

E. Ciências Agrárias - 1. Agronomia - 5. Agronomia

CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE BANANEIRA

Cíntia Paula Feitosa Souza ¹

Lívia Pinto Brandão ²

Fábio Henrique Sousa Santana ¹

Edson Perito Amorim ³

Sebastião de Oliveira e Silva ³

Janay Almeida dos Santos Serejo ³

1. Estudante de Eng. Agrônômica, UFRB. Bolsista de PIBIC da Embrapa.
2. Estudante de Pós graduação em Recursos Genéticos Vegetais da UFRB, FAPESB.
3. Estudante de Eng. Agrônômica, UFRB. Bolsista de PIBIC da Embrapa.
4. Eng. Agr., D.Sc., Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.
5. Eng. Agr., D.Sc., Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.
6. Eng. Agr., D.Sc., Pesquisadora da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.

INTRODUÇÃO:

A bananicultura brasileira possui grande importância econômica e social, destacando-se como segundo produtor mundial. No entanto, apresenta poucos cultivares com potencial agrônômico para exploração comercial, com resistência ao despençamento, alta produtividade e tolerantes às pragas e que apresentem frutos com boas características pós-colheita. Uma das estratégias para a solução dos problemas mencionados é a seleção de novos genótipos, mediante o melhoramento genético. Entretanto, essa estratégia passa obrigatoriamente pelo conhecimento da variabilidade genética disponível, utilizada como critério de seleção para os cruzamentos entre genótipos com características agrônômicas complementares. Desta forma, o objetivo deste trabalho é obter informações sobre a variabilidade genética disponível no Banco de Germoplasma de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.

METODOLOGIA:

O presente trabalho foi conduzido na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, localizada no município de Cruz das Almas, BA. A caracterização foi realizada em 17 acessos do Banco de Germoplasma de Banana, sendo avaliadas cinco plantas por acessos. As avaliações foram realizadas em campo e no Laboratório de Práticas Culturais, utilizando-se descritores morfológicos de banana, baseados em características quantitativas e qualitativas. Os dados foram submetidos a análises multivariadas utilizando-se das técnicas de análise de agrupamento. Para a análise de agrupamento foi utilizada o algoritmo de Gower como medida de dissimilaridade e para a formação do agrupamento, utilizou-se o método de UPGMA. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se os softwares R e NTSys.

RESULTADOS:

Os resultados O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,77, indicando um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (ROHLF, 2000), fundamentada no algoritmo de Gower. O número de grupos foi definido a partir da média da matriz de agrupamento (dissimilaridade) que foi de 0,43, os genótipos foram agrupados pelo método UPGMA formando IV grupos. Os valores de dissimilaridade genética encontrado entre os 17 acessos analisados variaram de 0,2245 a 0,6734, sendo menor entre os acessos Lidi e Pa Pathalung e a maior dissimilaridade encontrada foi entre os acessos Royal e FHIA-18. O grupo I foi formado por dois acessos (Ido-110 e Pipit); o grupo II por 13 acessos (Balbisiana Franca,

Burmannica, Calcutta, Tuugia, PV0376, Imperial, Malbut, Grand naine, Butuhan, FHIA-18, 028003-01, Lidi, Pa Pathalung), o grupo III por um acesso (Akondro Mainty) e o grupo IV pelo híbrido Royal. demonstram que, dentro de um mesmo grupo, existe certa similaridade entre os genótipos de bananeira. Contudo, entre os grupos, pode-se inferir sobre a presença de variabilidade para os caracteres estudados, indicando que estes genótipos podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético da cultura.

CONCLUSÃO:

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

Instituição de Fomento: FAPESB

Palavras-chave: Melhoramento , Musa spp., Variabilidade Genética.