

C. Ciências Biológicas - 8. Genética - 5. Genética Vegetal

ANÁLISE SIMULTÂNEA DE CARACTERES QUANTITATIVOS E QUALITATIVOS EM GENÓTIPOS DE INHAME

Rangeline Azevedo da Silva ¹

Ricardo Franco Cunha Moreira ²

Simone Alves Silva ³

Angelo Gallotti Prazeres ⁴

1. Estudante de Graduação em Ciências Biológicas - CCAAB - UFRB

2. Prof. Dr. - CCAAB - UFRB - Orientador

3. Prof^a Dr^a - CCAAB - UFRB

4. Estudante de Doutorado - CCAAB - UFRB

INTRODUÇÃO:

O inhame pertence à família Dioscoreaceae, sua distribuição abrange as regiões de clima tropical como no Nordeste do Brasil. No Recôncavo da Bahia a cultura do inhame exerce um papel de destaque por gerar renda e fixar o homem ao campo. Os conhecimentos da estrutura populacional das espécies, suas características genéticas e demográficas, têm por finalidade a conservação e melhoramento genético das mesmas. O uso de técnicas multivariadas tem sido um dos fatores determinantes para o aumento nos estudos sobre diversidade genética. A análise e interpretação das variáveis quantitativas e qualitativas são feitas separadamente devido à falta de modelos matemáticos que associem as informações em uma única matriz de dados. Dessa maneira verificam-se várias discrepâncias em relação aos agrupamentos e às interferências relativas à quantificação da variabilidade genética entre os genótipos analisados. Mas com a metodologia proposta por Gower é possível a análise combinada de variáveis quantitativas e qualitativas. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre genótipos de *Dioscorea cayenensis* com base em marcadores fenotípicos através da análise simultânea de caracteres quantitativos e qualitativos.

METODOLOGIA:

Foram utilizados 209 genótipos pertencentes às áreas de produção dos municípios de São Felipe e Cruz das Almas. Os caracteres estudados referem-se à parte subterrânea da planta. Para a caracterização dos genótipos foram utilizados três descritores quantitativos (comprimento do rizóforo □ CR; largura do rizóforo □ LR e peso do rizóforo PR) e quatro multicategóricos (cor da casca □ CC; rizóforos subterrâneos □ RS; número de rizóforos □ NR e forma do rizóforo □ FR). As medidas de amostragens estabelecidas nos descritores foram seguidas de acordo com o International Plant Genetic Resources Institute e International Institute of Tropical Agriculture. Os dados foram submetidos à análise multivariada por meio do método aglomerativo - UPGMA. As distâncias genéticas foram estimadas pelo algoritmo de Gower. Foi calculado o coeficiente de correlação cofenético. Para a análise dos dados, quantitativos e qualitativos, foram utilizados os recursos computacionais dos programas R 2.6.2 e MEGA5.

RESULTADOS:

A análise simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas pelo algoritmo de Gower apresentou o maior coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de distância genética e a matriz de agrupamento. Obteve-se um dendrograma por meio do agrupamento UPGMA a partir dos caracteres qualitativos e quantitativos. O valor cofenético (CCC) foi alto ($r= 0,90$) e adequado, refletindo uma boa concordância com os valores de similaridade genética. O ponto de corte (0,32) definido pela média da matriz de agrupamento promoveu a formação de 15 grupos. A análise simultânea pelo algoritmo de Gower foi utilizada para representar graficamente a variabilidade dos genótipos de *Dioscorea cayenensis* pela sua maior eficiência em quantificar as diferenças entre eles. Os resultados demonstram a existência de variabilidade entre os genótipos estudados, podendo os mesmos serem

usados em programas de melhoramento genético. Desta forma, a análise de agrupamento, pode ser utilizada pelos melhoristas para expressar a variabilidade presente em um banco de germoplasma. A alta diversidade genética encontrada pode ser resultado, além da diversidade genética em si, da ação e da interação genótipo x ambiente, visto que o inhame possui ampla plasticidade fenotípica.

CONCLUSÃO:

A análise simultânea dos caracteres quantitativos e qualitativos, usando a distância de Gower como medida de dissimilaridade foi muito eficiente em avaliar a divergência genética entre os genótipos de *Dioscorea cayanensis*.

Palavras-chave: *Dioscorea* spp, melhoramento genético, algoritmo de Gower.