruticultura desde 1983, em Cruz das Almas (BA).

Na bananeira, a variabilidade genética importante localiza-se entre as diversas formas selvagens da espécie *Musa acuminata*, em especial entre os diploides, que apresentam grande diversidade morfológica com variações no porte, vigor de perfilhamento, número de pencas por cacho e no tamanho dos frutos (DANTAS et al., 1999).

Embora o banco de germoplasma de banana da Embrapa Mandioca e Fruticultura tenha variabilidade genética suficiente para a grande maioria das características agrônômicas de interesse, distribuída entre os diferentes acessos diploides, essas, no entanto, precisam ser reunidas num mesmo indivíduo. Portanto, o pré-melhoramento de diplóides é uma etapa fundamental para o sucesso do

melhoramento de bananeira. Ao se obter um diploide melhorado a próxima etapa é transferir suas características agrônômicas para uma variedade comercial por meio de hibridações controladas (SILVA et al., 2002).

Normalmente, a produção de banana está baseada em cultivares triploides, porém, os genótipos diploides revestem-se de importância, uma vez que são fontes de alelos de resistência/tolerância a fatores bióticos e abióticos (JENNY et al., 1999).

Os programas de melhoramento de bananeira têm gerado híbridos tetraploides promissores obtidos a partir do cruzamento entre cultivares triploides e diploides melhorados, que apresentam características agrônômicas de interesse, entre elas: porte reduzido, resistência a pragas e qualidade físico-química dos frutos (SILVA et al., 2005).

A caracterização agrônômica de diploides melhorados, assim como a estimativa da variabilidade genética disponível para o melhoramento são informações úteis, tanto na escolha de progenitores para cruzamentos entre genótipos divergentes, visando explorar a heterose e desenvolver novos diploides melhorados, quanto no cruzamento destes com triploides e tetraploides, com o objetivo de obter novos híbridos de bananeira (AMORIM et al., 2008).

Especificamente com diploides melhorados de bananeira, são poucos os relatos encontrados na literatura relativos à avaliação agrônômica em condições de campo (AMORIM et al., 2009; LESSA et al., 2009, 2010a, 2010b).

Objetivou-se com este trabalho avaliar características agrônômicas em 31 híbridos diploides de bananeira, assim como estimar a diversidade genética entre os genótipos por meio de análises multivariadas.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no campo experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas (BA). O município está situado a 12°40'19" de Latitude Sul e 39°06'22" de Longitude Oeste a 220 m acima do nível do mar. O clima é tropical quente e úmido, Aw a Am, segundo a classificação de Köppen, com temperatura média anual de 24,5 °C, umidade relativa de 80% e precipitação média de 1.249,7 mm anuais (AGRITEMPO, 2008).

O solo da área experimental é um Latossolo amarelo distrófico, bem drenado, profundo, de textura média e de médios teores de argila. As adubações foram realizadas a cada seis meses conforme análise de solo (ALVES & OLIVEIRA, 1999).

Foram avaliados 31 diploides melhorados de bananeira desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Tabela 1). O material vegetal constituiu-se em mudas do tipo 'chifre', com aproximadamente quatro meses de idade, retiradas do Banco Ativo de Germoplasma de Bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura. O plantio foi conduzido com irrigação, utilizando-se do sistema de microaspersão, conforme recomendações de Donato et al. (2003) e Coelho et al. (2006).

O experimento foi instalado utilizando-se o delineamento em blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956), com 28 tratamentos regulares (Tabela 1, diploides de 1 a 28), que se repetiram apenas uma vez no bloco, tendo repetições apenas na parcela, e três tratamentos comuns (diploides de 29 a 31), que eram as chamadas testemunhas, as mesmas se repetiam nos cinco blocos. Cada parcela constituiu-se de seis plantas, espaçadas 2,5m x 2,5m, tendo como bordadura externa a cultivar Pacovan.

A avaliação foi realizada no primeiro ciclo de produção, considerando 18 características agronômicas: altura da planta (ALP - cm); diâmetro do pseudocaule (DPC - cm); número de filhos na floração (FIL); número de folhas na floração (NFF); número de dias entre a emissão da inflorescência à colheita (DIC – dias); presença de pólen (POL), com base em uma escala onde (1) corresponde a ausência de pólen, (2) pequena quantidade, (3) média quantidade e (4) abundância de pólen; número de pencas por cacho (PEC); número de frutos (NFR); Sigatoka-amarela na emergência (SAE) e na colheita (SAC), por meio da escala proposta por Stover (1972), modificada por Gauhl et al. (1993); número de folhas na colheita (NFC); peso da segunda penca (PSP - Kg); comprimento e diâmetro do fruto (CFR e DFR - cm); comprimento e diâmetro do pedicelo (CPE e DPE – mm); presença de sementes (SEM), realizada de acordo com a seguinte escala: 1) ausência de sementes, 2) entre uma e 10 sementes, 3) de 11 a 20 sementes, 4) mais de 21 sementes; e comprimento e diâmetro do engaço (CEN e DEN - cm).

Foi adotado o procedimento de análise intrablocos (COCHRAN & COX, 1957; JOHN, 1971; PIMENTEL GOMES, 1990; DUARTE, 2000). A análise estatística

intrablocos foi obtida admitindo-se o modelo como fixo, ao considerar os efeitos representados por constantes; com exceção do erro experimental, caracterizado por:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : é a observação relativa à variável resposta Y , na unidade experimental que recebeu o tratamento i ($i = 1, 2, \dots, 31$), no bloco j ($j = 1, 2, \dots, 5$);

μ : é um efeito constante comum a todas as observações (média geral das observações);

β_j : é o efeito fixo do j -ésimo bloco;

τ_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento;

ε_{ij} : é o erro experimental aleatório na ij -ésima unidade experimental, suposto independente e com distribuição normal de média zero e variância comum σ^2 .

As análises foram realizadas por meio do programa estatístico SAS (SAS Institute, 2010) utilizando-se o procedimento para análise de modelos lineares PROC GLM (*Procedure for General Linear Models*). As médias dos tratamentos foram ajustadas por quadrados mínimos utilizando-se o módulo 'lsmeans' do SAS. As rotinas computacionais foram realizadas de acordo com a proposta de Duarte (2000).

Em seguida, procedeu-se à classificação dos genótipos com base nas médias ajustadas. Para cada genótipo foi calculada a soma dos números relativos à sua classificação de acordo com o índice de soma de classificação proposto por Mulamba e Mock (1978):

$$\left(I_{MM} = \sum_{j=1}^m n_{ij} \right),$$

em que:

I_{MM} é o índice de soma de classificação;

n_{ij} é o número de classificação do genótipo i com relação ao caráter j .

Após a aplicação de todos os passos para cada índice, efetuou-se a classificação dos genótipos, com base nas recomendações de Garcia (1998) e Santos (2005).

As medidas de dissimilaridade entre todos os 31 diploides melhorados, considerando as características agronômicas, foram calculadas por meio da distância Euclidiana média e o agrupamento realizado por meio do método de otimização de Tocher. Utilizou-se, também, o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa destes caracteres para a avaliação de diversidade genética. Todas as análises foram realizadas no aplicativo genético computacional Genes (CRUZ, 1997).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância para as 18 características agronômicas mensuradas em 31 diploides melhorados de bananeira está apresentado na Tabela 2. Os coeficientes de variação oscilaram entre 4,38% (F2P) e 54,49% (DFR). O elevado coeficiente de variação observado para o diâmetro do fruto pode ser explicado pela variabilidade apresentada para o caráter entre os tratamentos regulares, com média de 2,00 cm e valores mínimo e máximo de 0,44 cm e 3,27 cm, respectivamente, e para os tratamentos comuns média de 2,35 cm e mínimo e máximo de 2,14 cm e 2,56, respectivamente. Estes valores estão próximos aos encontrados por Mattos et al. (2010), que caracterizaram 26 acessos de bananeira considerando características agronômicas e físico-químicas e por Amorim et al. (2009) quando avaliaram diploides de bananeira.

Conforme as médias ajustadas, a altura de planta (ALP) para os tratamentos regulares apresentou uma variação de 133,04 cm para o diploide 086094-05 a 320,97 cm para o diploide 042049-04, com média de 194 cm. Em relação aos tratamentos comuns, o diploide que se destacou foi o 042079-06 apresentando a menor altura (195,69 cm); já o diploide 001016-01 apresentou a maior altura (216,10 cm). Comportamento semelhante foi observado para o diâmetro do pseudocaule, onde o diploide 086079-10 apresentou maior valor (Tabela 3). Identificação de diploides com baixa estatura é importante, uma vez que estes genótipos serão utilizados como progenitores masculinos em cruzamento com triploides, visando o desenvolvimento de tetraploides com boas características agronômicas, entre elas, porte baixo (LEITE et al., 2003).

A média para número de filhos na floração (FIL) foi de 4,00, variando de 2,24 para o diploide 058054-03 a 6,29 para o 013019-01. Em relação ao número de folhas na floração (NFF), a média observada foi de 13,00, com variação de 7,45 para o '041054-08' a 18,45 para '086094-15' (Tabela 3). Todos os diploides apresentaram um número de folhas próximo do mínimo considerado para a cultura, que é de oito (SOTO BALLESTERO, 1992).

O caráter dias entre emissão à colheita (DIC) teve média de 135,84 dias, com destaque para os diploides 091079-03, 086094-15 e 091087-01, mais precoces, com 49,76, 93,38 e 95,49 dias, respectivamente (Tabela 3) para os tratamentos regulares. Os tratamentos comuns apresentaram média de 147,76 dias para o mesmo caráter. Matos et al. (2001), verificou que o número de dias da emissão do cacho à colheita variou de 116 dias a 142 dias. Este caráter, segundo Moreira (1999) e Donato (2003), é bastante dependente das condições climáticas da região como temperatura, luminosidade, umidade e precipitação para o bom desenvolvimento da planta.

Em relação aos componentes de produção: número de frutos (NFR), número de pencas (PEC) e comprimento do fruto (CFR), os genótipos com maior destaque foram 013019-01, 091094-04 e 001016-01 para as duas primeiras características, seguido dos diploides 042049-04, 042079-13 e 042049-02 para a terceira variável (Tabela 3). Estas características são importantes, pois estão associadas com o peso final do cacho, que é a unidade comercial (SILVA et al., 2005).

A fonte de variação 'Tratamentos (regulares vs, comuns)' apresenta o contraste entre os tratamentos regulares e comuns, onde se percebe diferenças significativas para altura de planta, dias da emissão a colheita e número de frutos, características prioritárias para a seleção de diploides melhorados; seguidas de presença de sementes e pólen; sendo este último, não significativo.

Na bananeira, a variabilidade genética importante localiza-se entre as diversas formas selvagens da espécie *Musa acuminata*, em especial entre os diploides, que apresentam grande diversidade morfológica com variações no porte, vigor de perfilhamento, número de pencas por cacho e no tamanho dos frutos (DANTAS et al., 1999).

Destaca-se também atenção à significância da fonte de variação 'Regulares d, Comuns', onde somente 'diâmetro do fruto' não apresentou diferenças

estatísticas; fato que justifica o desdobramento dessa fonte de variação em efeitos de regulares e comuns. Percebem-se diferenças significativas para a grande maioria dos caracteres mensurados, podendo-se inferir que há comportamento agrônomico diferenciado entre os genótipos.

Por meio dos valores máximo e mínimo para cada caráter, fica evidente as diferenças entre os tratamentos regulares e comuns, como por exemplo, valores de altura de planta com amplitude de variação 187,93 cm para regulares e de 20,42 cm para comuns; número de frutos (155,49 para regulares e 54,82 para comuns) e dias da emissão a colheita (129,49 para regulares e 26,53 para comuns). Para todas as variáveis mensuradas nota-se o mesmo comportamento, exceto para presença de pólen (Tabela 3).

Para ranquear os diploides, adotou-se o índice não paramétrico proposto por Mulamba & Mock (1978), onde cada genótipo é classificado segundo seu comportamento agrônomico para cada variável e em seguida um escore permite a obtenção de um índice de classificação (Tabela 3).

Uma das vantagens do índice de soma de postos proposto por Mulamba & Mock (I_{MM}) (1978), está no fato de não exigir o estabelecimento pesos econômicos e de estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas.

Os diploides melhorados foram classificados, recebendo um escore (I_{MM}), no qual menores valores estão associados aos melhores genótipos. Diante disso, foi possível identificar os seis melhores diploides melhorados, considerando as 18 características agrônomicas: 013018-01 ($I_{MM} = 213,50$); 086094-20 ($I_{MM} = 220,00$); 042049-04 ($I_{MM} = 228,00$); 017041-01 ($I_{MM} = 230,00$); 042049-02 ($I_{MM} = 235,00$); 042049-06 ($I_{MM} = 242,50$). Somente o diploide 013018-01, utilizado como testemunha, figurou entre os melhores genótipos, fato justificável, pois é a primeira vez que um conjunto amplo de diploides melhorados de bananeira, desenvolvidos em diferentes anos e, conseqüentemente, selecionado em diferentes condições climáticas, é avaliado. Lessa et al. (2010b), trabalhando com diploides melhorados obtiveram resultados semelhantes para o genótipo 013019-01, assumindo a segunda colocação para o I_{MM} .

Entre os seis melhores híbridos diploides, dois deles possuem a mesma origem parental (M53 x M48); e três apresentam o diploide M53 como parental feminino.

Por meio do ranqueamento apresentado na Tabela 3, nota-se que os dois primeiros genótipos classificados, apresentaram médias para altura de planta (ALP) abaixo de 200 cm, assim como mais de 90 frutos por cacho (NFR); critérios utilizados na seleção de diploides pela Embrapa. Aliado a esses caracteres, o período compreendido entre a emissão da inflorescência e a colheita (DIC) também é considerado na seleção, de tal forma que valores ao redor de 200 dias são ideais, coincidindo com os observados para os dois primeiros genótipos ranqueados. A precocidade é uma característica de grande importância para a bananeira, e o desenvolvimento de diploides com reduzido intervalo entre o plantio e a emissão da inflorescência faz-se necessário (SILVA et al., 2002).

Os diploides classificados entre a terceira e sexta posições não apresentaram, concomitantemente, valores adequados para ALP, NFR e DIC. No entanto, apresentaram comportamento desejável para os caracteres de forma individualizada como, por exemplo, mais de 90 frutos por cacho, sendo desta forma, também selecionados. Cabe destacar que as outras características, em especial presença de sementes e pólen, também são consideradas na seleção.

A análise utilizando o critério de Singh (1981) para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da diversidade genética indicou que altura de planta (50,52%), número de frutos (23,71%) e dias da emissão da inflorescência a colheita (21,22%) foram os que mais contribuíram para a diversidade genética entre os 31 híbridos diploides de bananeira. Sendo os demais caracteres de valores irrelevantes para expressar a variação genética nestes 31 genótipos (Tabela 4). Amorim et al. (2009), ao avaliarem onze diploides melhorados de bananeira, por meio de nove características agronômicas, concluíram que 'altura de planta', 'número de frutos', e diâmetro do pseudocaule' foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência total entre os genótipos.

Por meio da Tabela 5, é possível observar os agrupamentos formados a partir do método de otimização de Tocher. O grupo 1 englobou a maioria dos diploides, totalizando 29 híbridos; enquanto que nos grupos 2 e 3, apresentaram um genótipo cada. As distâncias intergrupos variaram de 0,51 a 1,71. Apesar dos poucos grupos formados, as distâncias intergrupos foram de 1,86 (G1 x G2); 2,04 (G1 x G3) e 2,48 (G2 x G3), podendo-se inferir sobre a presença de variação que

podem ser úteis para os programas de melhoramento; fato comprovado por meio da análise de variância apresentada na Tabela 2.

O grupo 2 foi formado por apenas um genótipo, o diploide 042049-04, que apresentou a maior média para altura de planta entre todos os genótipos (320,96 cm) e ficou ranqueado em terceiro lugar pelo índice de Mulamba & Mock. De forma semelhante o grupo 3 foi formado por apenas um genótipo, 013019-01, onde apresentou o maior número de frutos por cacho (206,66 frutos) e possui como parental masculino o diploide selvagem Tjau Lagada, presente somente na genealogia deste híbrido.

Por meio desses resultados, é possível planejar novos cruzamentos entre os diploides melhorados de forma a combinar em um mesmo híbrido características agrônômicas úteis para o melhoramento genético da bananeira, tais como porte reduzido, elevado número de frutos por cacho, ciclo curto, entre outros.

CONCLUSÕES

A utilização do índice de soma de 'ranks' permite identificar genótipos superiores e divergentes assegurando a escolha de parentais com maior potencial produtivo e que possam ser utilizados em cruzamentos futuros;

Os seis melhores diploides são 013018-01, 086094-20, 042049-04, 017041-01, 042049-02 e 042049-06.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRITEMPO. Disponível em: <http://www.agritempo.gov.br/agroclima/sumario>. Acesso em: 03 de jul. 2008.

ALVES, E. J., & OLIVEIRA, M. A. **Práticas culturais**. In: ALVES, E. J. (Org.). A cultura da Banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais. 2ª ed., Brasília: Embrapa-SPI/ Embrapa-CNPMF. p.335-352. 1999.

AMORIM, E. P.; REIS, R. V.; AMORIM, V. B. O.; SANTOS-SEREJO, J. A.; SILVA, S. O. Variabilidade genética estimada entre diplóides de banana por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, p.1045-1052, 2008.

AMORIM, E. P; LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; AMORIM, V. B. de O.; REIS, R. V. dos.; SANTOS-SEREJO, J. A. dos.; SILVA, S. O. Caracterização agrônômica e molecular de genótipos diplóides melhorados de bananeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, p. 154-161, 2009.

COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 611 p. 1957.

COELHO, E. F.; LEDO, C. A. S.; SILVA, S. O. Produtividade da bananeira 'Prata-Anã' e Grande Naine' no terceiro ciclo sob irrigação por microaspersão em tabuleiros costeiros da Bahia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 28, p. 435-438, 2006.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 442p. 1997.

DANTAS, J. L. L.; SHEPHERD, K.; SILVA, S. O.; SOARES FILHO, W. S. **Classificação botânica, origem e distribuição geográfica**. In: ALVES, E. J. (Org) A cultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agrindustriais. 2. ed. Cruz das Almas: Embrapa CNPMF, p. 27 – 34, 1999.

DONATO, S. L. R.; SILVA, S. O.; PASSOS, A. R.; LIMA NETO, F. P.; LIMA, M. B. Avaliação de variedades e híbridos de bananeira sob irrigação. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, n. 2, p. 348-351, 2003.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba - São Paulo. 293p. 2000.

FAO. **Faostat Database Query**. Disponível em: <http://www.fao.org/> Acesso em: 20 de janeiro de 2011.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Records**, v. 55, p. 191 – 208, 1956.

GARCIA, A. A. F. **Índice para seleção de cultivares**. Piracicaba. Tese (Doutorado em Agronomia). Genética e Melhoramento de Plantas. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. 112p. 1998.

GAUHL, F.; PASBERG-GAUHL, C.; VUYLSTEKE, D.; ORTIZ, R. Multiplicational evaluation of black sigatoka resistance in banana and plantain. Abuja: International Institute of Tropical Agriculture. **Research Guide**, v.47. 59p.1993.

JENNY, C.F.; CARREEL, F.; TOMEKPE, K.; PERRIER, X.; DUBOIS, C.; HORRY, J.P.; MONTCEL, H.T. Les bananiers. In: HAMON, P.; SEGUIN, M.; PERRIER, X.; GLAZMAN, J.C. (Ed). **Diversité génétique des plantes tropicales**. Montpellier: Cirad, p.113-139. 1999.

JOHN, P. W. M. **Statistical design and analysis of experiments**. New York: Macmillan, 356 p. 1971.

LEITE, J. B. V.; SILVA, S. O.; ALVES, E. J.; LINS, R. D.; JESUS, O. N. Caracteres da planta e do cacho de genótipos de bananeira, em quatro ciclos de produção, em Belmonte, Bahia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.25, p.443–447, 2003.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. da. S.; SILVA, S. de. O. e.; PEIXOTO, C. P. Comunicação. Avaliação agronômica em híbridos diplóides (AA) de bananeira. Ciência e Agrotécnica., Lavras, v. 33, **Edição Especial**, p. 1716 -1721, 2009.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. da. S.; SILVA, S, de. O. e. S.; AMORIM, E. P.; OLIVEIRA, T. K. de. Características agronômica de híbridos diploides de bananeira em três ciclos de produção em Cruz das Almas, BAHIA. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 32, n. 1, p. 213-221, Março 2010a.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. da. S.; SANTOS, V, da. S.; SILVA, S. de. O. e.; PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 3, p.525-534, 2010b.

MASCARENHAS, G. Análise do mercado brasileiro de banana. **Preços Agrícolas**, n.134, p. 4-12, dez. 1997.

MATOS, A. P.; CORDEIRO, Z. J. M.; GUZMÁN, M.; SILVA, S. O.; SANDOVAL, J. A.; VILLALTA. Reação à sigatoka-negra e características de produção do primeiro ciclo de híbridos diploides (AA) melhorados de bananeira. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, (EMBRAPA CNPMF: **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, v.21). 27p. 2001,

MATTOS, L. A.; AMORIM, E. P.; AMORIM, V. B. de. O.; COHEN, K. de. O.; SILVA, de. O. e S. Agronomical and molecular characterization of banana germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.45, n.2, p.146-154, fevereiro. 2010.

MOREIRA, R. S. **Banana, Teoria e Prática de Cultivo**. 2. ed. CD-ROM. FUNDAÇÃO CARGILL. São Paulo-SP. (CD-ROM). 1999.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetic and Cytology**. Giza, v. 7, p. 40 – 51, 1978.

PIMENTEL GOMES, M. C. **Indução de aberrações cromossômicas estruturais em milho (*Zea mays* L.) por radiação gama**. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV, Viçosa, MG. 131f. 1990.

SANTOS, V. S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. Piracicaba, Tese (Doutorado em Agronomia). Genética e Melhoramento de Plantas. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. 104p. 2005.

SAS INSTITUTE INC. Statistical analysis system: user's guide. Cary: SAS, 2010.

SILVA, S. de O. e; FLORES, J. C. O.; LIMA NETO, F. P. Avaliação de cultivares e híbridos de bananeira em quatro ciclos de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, p.1567-1574, 2002.

SILVA, S. O.; MORAIS, L. S.; SANTOS-SEREJO, J. A. **Melhoramento Genético de Bananeira para Resistência às Doenças**. In: ROMANO R.; RAMOS, R. R. S (eds). Recursos Genéticos Vegetais no Estado da Bahia. UEFS. Feira de Santana, p.49-67. 2005.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. The Indian **Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v.41, n.1, p.237-245, 1981.

SOTO BALLESTERO, M. **Bananos: cultivo y comercialización**. 2. ed. San José: Litografía e Imprenta Lil. 674p. 1992.

STOVER, R. H. **Banana, plantain and abaca disease**. Washington, Commonwealth Mycological Institute, 1972. 318p.

Tabela 1. Códigos dos híbridos diploides utilizados no experimento e seus respectivos anos de obtenção e genealogia. Cruz das Almas, 2011.

Código	Diploides Melhorados	Ano de obtenção	Genealogia
1	091087-01*	2002	001016-01 (Borneo x Guyod) x 003038-01 (Calcutta 4 x Heva)
2	086079-10	2001	003037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x 028003 (Tuugia x Calcutta 4)
3	028003-01	1995	Tuugia x Calcutta 4
4	013019-01	1995	Malaccensis x Tjau Lagada
5	TH-0301	1995	Terrinha x Calcutta 4
6	086094-20	2003	03037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x SH3263
7	073041-01	1999	Khai x 003004-01 (Calcutta 4 x Madang)
8	091079-03	2001	01016-01 (Borneo x Guyod) x 028003 (Tuugia x Calcutta 4)
9	003023-03	1995	Calcutta 4 x S/Nº 2
10	058054-03	1998	003005-01 (Calcutta 4 x Pahang) x 001004-01 (Borneo x Madang)
11	042049-04	1999	M53 x M48
12	091094-04	2002	001016-01 (Borneo x Guyod) x SH3263
13	086079-12	2002	003037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x 028003-01 (Tuugia x Calcutta 4)
14	017041-01	1995	Jari Buaya x 003004-01 (Calcutta 4 x Madang)
15	003037-02	1995	Calcutta 4 x Galeo
16	042079-13	1999	M53 x 028003-01 (Tuugia x Calcutta 4)
17	013004-06	1995	Malaccensis x Madang
18	042085-02	2002	M53 x 015003-01 (Madu x Calcutta 4)
19	042023-06	1995	M53 x Cultivar sem nome N° 2
20	003004-02	1995	Calcutta 4 x Madang
21	086094-15	2003	03037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x SH3263
22	041054-08	1998	003004-01 (Calcutta 4 x Madang) x 001004-01 (Borneo x Madang)
23	042052-03	1997	M53 x Kumburgh
24	086094-05	2000	03037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x SH3263
25	042052-04	1997	M53 x Kumburgh
26	042015-02	1997	M53 x Madu
27	042049-02	1995	M53 x M48
28	089087-01	2002	013018-01 (Malaccensis x Sinwobogi) x 003038-01 (Calcutta 4 x Heva)
29	042079-06	1997	M53 x 028003-01 (Tuugia x Calcutta 4)
30	001016-01	1995	Borneo x Guyod
31	013018-01	1995	Malaccensis x Sinwobogi

*: Os três primeiros números referem-se ao genitor feminino, os três seguintes ao genitor masculino e os dois últimos ao número da seleção.

Tabela 3. Resumo da análise de variância com o teste F, coeficiente de variação e média geral para características agronômicas em diploides melhorados de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Cruz das Almas, 2011.

FV	GL	QM								
		ALP	DPC	FIL	NFF	NFC	DIC	CEN	DEN	NFR
Blocos	4	146,65	1,32	0,43	3,82	0,25	71,86	28,90	0,64	103,41
(Regulares vs, Comuns)	1	2364,60**	1,58**	0,59 ^{ns}	2,34 ^{ns}	0,05 ^{ns}	1380,71*	62,16*	5,45**	750,78*
Tratamentos	29	1618,70**	11,88**	1,18*	6,88*	3,00*	645,30*	94,69**	3,57**	975,48**
Regulares	27	1694,51**	12,46**	0,99*	6,01*	2,63*	625,82*	80,48**	3,81**	768,72**
Comuns	2	595,19*	4,08*	3,72**	18,53**	7,98**	908,26*	286,45**	0,29 ^{ns}	3766,67**
Erro	8	126,41	0,69	0,35	1,33	0,65	135,35	9,79	0,26	69,01
CV (%)		5,80	5,79	14,88	9,21	27,05	8,30	9,27	11,49	8,47
Média Geral		194,00	14,00	4,00	13,00	3,00	140,00	34,00	4,00	98,00
Regulares										
Média		188,08	14,54	4,08	12,39	3,02	135,84	32,78	4,75	94,87
Máximo		320,97	23,76	6,29	18,45	6,49	179,25	51,89	13,12	206,66
Mínimo		133,04	9,56	2,24	7,45	0,36	49,76	12,53	2,99	51,17
Comuns										
Média		203,68	14,14	3,83	12,88	2,94	147,76	35,31	4,00	103,66
Máximo		216,11	15,17	4,82	14,99	3,78	159,66	43,84	4,17	130,27
Mínimo		195,69	13,51	3,20	11,22	1,49	133,13	29,41	3,73	75,45

^{ns} não significativo, ** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente pelo teste de F, altura de planta (ALP - cm), diâmetro do pseudocaule (DPC - cm), número de filhos na floração (FIL), número de folhas na floração e na colheita (NFF e NFC), dias entre a emissão da inflorescência e colheita (DIC - dias), comprimento e diâmetro do engaço (CEN-cm e DEN-cm), frutos por cacho (NFR).

Continuação...

Tabela 3. Resumo da análise de variância com o teste F, coeficiente de variação e média geral para características agrônômicas em diploides melhorados de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Cruz das Almas, 2011.

FV	GL	QM								
		PEC	P2P	F2P	CPE	DPE	CFR	DFR	SEM	POL
Blocos	4	0,10	0,02	0,89	0,01	0,01	2,27	1,15	0,04	0,06
(Regulares vs, Comuns)	1	0,12 ^{ns}	0,00 ^{ns}	14,17**	0,64**	0,03 ^{ns}	3,64 ^{ns}	1,15 ^{ns}	9,71**	0,00 ^{ns}
Tratamentos	29	2,57**	0,17**	4,25**	0,70**	0,07*	9,05**	0,26 ^{ns}	1,87**	0,24*
Regulares	27	1,60**	0,16**	4,14**	0,73**	0,07*	8,47**	0,27 ^{ns}	1,27**	0,18*
Comuns	2	15,68**	0,29**	5,74**	0,40*	0,00 ^{ns}	16,78**	0,21 ^{ns}	9,92**	1,06**
Erro	8	0,13	0,01	0,47	0,04	0,02	1,60	1,35	0,04	0,06
CV (%)		5,78	18,67	4,38	18,15	17,92	12,71	54,49	8,62	6,93
Média Geral		6,00	0,57	16,00	1,22	0,81	10,00	2,00	3,00	4,00
Regulares										
Média		6,39	0,57	15,23	1,32	0,83	9,74	2,00	2,19	3,72
Máximo		10,64	2,04	19,73	5,21	2,02	18,99	3,27	4,19	4,07
Mínimo		4,29	0,12	12,22	0,48	0,41	6,53	0,44	0,85	3,07
Comuns										
Média		6,50	0,58	16,44	1,06	0,78	10,35	2,35	3,19	3,73
Máximo		8,42	0,79	17,67	1,26	0,81	12,23	2,56	4,00	4,00
Mínimo		4,92	0,31	15,74	0,73	0,73	8,57	2,14	1,56	3,20

^{ns} não significativo, ** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente pelo teste de F, pencas por cacho (PEC), peso e frutos da segunda penca (P2P-Kg e F2P- frutos), comprimento e diâmetro do pedicelo (CPE-mm e DPE-mm), comprimento e diâmetro do fruto (CFR-cm e DFR-cm), presença de semente (SEM) e produção de pólen (POL).

Tabela 3. Valores de médias ajustadas para os caracteres altura de plantas (ALP-cm), diâmetro do pseudocaule (DPC-cm), número de filhos na floração (FIL- filhos), número de folhas na floração e na colheita (NFF e NFC), número de pencas e de frutos por cacho (PEC e NFR), comprimento e diâmetro do engaço (CEN-cm e DEN-cm), para o cálculo do Índice de Mulamba & Mock (1978) em híbridos diploides de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Números entre parênteses significam a soma de postos para cada variável. Cruz das almas, 2011.

Regulares	ALP	DPC	FIL	NFF	NFC	PEC	NFR	CEN	DEN
091087-01*	188,95 (18)	10,34 (27)	4,09 (17)	8,64 (28)	4,54 (06)	6,33 (13)	88,71 (19)	35,33 (13)	3,57 (28)
086079-10	159,93 (08)	23,76 (01)	5,12 (07)	9,51 (26)	2,07 (21)	5,30 (28)	78,24 (23)	24,25 (25)	3,62 (26)
028003-01	143,01 (04)	9,56 (31)	2,69 (27)	9,44 (27)	1,54 (23)	5,73 (21)	77,91 (24)	30,73 (17)	3,73 (23)
013019-01	184,48 (16)	18,40 (05)	6,29 (01)	11,59 (21)	0,74 (30)	10,63 (01)	206,66 (01)	29,70 (20)	13,11 (01)
TH-0301	199,95 (23)	13,88 (16)	5,29 (06)	14,84 (05)	3,74 (11)	7,13 (05)	84,91 (21)	21,75 (27)	4,93 (06)
086094-20	180,60 (15)	17,00 (07)	3,74 (18)	11,29 (24)	1,19 (27)	6,33 (14)	94,99 (14)	51,89 (01)	4,91 (07)
073041-01	173,67 (11)	22,86 (02)	4,41 (14)	14,62 (7,5)	1,53 (24)	6,67 (9,5)	104,65 (09)	34,56 (15)	4,73 (09)
091079-03	197,92 (21)	14,19 (15)	4,74 (9,5)	14,62 (7,5)	2,86 (16)	5,50 (25,5)	62,82 (30)	46,86 (03)	4,06 (20)
032023-03	222,37 (27)	17,78 (06)	4,74 (9,5)	15,62 (02)	2,86 (16)	5,00 (29)	77,32 (25)	41,96 (08)	4,31 (13)
058054-03	209,02 (24)	14,28 (14)	2,24 (31)	11,62 (20)	4,36 (18)	6,50 (11,5)	96,32 (12)	41,36 (09)	4,46 (11)
042049-04	320,96 (31)	19,52 (03)	2,61 (28,5)	8,34 (29)	5,86 (02)	7,00 (06)	108,29 (06)	41,26 (10)	4,23 (15)
091094-04	178,46 (13)	11,61 (26)	2,61 (28,5)	13,34 (12)	2,86 (16)	10,00 (02)	142,29 (02)	29,96 (19)	3,58 (27)
086079-12	141,46 (03)	10,27 (28)	4,11 (16)	7,84 (30)	0,86 (29)	6,50 (11,5)	84,29 (22)	39,26 (11)	4,53 (10)
017041-01	223,69 (28)	18,90 (04)	3,28 (22)	11,67 (19)	4,86 (05)	6,67 (9,5)	96,29 (13)	49,73 (02)	5,32 (04)
003037-02	186,33 (17)	11,80 (24)	4,28 (15)	13,17 (13)	0,36 (31)	5,33 (27)	68,12 (28)	42,31 (07)	3,76 (22)
042079-13	192,56 (19)	13,44 (20)	4,61 (11)	14,34 (09)	5,36 (03)	5,50 (25,5)	67,29 (29)	30,56 (18)	8,23 (02)
013004-06	222,08 (26)	13,70 (18)	3,49 (19)	13,45 (11)	3,48 (13)	7,69 (04)	94,77 (15)	27,68 (22)	3,08 (30)
042085-02	154,36 (06)	9,77 (30)	5,89 (02)	11,45 (22,5)	5,08 (04)	4,29 (31)	51,17 (31)	35,30 (14)	4,09 (18)
042023-06	275,63 (30)	15,08 (11)	5,49 (04)	11,45 (22,5)	0,98 (28)	6,69 (7,5)	109,77 (04)	23,08 (26)	3,10 (29)
003004-02	172,08 (10)	11,92 (23)	4,49 (12)	12,45 (16)	4,48 (07)	5,69 (22,5)	76,77 (26)	24,48 (24)	2,98 (31)
086094-15	157,08 (07)	16,02 (08)	5,49 (04)	18,45 (01)	6,48 (01)	6,69 (7,5)	102,77 (11)	35,38 (12)	4,28 (14)
041054-08	144,58 (05)	10,09 (29)	5,49 (04)	7,45 (31)	1,48 (26)	5,69 (22,5)	92,77 (16)	24,98 (23)	3,69 (25)
042052-03	162,49 (09)	14,66 (13)	3,33 (21)	13,97 (10)	2,55 (19,5)	5,91 (20)	108,69 (05)	17,28 (29)	4,85 (08)
086094-05	133,03 (01)	14,73 (12)	4,43 (13)	12,92 (14,5)	2,05 (22)	5,96 (19)	92,09 (17)	45,01 (04)	8,22 (03)
042052-04	139,21 (02)	11,79 (25)	2,83 (24)	11,72 (18)	3,05 (14)	6,16 (17)	86,69 (20)	12,53 (31)	4,04 (21)
042015-02	180,01 (14)	12,95 (21)	2,58 (30)	15,22 (03)	2,55 (19,5)	5,66 (24)	91,94 (18)	16,78 (30)	4,08 (19)
042049-02	246,21 (29)	15,85 (09)	2,83 (25,5)	14,72 (06)	4,05 (09)	6,16 (17)	103,69 (10)	21,23 (28)	5,01 (05)
089087-01	175,93 (12)	12,85 (22)	2,83 (25,5)	12,92 (14,5)	2,65 (18)	6,16 (17)	106,09 (07)	42,59 (06)	4,38 (12)
Comuns	ALP	DPC	FIL	NFF	NFC	PEC	NFR	CEN	DEN
042079-06	195,68 (20)	15,17 (10)	3,20 (23)	11,22 (25)	1,49 (25)	4,92 (30)	75,45 (27)	29,40 (21)	4,16 (16)
001016-01	216,10 (25)	13,72 (17)	3,48 (20)	12,42 (17)	3,78 (10)	8,41 (03)	130,27 (03)	32,68 (16)	3,72 (24)
013018-01	199,23 (22)	13,51 (19)	4,81 (08)	14,99 (04)	3,55 (12)	6,17 (15)	105,26 (08)	43,84 (05)	4,11 (17)

*: Os três primeiros números referem-se ao genitor feminino, os três seguintes ao genitor masculino e os dois últimos ao número da seleção.

Continuação...

Tabela 3. Valores de médias ajustadas para os caracteres peso e frutos da segunda penca (P2P-Kg e F2P-frutos), comprimento e diâmetro do pedicelo (CPE-mm e DPE-mm), comprimento e diâmetro do fruto (CFR-cm e DFR-cm), dias entre a emissão da inflorescência e a colheita (DIC-dias), presença de semente e pólen (SEM- nota e POL-nota), para o cálculo do Índice de Mulamba & Mock (1978) em híbridos diploides de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Números entre () significa a soma de postos dentro de cada variável. Cruz das almas, 2011.

Regulares	P2P	F2P	CPE	DPE	CFR	DFR	DIC	SEM	POL	I _{MM}
091087-01*	0,27 (26)	15,22 (16)	1,08 (14)	0,76 (16,5)	7,53 (23)	1,71 (23)	95,49 (29)	4,02 (04)	3,73 (20)	340.50 (26)
086079-10	0,61 (10)	13,39 (25)	2,45 (30)	0,76 (16,5)	7,37 (24)	2,20 (13)	102,89 (28)	1,02 (26)	3,73 (20)	357.50 (29)
028003-01	1,17 (03)	12,82 (26)	2,02 (28)	0,85 (10)	12,63 (05)	2,59 (05)	135,49 (19)	1,22 (23)	3,73 (20)	336.00 (25)
013019-01	0,30 (23)	17,97 (03)	2,26 (29)	0,75 (18)	6,94 (28)	1,96 (19)	152,14 (09)	1,32 (22)	3,73 (20)	267.00 (12)
TH-0301	0,16 (28,5)	12,22 (31)	1,16 (16)	0,70 (23)	7,74 (21)	1,53 (28)	137,89 (18)	1,02 (26)	3,73 (20)	331.50 (24)
086094-20	0,73 (08)	15,77 (13)	1,60 (27)	1,04 (05)	11,21 (09)	2,83 (02)	163,26 (04)	1,85 (17)	4,06 (08)	220.00 (02)
073041-01	0,34 (20,5)	16,43 (11)	0,89 (11)	0,62 (26,5)	6,70 (29)	2,32 (12)	153,93 (08)	2,55 (11)	3,06 (27,5)	257.50 (8)
091079-03	0,54 (13)	17,60 (05)	0,70 (05)	0,73 (19)	8,85 (17)	2,53 (07)	49,76 (31)	2,85 (10)	4,06 (08)	262.50 (10)
032023-03	0,58 (12)	14,10 (21)	1,06 (13)	0,81 (12)	11,95 (08)	2,62 (04)	135,26 (21)	3,85 (08)	4,06 (08)	242.50 (06)
058054-03	0,27 (27)	15,60 (15)	0,82 (08)	0,40 (31)	6,69 (30)	2,04 (15,5)	110,26 (27)	0,85 (31)	4,06 (08)	343.00 (27)
042049-04	2,04 (01)	17,34 (8,5)	1,20 (18)	1,08 (03)	18,98 (01)	1,96 (18)	150,19 (11)	0,92 (29)	4,06 (08)	228.00 (03)
091094-04	0,34 (20,5)	17,34 (8,5)	1,45 (25)	0,85 (10)	7,06 (25)	0,43 (31)	165,19 (02)	3,92 (07)	4,06 (08)	282.50 (16)
086079-12	1,00 (05)	14,34 (20)	0,47 (01)	1,06 (04)	12,29 (06)	1,59 (25,5)	160,19 (06)	0,92 (29)	4,06 (08)	265.00 (11)
017041-01	1,07 (04)	13,67 (22,5)	0,81 (07)	1,21 (02)	13,04 (04)	1,59 (25,5)	149,52 (12)	1,62 (19)	3,06 (27,5)	230.00 (04)
003037-02	0,40 (17)	13,67 (22,5)	1,21 (19)	0,71 (22)	9,17 (14)	0,60 (30)	142,86 (14)	1,92 (16)	3,06 (27,5)	366.00 (31)
042079-13	0,99 (06)	12,34 (30)	5,20 (31)	0,85 (10)	13,89 (03)	1,56 (27)	133,69 (22)	0,92 (29)	4,06 (08)	302.50 (20)
013004-06	0,34 (19)	13,59 (24)	1,13 (15)	0,51 (29)	10,38 (11)	2,44 (09)	141,38 (16)	4,18 (01)	4,06 (08)	290.00 (17)
042085-02	0,40 (16)	12,79 (27)	0,84 (10)	0,72 (21)	6,95 (27)	1,93 (20)	114,18 (26)	2,18 (13)	3,06 (27,5)	346.00 (28)
042023-06	0,58 (11)	17,59 (6,5)	0,98 (12)	0,88 (08)	11,07 (10)	2,63 (03)	148,88 (13)	3,68 (09)	4,06 (08)	242.50 (06)
003004-02	0,16 (28,5)	12,59 (28,5)	0,53 (2,5)	0,57 (28)	8,05 (20)	2,36 (10)	135,38 (20)	1,18 (24)	3,06 (27,5)	360.50 (30)
086094-15	0,11 (31)	17,59 (6,5)	1,36 (23)	0,65 (25)	7,72 (22)	1,67 (24)	93,38 (30)	2,18 (14,5)	3,06 (27,5)	269.00 (14)
041054-08	0,43 (14)	12,59 (28,5)	0,53 (2,5)	0,70 (24)	9,44 (13)	2,45 (08)	119,38 (25)	2,18 (14,5)	4,06 (08)	319.00 (22)
042052-03	0,13 (30)	19,73 (01)	0,59 (04)	0,50 (30)	6,52 (31)	1,31 (29)	142,00 (15)	1,82 (18)	4,06 (08)	300.50 (19)
086094-05	0,35 (18)	14,73 (18,5)	1,33 (22)	1,03 (06)	8,79 (18)	2,00 (17)	126,65 (24)	2,42 (12)	3,06 (27,5)	268.50 (13)
042052-04	0,29 (24)	14,73 (18,5)	1,23 (20)	2,01 (01)	7,00 (26)	1,88 (21)	179,25 (01)	4,02 (04)	4,06 (08)	295.50 (18)
042015-02	0,28 (25)	14,98 (17)	0,84 (09)	0,62 (26,5)	8,90 (16)	1,79 (22)	163,50 (03)	1,52 (21)	4,06 (08)	326.00 (23)
042049-02	1,44 (02)	18,73 (02)	1,43 (24)	1,02 (07)	16,48 (02)	3,26 (01)	160,25 (05)	1,02 (26)	3,06 (27,5)	235.00 (05)
089087-01	0,41 (15)	16,93 (10)	1,53 (26)	0,77 (15)	9,14 (15)	2,04 (15,5)	141,25 (17)	4,02 (04)	4,06 (08)	259.50 (09)
Comuns	P2P	F2P	CPE	DPE	CFR	DFR	DIC	SEM	POL	I _{MM}
042079-06	0,79 (07)	15,74 (14)	0,73 (06)	0,78 (14)	12,23 (07)	2,34 (11)	159,66 (07)	1,56 (20)	3,20 (23)	306.00 (21)
001016-01	0,31 (22)	15,90 (12)	1,19 (17)	0,72 (20)	8,57 (19)	2,55 (06)	133,12 (23)	4,00 (04)	4,00 (16,5)	274.50 (15)
013018-01	0,63 (09)	17,67 (04)	1,25 (21)	0,81 (13)	10,24 (12)	2,14 (14)	150,50 (10)	4,00 (04)	4,00 (16,5)	213.50 (01)

*: Os três primeiros números referem-se ao genitor feminino, os três seguintes ao genitor masculino e os dois últimos ao número da seleção.

Tabela 4. Importância relativa de 18 características agrônômicas para estudo da diversidade genética entre 31 diploides melhorados de bananeira desenvolvidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, no primeiro ciclo de produção, com base no índice de Singh. Cruz das Almas, 2011.

Características	$S.j$	$S.j_{(%)}$
ALP	1543760,59	50,525
DPC	11706,53	0,383
FIL	1183,31	0,038
NFF	5955,76	0,194
NFC	2423,83	0,079
PEC	1647,29	0,053
NFC	724449,40	23,710
CEN	96839,91	3,169
DEN	3557,28	0,116
P2P	169,60	0,005
F2P	4133,09	0,135
CPE	701,03	0,022
DPE	76,96	0,002
CFR	8514,22	0,278
DFR	330,93	0,010
DIC	648436,40	21,222
SEM	1360,25	0,044
POL	174,98	0,005

$S.j$: contribuição da variável x para o valor da distância Euclidiana Média entre os genótipos i e i' ; ALP: altura de planta; DPC: diâmetro do pseudocaule; FIL: número de filhos na floração, NFF e NFC: número de folhas na floração e na colheita; PEC e NFC: número de pencas e de frutos por cacho; CEN e DEN: comprimento e diâmetro do engaço; P2P e F2P: peso e frutos da segunda peca; CPE e DPE: comprimento e diâmetro do pedicelo; CFR e DFR: comprimento e diâmetro do fruto; DIC: dias entre emissão da inflorescência a colheita; SEM e POL: presença de semente e pólen.

Tabela 5. Grupos formados pelo método de Otimização de Tocher, com base na distância Euclidiana Média, obtidos para os 18 caracteres agronômicos e 31 diploides melhorados de bananeira. Cruz das Almas, 2011.

Grupos	Híbridos Diploides
1	013004-06, 001016-01, 089087-01, 013018-01, 003023-03, 042023-06, 086094-20, 042079-06, 042015-02, 091087-01, 058054-03, TH-0301, 003004-02, 073041-01, 086094-05, 042052-03, 041054-08, 003037-02, 028003-01, 086079-12, 042085-02, 091079-03, 017041-01, 086079-10, 086094-15, 091094-04, 042049-02, 042052-04, 042079-13.
2	042049-04
3	013019-01

CAPÍTULO 2

QUANTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE DIPLOIDES MELHORADOS DE BANANEIRA UTILIZANDO O ALGORÍTMO WARD-MLM¹

¹ Artigo a ser submetido ao conselho editorial do periódico científico Plant Breeding.

QUANTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE DIPLOIDES MELHORADOS DE BANANEIRA UTILIZANDO O ALGORÍTMO WARD-MLM

Resumo: 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 agrônômicas e utilizados 20 iniciadores SSR para a genotipagem dos diploides melhorados. As características agrônômicas e os marcadores SSR foram analisadas 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 pela 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 agrônômicas favoráveis e resistentes às principais pragas.

Palavras-chave: diversidade genética; híbridos; microssatélites.

QUANTIFICATION OF THE GENETIC DIVERSITY BETWEEN IMPROVED BANANA DIPLOIDS USING THE WARD-MLM ALGORITHM

Abstract: The objective of the present work was to estimate the genetic diversity between 31 banana improved diploids using simultaneously quantitative and SSR molecular marker data. The experiment was carried out in augmented block design with 28 regular treatments and three common treatments. Eighteen agronomic characteristics were measured and 20 SSR primers were used for genotyping the improved diploids. The agronomic characteristics and the SSR markers were analyzed simultaneously by the Ward-MLM (Modified Location Model) procedure and the Cluster and IML (*Interactive matrix programming*) procedures were used to make up the groups of improved diploids. The Ward clustering method was used considering the combined matrix obtained by the Gower algorithm. The Ward-MLM procedure determined three ideal groups based on the *pseudo-F* and *pseudo-t²* statistics. Furthermore, the correlation between the agronomic characteristics and the canonic variables was obtained graphically using the CANDISC procedure in the SAS software. The dendrogram showed relative similarity between the genotypes of the G1; justified by the genealogies since the 001016-01 diploid is the female parent of the 091087-01 and 091079-03 hybrids. The same occurred with the 013019-01 and 01318-01 diploids which had the wild *Malaccensis* diploid as their ancestor. In G2, the Calcutta 4 diploid appears in 62% of the genealogies. Another diploid, M53, appears in a frequency greater than 33% in the genealogies. Similar behavior was also observed in G3, since the 028003-01 diploid is the male parent of the 086079-10 and 042079-06 genotypes. Comparing the groups formed by the Ward-MLM method and the one formed by the canonic variables, greater discriminatory power was observed in the second method since six groups were formed against only 3 by the Ward-MLM method. Therefore, it can be inferred that, although reduced, the genetic variability available is sufficient to be used in the improvement of the crop since genetic gains have been obtained throughout the years in the development of banana hybrids.

Key-words: genetic diversity; hybrids; microsatellites.

INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de bananeira utilizam diploides como base para o desenvolvimento de novos híbridos comerciais, uma vez que os triploides possuem limitações de esterilidade (AMORIM et al., 2011). A importância dos diploides resulta da presença de características de interesse agrônomo, como resistência a pragas e produção de frutos (LESSA et al., 2010).

A caracterização agrônoma destes diploides, assim como a estimativa da variabilidade genética por meio de marcadores moleculares são informações úteis, tanto na escolha de progenitores para cruzamentos entre genótipos divergentes visando explorar a heterose e desenvolver novos diploides melhorados, quanto no cruzamento destes com triploides e tetraploides, com o objetivo de obter novos híbridos de banana comerciais (AMORIM et al., 2008).

Os marcadores microssatélites ou SSR tem sido extensivamente utilizado para a caracterização de espécies devido ao fato de ser de natureza co-dominante, de fácil reprodução e interpretação dos dados (CRESTE et al., 2003). Aliado a isso, os microssatélites podem ser semi-automatizados, o que aumenta a capacidade de processamento de dados, uma vez que possibilita analisar até três produtos de amplificação numa mesma faixa de tamanho ou amplitude de tamanhos diferentes, aumentando assim o número de marcas a serem analisadas (GUIMARÃES et al., 2004).

A estimativa da diversidade genética normalmente é realizada considerando, de forma individualizada, dados quantitativos (altura de planta, diâmetro do pseudocaule, peso do cacho, etc.) e qualitativos (presença de antocianina no pseudocaule, posição das folhas, cor da polpa, etc. ou marcadores moleculares) (MATTOS et al., 2010; CABRAL et al., 2010). Por outro lado, estratégias para ranquear genótipos levando em consideração dados mistos foram propostas por Gower (1971) e Wishart (1986), com base em métodos de agrupamento, tais como UPGMA (*Unweighted pair group method with arithmetic mean*) e Ward (GONÇALVES et al., 2009; SUDRÉ et al., 2010).

O procedimento MLM (*Modified Location Model*), proposto por Franco et al. (1998), é outra interessante estratégia para quantificar a variabilidade usando variáveis quantitativas e qualitativas. O MLM possui dois estágios. No primeiro, o método de agrupamento Ward (WARD JUNIOR, 1963) define os grupos por meio da matriz de dissimilaridade de Gower (GOWER, 1971). No segundo passo, a média do vetor das variáveis quantitativas é estimada por MLM, independentemente do valor das variáveis qualitativas. Este procedimento tem sido utilizado em várias culturas, tais como pimenta (SUDRÉ et al., 2010), feijão (BARBÉ et al., 2010; CABRAL et al., 2010), tomate (GONÇALVES et al., 2009) e bananeira (PESTANA et al., 2011).

O presente trabalho teve como objetivo estimar a diversidade genética entre 31 diploides melhorados de bananeira usando simultaneamente dados quantitativos e marcadores moleculares SSR, por meio do procedimento Ward-MLM. Em bananeira diploides não há relatos sobre a utilização desta metodologia.

MATERIAL E MÉTODOS

1. Material vegetal

Foram utilizados 31 diploides melhorados desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Tabela 1).

2. Caracterização agronômica

O experimento foi instalado utilizando-se o delineamento em blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956), com 28 tratamentos regulares (Tabela 1, diploides de 1 a 28), que se repetiram apenas uma vez no bloco, tendo repetições apenas na parcela, e três tratamentos comuns (Tabela 1, diploides 29 a 31), que eram as chamadas testemunhas, as mesmas se repetiam nos cinco blocos. Cada parcela constituiu-se de seis plantas, espaçadas 2,5m x 2,5m, tendo como bordadura externa a cultivar Pacovan.

A avaliação foi realizada no primeiro ciclo de produção, considerando 18 características agronômicas: altura da planta (ALT - cm); diâmetro do pseudocaule (DPC - cm); número de filhos na floração (NFI); número de folhas na floração (NFF); número de dias da emissão do cacho à colheita (CEC – dias); presença de pólen (POL), com base em uma escala onde (1) corresponde a ausência de pólen, (2)

pequena quantidade, (3) média quantidade e (4) abundância de pólen; número de pencas (NPE); número de frutos (NFR); Sigatoka-amarela na emergência (SAE) e na colheita (SAC), por meio da escala proposta por Stover (1972), modificada por Gauhl et al. (1993); número de folhas na colheita (NFC); peso da segunda penca (PSP - Kg); comprimento e diâmetro do fruto (CMF e DMF - cm); comprimento e diâmetro do pedicelo (CMP e DMP – mm); presença de sementes (SEM), realizada de acordo com a seguinte escala: 1) ausência de sementes, 2) entre uma e 10 sementes, 3) de 11 a 20 sementes, 4) mais de 21 sementes; e comprimento e diâmetro do engaço (CEG e DEN - cm).

3. Caracterização molecular via microssatélites

Foram utilizados 20 pares de iniciadores SSR, cinco pertencentes à série Ma, desenvolvida por Crouch et al. (1998), doze pares da série AGMI desenvolvidos por Lagoda et al. (1998), três da série MaOCEN obtidos por Creste et al. (2006) (Tabela 2). O DNA genômico foi extraído de folhas jovens, utilizando-se o método CTAB (DOYLE & DOYLE, 1990).

As reações de amplificação foram feitas para o volume final de 13 μ L, contendo os seguintes reagentes: KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), MgCl₂ 2,5 mM, 100 μ M de cada um dos dNTPs (dATP, dTTP, dGTP, dCTP), 0,2 μ M de cada iniciador, 50 ng de DNA genômico e uma unidade de Taq DNA polimerase (Pharmacia Biotech, EUA).

As amplificações foram conduzidas em Termociclador Perkin Elmer modelo 9700, empregando-se a seguinte programação: ciclo inicial de 3 min a 94 °C, seguido de 40 seg. a 94 °C, temperatura de anelamento específica para cada primer durante 40 seg., 1 min a 72 °C, seguidos de 30 ciclos de 40 seg. a 94 °C, 40 seg. a 45 °C e 60 seg. a 72 °C e temperatura final de 8°C.

Os fragmentos foram separados em géis de agarose ultrapura 1000 a 3% (Invitrogen) sob condições-padrão, e os produtos da amplificação foram corados com brometo de etídeo e visualizados através de raios ultravioletas e fotodocumentados por meio do equipamento UVITEC. Para fins de genotipagem, os dados de SSR foram lidos como ausência e presença dos alelos.

4. Análise dos dados

Para os dados agronômicos foi adotado o procedimento de análise intrablocos (COCHRAN & COX, 1957; JOHN, 1971; PIMENTEL GOMES, 1990; DUARTE, 2000). A análise estatística intrablocos foi obtida admitindo-se o modelo como fixo, ao considerar os efeitos representados por constantes, com exceção do erro experimental. As análises foram realizadas por meio do programa estatístico SAS (SAS Institute, 2010) utilizando-se o procedimento para análise de modelos lineares PROC GLM (*Procedure for General Linear Models*). As médias dos tratamentos foram ajustadas por quadrados mínimos utilizando-se no módulo 'lsmeans' do SAS. As rotinas computacionais foram realizadas de acordo com a proposta de Duarte (2000).

As características quantitativas (agronômicas) e qualitativas (marcadores SSR) foram analisadas conjuntamente usando o procedimento Ward-MLM (FRANCO et al., 1998) e para compor os grupos, utilizou-se o procedimento *Cluster* e IML (*Interactive Matrix Programming*) no programa SAS (SAS Institute, 2010). Foi utilizado o método de agrupamento de Ward, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower (GOWER, 1971).

A correlação entre as características agronômicas e as variáveis canônicas foi obtida graficamente usando o procedimento CANDISC no SAS (SAS Institute, 2010).

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 grupos, uma classificação hierárquica foi obtida pelo método Ward, o qual disponibiliza um valor inicial necessário para programar o passo final do modelo MLM (FRANCO et al., 1998; CROSSA & FRANCO, 2004).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância para as 18 características agronômicas mensuradas em 31 diploides melhorados de bananeira apresentam-se na Tabela 3.

Considerando a fonte de variação 'Tratamentos (regulares vs, comuns)' percebe-se diferenças significativas para altura de planta, dias da emissão a colheita e número de frutos; características prioritárias para a seleção de diploides melhorados. Chama-se a atenção também à significância da fonte de variação

'Regulares d, Comuns', onde somente 'diâmetro do fruto' não apresentou diferenças estatísticas. A significância observada para a maioria dos caracteres mensurados entre os diploides implica na existência de variabilidade genética entre os genótipos; fato que justifica o uso de metodologias multivariadas para quantificar tal variação, assim como o emprego de marcadores moleculares.

Em relação às análises com microssatélites, o número de alelos obtidos foi 133, com média de 6,65 alelos por *iniciador*, considerando que 102 dos alelos apresentaram-se polimórficos. O maior número de alelos foi identificado nos iniciadores AGMI33/34 e Ma1/27 (10 alelos) e o menor nos iniciadores AGMI35/36, Ma3/103 e MaOCEN13R/13F (4 alelos) (Tabela 2). O número médio de alelos por iniciador SSR foi similar ao obtido em outros estudos realizados em bananeira (CRESTE et al., 2006; AMORIM et al., 2009; MATTOS et al., 2010).

O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de 0,53 para o iniciador AGMI25/26 a 0,97 para os iniciadores AGMI103/104 e AGMI187/188, com média de 0,76. A análise de reamostragem indicou que 85 alelos foram suficientes para uma estimativa precisa da divergência genética entre os 31 híbridos diploides de bananeira (Figura 1). A correlação entre a matriz considerando todos os 133 alelos e a matriz com 85 alelos foi de 0,94, com soma dos quadrados dos desvios (SQ_d) de 0,52 e valor de estresse (E) de 0,048. De acordo com Kruskal (1964), um valor de $E \leq 0,05$ é indicativo de uma excelente precisão nas estimativas.

Na literatura são encontrados trabalhos onde o número de marcadores SSR, assim como o número de alelos utilizados para genotipar diferentes acessos de bananeira foram inferiores aos utilizados neste trabalho. Creste et al. (2004) utilizaram nove SSR para genotipar 49 diploides a partir de 115 alelos; Creste et al. (2003) genotiparam 35 cultivares de banana com 11 SSR e 67 alelos e Mattos et al. (2010) genotiparam 26 cultivares de banana com 13 SSR e 94 alelos.

A estimativa da variabilidade genética entre indivíduos é um ponto decisivo para o agrupamento de genótipos e análise da diversidade genética entre e dentro de populações (KOSMAN & LEONARD et al., 2005). O procedimento Ward-MLM (*Modified Location Model*), primeiramente proposto por Franco et al. (1998), tem sido utilizado para a análise combinada de dados multicategóricos, quantitativos e moleculares. Para isso, realizou-se a estimativa da correlação entre as matrizes de dissimilaridade obtidas a partir da distância de Gower (dados quantitativos) e dados binários (SSR), utilizando o índice de coincidência simples. A correlação entre estas

duas matrizes foi de $r = -0,15^*$. Para Souza e Sorrells (1991) a baixa associação entre dados morfológicos e moleculares pode ter por base a parcial e insuficiente representação do genoma quando são utilizados dados morfológicos. Essa baixa correlação também pode ser explicada pela ausência de associação entre os locos que controlam os caracteres morfológicos estudados e os alelos identificados por meio de marcadores SSR, uma vez que a correlação será tão maior quanto maior for esta associação.

A dissimilaridade genética média entre todos os diploides foi de 0,49, variando de 0,33 entre os diploides 042052-04 e 042052-03 a 0,59 entre os genótipos 017041-01 e 091087-01.

O dendrograma das dissimilaridades genéticas baseada na análise conjunta, obtido pelo método Ward-MLM, encontra-se na Figura 1. O valor cofenético foi alto ($r = 0,71$, $p < 0,0001$, 10.000 permutações) e adequado, já que valores de $r \geq 0,56$ são considerados ideais, o que reflete boa concordância com os valores de similaridade genética (VAZ PATTO et al., 2004).

O procedimento Ward-MLM determinou que o número ideal de grupos foi três, com base nas estatísticas *pseudo-F* e *pseudo- t^2* , considerando o algoritmo de Gower (GOWER, 1971). Com base neste algoritmo foram formados três grupos: G1 constituído por sete diploides; G2 formado por 21 genótipos; e G3 composto por três (Figura 1).

Constata-se, por meio do dendrograma, relativa semelhança entre os genótipos do G1; fato justificável pela suas genealogias, uma vez que o diploide 001016-01 (Borneo x Guyod) 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.

O G2 foi formado por 21 diploides; fato esperado uma vez que o diploide Calcutta 4 aparece em 62% dessas genealogias como parental masculino ou feminino (Figura 1). Esse diploide é amplamente utilizado em vários programas de melhoramento de banana como fonte de alelos para resistência à Sigatoka-negra, causada por *Mycosphaerella fijiensis* (AMORIM et al., 2008). 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 o diploide 028003-01 é parental masculino dos genótipos 086079-10 e 042079-06.

A análise de correlação canônica é um procedimento estatístico multivariado que permite o exame da estrutura de relações existente entre dois grupos ou conjuntos de variáveis (X e Y) (ABREU & VETTER, 1978).

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 81,59% da variabilidade entre os seis grupos formados (Figura 3). Este valor indica que a representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas foi apropriada para a visualização do relacionamento genético entre grupos, assim como entre acessos dentro do mesmo grupo.

O caráter 'comprimento do engaço' apresentou a maior correlação com a primeira variável canônica, seguido por 'número de filhos na floração' e 'número de frutos da segunda penca', com valores de 0,70, 0,51 e -0,27, respectivamente. Por outro lado, para a segunda variável canônica, as estimativas de correlação mais altas ocorreram com as características 'número de pencas por cacho' ($r=0,56$) e 'número de frutos por cacho' ($r=0,46$).

Comparando-se os agrupamentos formados pelo método de Ward-MLM (Figura 1) e o obtido por meio das variáveis canônicas (Figura 3), percebe-se maior poder discriminatório no segundo método, uma vez que foram formados seis grupos, contra três no Ward-MLM. Pelos resultados, infere-se que o critério utilizado para a separação dos grupos, considerando as variáveis canônicas, foi associado à genealogia dos diploides, resultado semelhante ao observado pelo método Ward-MLM.

Atualmente o programa de melhoramento genético de banana da Embrapa Mandioca e Fruticultura conta com 43 diploides melhorados com resistência genética às principais pragas e doenças, incluindo as sigatokas amarela e negra e o mal-do-Panamá, além de características agronômicas desejáveis, tais como: porte reduzido, alta produtividade, tolerância à seca, etc. 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, contribuindo para o lançamento de cultivares tetraploides com características agronômicas favoráveis e resistentes às principais pragas.

CONCLUSÕES

De acordo com as características agronômicas e moleculares é possível observar a existência de ampla variabilidade genética entre os 31 diploides de bananeira desenvolvidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, possibilitando o planejamento de cruzamentos visando o desenvolvimento de cultivares com boas características agronômicas.

Os marcadores microssatélites são eficientes para a quantificação da variabilidade genética entre os 31 diploides de bananeira.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, M. A.; VETTER, D. **A análise de relações entre conjuntos de variáveis na matriz geográfica: correlação canônica.** In: FAISSOL, S. Tendências atuais na geografia urbano/regional: teorização e quantificação. Rio de Janeiro: IBGE, p. 133-144. 1978.

AMORIM, E. P.; REIS, R. V.; AMORIM, V. B. O.; SANTOS-SEREJO, J. A.; SILVA, S. O. Variabilidade genética estimada entre diploides de banana por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, p.1045-1052, 2008.

AMORIM, E. P.; LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; AMORIM, V. B. de O.; REIS, R. V. dos; SANTOS-SEREJO, J. A. dos.; SILVA, S. O. Caracterização agronômica e molecular de genótipos diplóides melhorados de bananeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal – SP, v. 31, p. 154-161, 2009.

AMORIM, E. P.; AMORIM, V. B. O.; SILVA, S. O.; PILLAY, M. **Quality improvement of cultivated Musa.** In: **Michael Pillay; Abdou Tenkouano.** (Org.). *Banana Breeding: Progress and Challenges.* New York: CRC Press, v., p. 252-280. 2011.

BARBÉ, T. da C.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SCAPIM, C. A. Association between advanced generations and

genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. **Euphytica**, Wageningen, v.173, p.337-343, 2010.

BUSO, G. S. C.; CIAMPI, A. Y.; MORETZSOHN, M. C.; AMARAL, Z. P. S. Protocolo para desenvolvimento de marcadores microsatélites. **Circular Técnica 20**. Brasília, DF. Setembro, 2003.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; LIMA, A. B. P.; RODRIGUES, R.; MATTA, F. de. P. Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.10, p.1124-1132, out. 2010.

COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons. 611 p. 1957.

CRESTE, S.; BENATTI, T.; ORSI, M. R.; RISTERUCCI, A. M.; FIGUEIRA, A. Isolation and characterization of microsatellite loci from a commercial cultivar of *Musa acuminata*. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 6, n.2, p.303-306. 2006.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; SILVA, S. de O.; FIGUEIRA, A. Genetic characterization of banana cultivars (*Musa* spp.) from Brazil using microsatellite markers. **Euphytica**, Wageningen, v.132, p.259-268, 2003.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; VENCOVSKY, R.; SILVA, S. de O.; FIGUEIRA, A. Genetic diversity of *Musa* diploid and triploid accessions from the Brazilian banana breeding program estimated by microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.51, p.723-733, 2004.

CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, Wageningen, v.137, p.19-37, 2004.

CROUCH, H. K.; CROUCH, J. H.; JARRET, R. L. et al. Segregation at microsatellite loci in haploid and diploid gametes of *Musa*. **Crop Science**, Madison, v.38, n.1, p.211-217, 1998.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Rockville, v.12, n.1, p.13-15, 1990.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal.** Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba - São Paulo. 293p. 2000.

FEDERER, W. T. **Augmented (or hoonuiaku) designs.** Hawaiian Planter's Records, v. 55, p. 191 – 208, 1956.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASEÑOR, J.; TABA, S.; EBERHART, S. A. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1688-1696, 1998.

GAUHL, F.; PASBERG-GAUHL, C.; VUYLSTEKE, D.; ORTIZ, R. **Multiplicational evaluation of black sigatoka resistance in banana and plantain.** Abuja: International Institute of Tropical Agriculture. Research Guide 47. 59p. 1993.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. P. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v.8, p.364-374, 2009.

GOWER, J. C., A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, 27, 857-874, 1971.

GUIMARÃES, C. T.; PADILHA, L.; SOUZA, I. R. P.; PAIVA, E. **“Fingerprinting” Molecular de linhagens de milho.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 4p. 2004.

JOHN, P.W.M. **Statistical design and analysis of experiments.** New York: Macmillan, 356 p. 1971.

KOSMAN, E.; LEONARD, K. J. Similarity coefficients for molecular markers in studies of genetic relationships between individuals for haploid, diploid, and polyploid species. **Molecular Ecology**, 14: 415-424. 2005.

KRUSKAL, J. B. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. **Psychometrika**, v.29, p.1-27, 1964.

LAGODA, P. J. L.; NOYER, J. L.; DAMBIER, D.; BAURENS, F. C.; GRAPIN, A.; LANAUD, C. Sequence tagged microsatellite site (STMS) markers in the Musaceae. **Molecular Ecology**, Oxford, v.7, n.5, p.657-666, 1998.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. da. S.; SILVA, S. de. O. e. S.; AMORIM, E. P.; OLIVEIRA, T. K. de. Características agrônômica de híbridos diploides de bananeira em três ciclos de produção em Cruz das Almas, Bahia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 32, n. 1, p. 213-221, Março, 2010.

MATTOS, L. A.; AMORIM, E. P.; AMORIM, V. B. de. O.; COHEN, K. de. O.; SILVA, de. O. e S. Agronomical and molecular characterization of banana germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.45, n.2, p.146-154, fevereiro. 2010.

PESTANA, R. K. N.; AMORIM, E. P.; FERREIRA, C. F.; AMORIM, V. B. de. O.; OLIVEIRA, L. S.; LEDO, C. A. da. S.; SILVA, S. de. O. e. Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa* sp.) mutants using a multivariate statistical algorithm. **Euphytica**, Wageningen, 2011.

PIMENTEL GOMES, M. C. G. **Indução de aberrações cromossômicas estruturais em milho (*Zea mays* L.) por radiação gama**. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV, Viçosa, MG. 131f. 1990.

SAS INSTITUTE INC. Statistical analysis system: user's guide. Cary: SAS, 2010.

SOUZA, E.; SORRELLS, M. E. Relationships among 70 North American oat germplasms. II. Cluster analysis using qualitative characters. **Crop Science**, Madison, v.31, n.3, p.605-612, 1991.

STOVER, R. H. **Banana, plantain, and abaca diseases**. Commonwealth Mycol. Inst., Kew, Surrey, England. 316p, 1972.

SUDRÉ, C. P.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; RIVA-SOUZA, E. M.; BENTO, C. S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.283-294, 2010.

VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, Wageningen, v.137, p.63-72, 2004.

WARD JUNIOR, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, p.236-244, 1963.

WISHART, D. Hierarchical Cluster Analysis with Messy Data. In: Classification as a Tool of Research (Gaul W and Schader M, eds.). **Elsevier**, Amsterdam, 453-460. 1986.

Tabela 1. Códigos dos híbridos diploides utilizados no experimento e seus respectivos anos de obtenção e genealogia. Cruz das Almas, 2011.

Cod.	Diploides Melhorados	Ano de obtenção	Genealogia
1	091087-01**	2002	001016-01 (Borneo x Guyod) x 003038-01 (Calcutta 4 x Heva)
2	086079-10	2001	003037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x 028003 (Tuugia x Calcutta 4)
3	028003-01	1995	Tuugia x Calcutta 4
4	013019-01	1995	Malaccensis x Tjau Lagada
5	TH-0301	1995	Terrinha x Calcutta 4
6	086094-20	2003	03037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x SH3263
7	073041-01	1999	Khai x 003004-01 (Calcutta 4 x Madang)
8	091079-03	2001	01016-01 (Borneo x Guyod) x 028003 (Tuugia x Calcutta 4)
9	003023-03	1995	Calcutta 4 x S/Nº 2
10	058054-03	1998	003005-01 (Calcutta 4 x Pahang) x 001004-01 (Borneo x Madang)
11	042049-04	1999	M53 x M48
12	091094-04	2002	001016-01 (Borneo x Guyod) x SH3263
13	086079-12	2002	003037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x 028003-01 (Tuugia x Calcutta 4)
14	017041-01	1995	Jari Buaya x 003004-01 (Calcutta 4 x Madang)
15	003037-02	1995	Calcutta 4 x Galeo
16	042079-13	1999	M53 x 028003-01 (Tuugia x Calcutta 4)
17	013004-06	1995	Malaccensis x Madang
18	042085-02	2002	M53 x 015003-01 (Madu x Calcutta 4)
19	042023-06	1995	M53 x Cultivar sem nome Nº 2
20	003004-02	1995	Calcutta 4 x Madang
21	086094-15	2003	03037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x SH3263
22	041054-08	1998	003004-01 (Calcutta 4 x Madang) x 001004-01 (Borneo x Madang)
23	042052-03	1997	M53 x Kumburgh
24	086094-05	2000	03037-02 (Calcutta 4 x Galeo) x SH3263
25	042052-04	1997	M53 x Kumburgh
26	042015-02	1997	M53 x Madu
27	042049-02	1995	M53 x M48
28	089087-01	2002	013018-01 (Malaccensis x Sinwobogi) x 003038-01 (Calcutta 4 x Heva)
29	042079-06	1997	M53 x 028003-01 (Tuugia x Calcutta 4)
30	001016-01	1995	Borneo x Guyod
31	013018-01	1995	Malaccensis x Sinwobogi

** : Os três primeiros números referem-se ao genitor feminino, os três seguintes ao genitor masculino e os dois últimos ao número da seleção.

Tabela 2. Iniciadores microssatélites SSR, seqüência repetida, número de alelos e conteúdo de informação de polimorfismo (PIC). Cruz das Almas, 2011.

Iniciadores SSR	Seqüência (F/R) (5´- 3´)	Nº de Alelos	PIC
AGMI103/104	acagaatcgctaaccctaactctca/cccttgcgtgcccctaa	8	0,97
AGMI187/188	gcaacttggcagcatttt/tgatggactcatgtgtacctactat	6	0,97
AGMI25/26	ttaaagggtgggttagcattagg/ttgatgtcacaatgggtgtcc	7	0,53
AGMI93/94	aacaactaggatggaatgtgtggaa/gatctgaggatggttctgttgagtg	6	0,74
AGMI101/102	tgcaagtgcacaaacccacaca/ttggaaggaaaataagaagataga	5	0,83
AGMI33/34	agtttcaccgattggttcat/taacaaggactaatcatgggt	10	0,76
AGMI105/108	tccaacccctgcaaccact/atgacctgtcgaacatcctt	5	0,66
AGMI35/36	tgaccacgagaaaagaagc/ctcctccatagcctgacttg	4	0,87
AGMI125/126	tccataagtgaatcctcagtt/ctccatccccaagtcataaag	8	0,74
AGMI129/130	ggaggcccaacataggaagaggaat/cataaacgacagtagaaatagcaac	6	0,57
AGMI95/96	acttattccccgcactcaa/actctcgcccatcttcatcc	8	0,83
AGMI99/100	atttcttctttcatacctta/taatgagacgctatggagcac	9	0,66
Ma2/7	tgaatccaagtttgggtcaaga/caactctgtccctcacttca	6	0,87
Ma1/17	aggcggggaatcggtaga/ggcgggagacagatggagt	7	0,86
Ma1/24	gagccattaagctgaaca/ccgacagtcaacatacaataca	5	0,74
Ma1/27	tgaatccaagtttgggtcaag/caaacactgtccccatctc	10	0,80
Ma3/103	tgcctctcttagctctg/tgttgaggatctgagattg	4	0,57
MaOCEN1F/1R	tctcaggaagggaacaatc/ggaccaaagggaagaaacc	9	0,80
MaOCEN3F/3R	ggaggaaatggaggtaaca/ttcgggataggaggaggag	6	0,64
MaOCEN13R/13F	gctgctatcttgccttggtg/cttgatgctgggattctgg	4	0,84
Total		133	-
Média		6,65	0,76

Tabela 3. Resumo da análise de variância com o teste F, coeficiente de variação e média geral para características agrônômicas em diploides melhorados de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Cruz das Almas, 2011.

FV	GL	QM								
		ALP	DPC	FIL	NFF	NFC	DIC	CEN	DEN	NFR
Blocos	4	146,65	1,32	0,43	3,82	0,25	71,86	28,90	0,64	103,41
(Regulares vs, Comuns)	1	2364,60**	1,58**	0,59 ^{ns}	2,34 ^{ns}	0,05 ^{ns}	1380,71*	62,16*	5,45**	750,78*
Tratamentos	29	1618,70**	11,88**	1,18*	6,88*	3,00*	645,30*	94,69**	3,57**	975,48**
Regulares	27	1694,51**	12,46**	0,99*	6,01*	2,63*	625,82*	80,48**	3,81**	768,72**
Comuns	2	595,19*	4,08*	3,72**	18,53**	7,98**	908,26*	286,45**	0,29 ^{ns}	3766,67**
Erro	8	126,41	0,69	0,35	1,33	0,65	135,35	9,79	0,26	69,01
CV (%)		5,80	5,79	14,88	9,21	27,05	8,30	9,27	11,49	8,47
Média Geral		194,00	14,00	4,00	13,00	3,00	140,00	34,00	4,00	98,00
Regulares										
Média		188,08	14,54	4,08	12,39	3,02	135,84	32,78	4,75	94,87
Máximo		320,97	23,76	6,30	18,45	6,49	179,25	51,89	13,12	206,66
Mínimo		133,04	9,56	2,25	7,45	0,36	49,76	12,53	2,99	51,17
Comuns										
Média		203,68	14,14	3,83	12,88	2,94	147,76	35,31	4,00	103,66
Máximo		216,11	15,17	4,82	14,99	3,78	159,66	43,84	4,17	130,27
Mínimo		195,69	13,51	3,20	11,22	1,49	133,13	29,41	3,73	75,45

^{ns} não significativo, ** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente pelo teste de F, altura de planta (ALP - cm), diâmetro do pseudocaule (DPC - cm), número de filhos na floração (FIL), número de folhas na floração e na colheita (NFF e NFC), dias entre a emissão da inflorescência e colheita (DIC - dias), comprimento e diâmetro do engaço (CEN-cm e DEN-cm), frutos por cacho (NFR).

Continuação...

Tabela 3. Resumo da análise de variância com o teste F, coeficiente de variação e média geral para características agrônômicas em diploides melhorados de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Cruz das Almas, 2011.

FV	GL	QM								
		PEC	P2P	F2P	CPE	DPE	CFR	DFR	SEM	POL
Blocos	4	0,10	0,02	0,89	0,01	0,01	2,27	1,15	0,04	0,06
(Regulares vs, Comuns)	1	0,12 ^{ns}	0,00 ^{ns}	14,17**	0,64**	0,03 ^{ns}	3,64 ^{ns}	1,15 ^{ns}	9,71**	0,00 ^{ns}
Tratamentos	29	2,57**	0,17**	4,25**	0,70**	0,07*	9,05**	0,26 ^{ns}	1,87**	0,24*
Regulares	27	1,60**	0,16**	4,14**	0,73**	0,07*	8,47**	0,27 ^{ns}	1,27**	0,18*
Comuns	2	15,68**	0,29**	5,74**	0,40*	0,00 ^{ns}	16,78**	0,21 ^{ns}	9,92**	1,06**
Erro	8	0,13	0,01	0,47	0,04	0,02	1,60	1,35	0,04	0,06
CV (%)		5,78	18,67	4,38	18,15	17,92	12,71	54,49	8,62	6,93
Média Geral		6,00	0,57	16,00	1,22	0,81	10,00	2,00	3,00	4,00
Regulares										
Média		6,39	0,57	15,23	1,32	0,83	9,74	2,00	2,19	3,72
Máximo		10,64	2,04	19,73	5,21	2,02	18,99	3,27	4,19	4,07
Mínimo		4,29	0,12	12,22	0,48	0,41	6,53	0,44	0,85	3,07
Comuns										
Média		6,50	0,58	16,44	1,06	0,78	10,35	2,35	3,19	3,73
Máximo		8,42	0,79	17,67	1,26	0,81	12,23	2,56	4,00	4,00
Mínimo		4,92	0,31	15,74	0,73	0,73	8,57	2,14	1,56	3,20

^{ns} não significativo, ** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente pelo teste de F, penca por cacho (PEC), peso e frutos da segunda penca (P2P-Kg e F2P- frutos), comprimento e diâmetro do pedicelo (CPE-mm e DPE-mm), comprimento e diâmetro do fruto (CFR-cm e DFR-cm), presença de semente (SEM) e produção de pólen (POL).

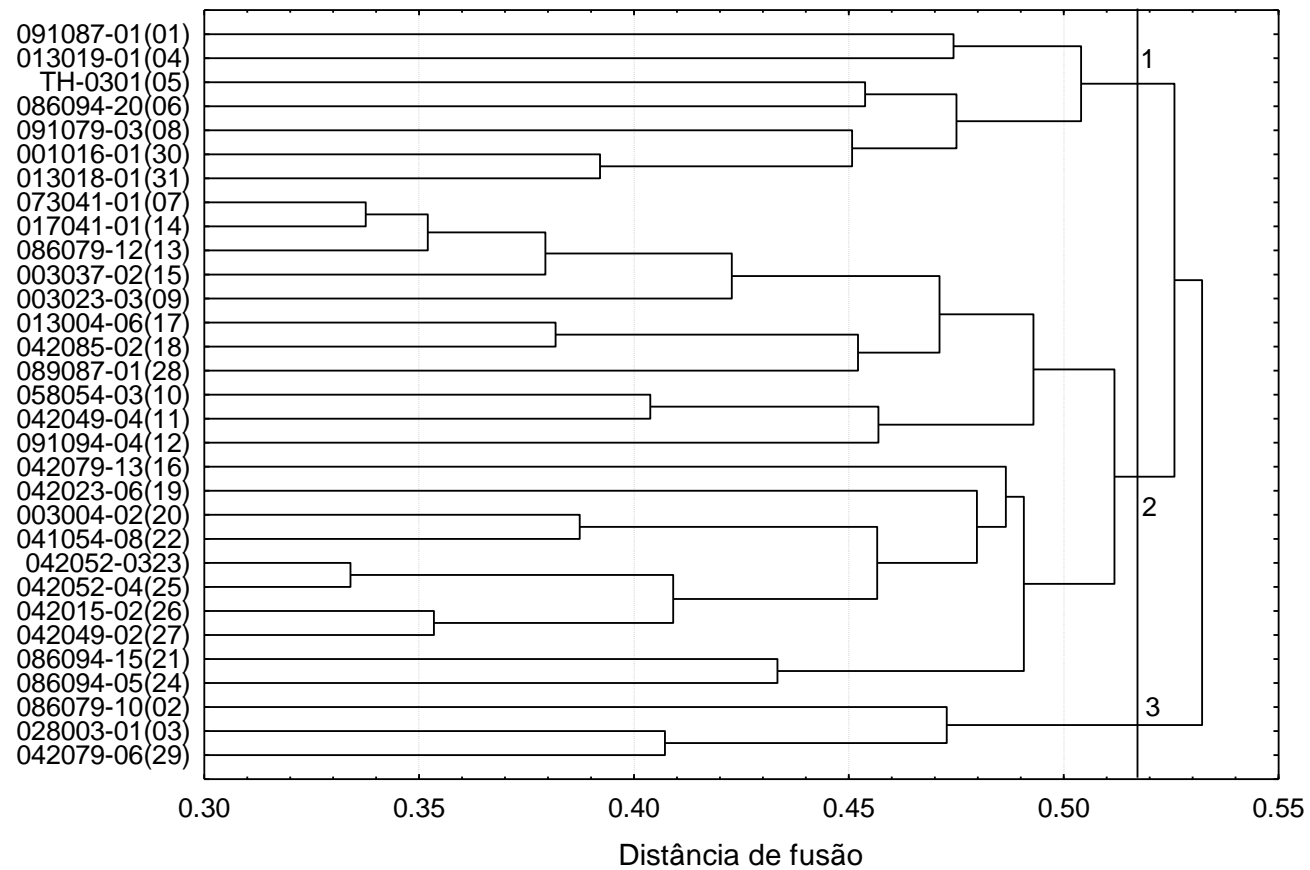


Figura 1. Dendrograma gerado pelo método Ward-MLM, a partir das distâncias genéticas obtidas nos 18 caracteres morfo-agronômicos, com a relação entre 31 diploides melhorados de bananeira, no primeiro ciclo de produção. Cruz das Almas, 2011. Número entre parênteses são referentes ao código da Tabela 1 e Figura 3.

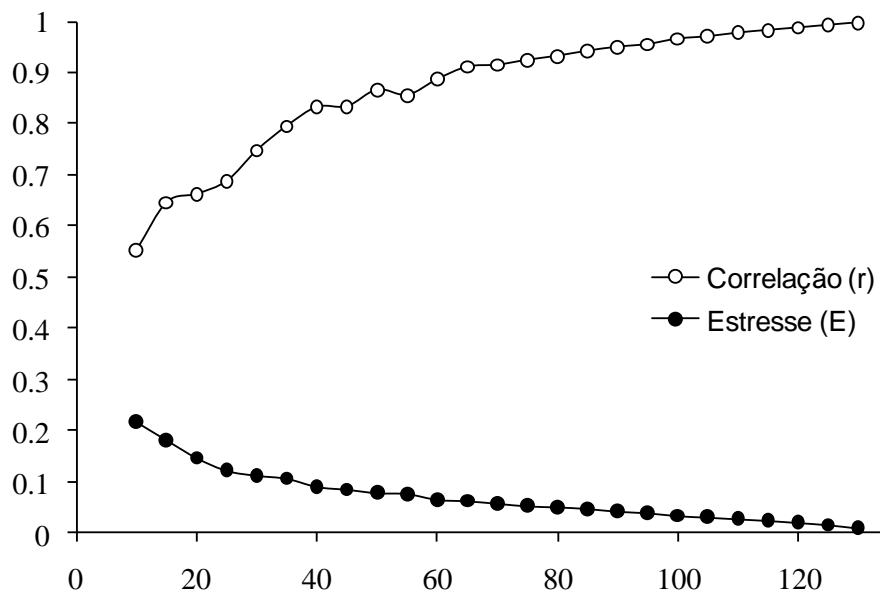


Figura 2. Análise de reamostragens para uma precisa estimativa da variabilidade genética entre 31 diploides melhorados de bananeira desenvolvidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, no primeiro ciclo de produção. Cruz das Almas, 2011.

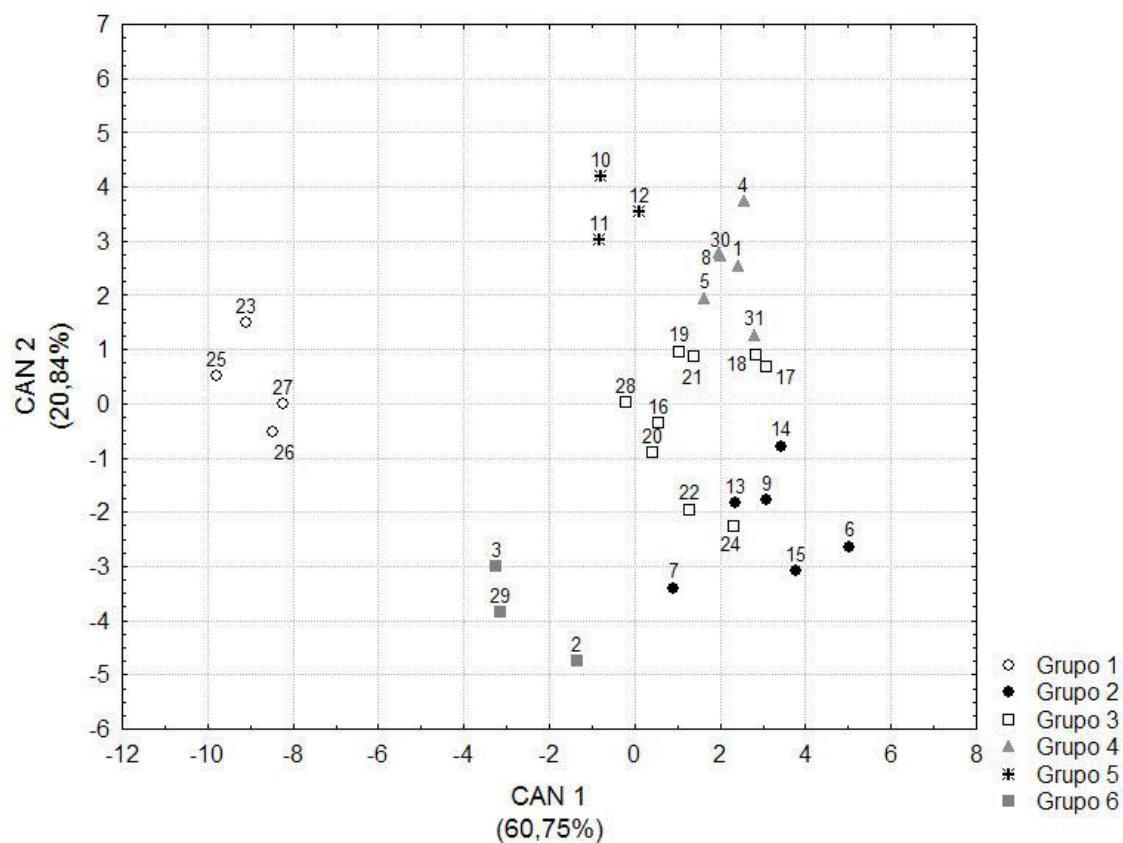


Figura 3. Dispersão referente às duas primeiras variáveis canônicas com seis grupos formados (G1-G6), através da estratégia de Ward-MLM, considerando 31 diploides melhorados, no primeiro ciclo de produção. Códigos dos genótipos referentes à Tabela 1.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise de variância permitiu observar a existência de ampla variabilidade genética entre os 31 diploides de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura, possibilitando o planejamento de cruzamentos visando o desenvolvimento de cultivares com boas características agronômicas.

O índice não-paramétrico de Mulamba & Mock (I_{MM}) classificou os diploides 013018-01, 086094-20, 042049-04, 017041-01 e 042049-02 nas primeiras colocações, destacando-os em relação às variáveis 'altura de plantas', 'número de frutos' e 'dias entre a emissão e colheita'; características estas desejáveis para o melhoramento genético.

Considerando o critério de Singh, as variáveis altura de planta, número de frutos e dias da emissão da inflorescência a colheita foram as que mais contribuíram para a variabilidade genética entre os 31 híbridos diploides de bananeira.

O método de Otimização de Tocher, assim como a análise conjunta, considerando as variáveis quantitativas e qualitativas (SSR), possibilitaram a formação de três grupos, podendo-se inferir que os genótipos foram agrupados segundo sua genealogia.

As duas primeiras variáveis canônicas agruparam os 31 genótipos em seis grupos, em função das 18 características agronômicas, resultado semelhante foi obtido pelo método de Ward-MLM.

Os resultados podem auxiliar nos planejamentos de cruzamentos e em seleções de genótipos melhorados visando o desenvolvimento de cultivares com boas características morfoagronômicas, tendo diploides com tetraploides.