

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CURSO DE MESTRADO**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICO E ANÁLISE DE  
DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE BANANEIRA (Musa  
spp.)**

**VON DANIKEN DE JESUS LEAL**

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA  
JANEIRO - 2014**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICO E ANÁLISE DE DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE BANANEIRA (*Musa spp.*)**

**VON DANIEN DE JESUS LEAL**

Engenheiro Agrônomo  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), 2010

Dissertação submetida ao Colegiado de Curso do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais.

**Orientador: Prof. Dr. Sebastião de Oliveira e Silva**

**Co-orientador: Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira**

**Co-orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo**

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
MESTRADO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA – 2014

## FICHA CATALOGRÁFICA

Leal, Von Daniken de Jesus.

Seleção de descritores morfoagronômico e análise de dissimilaridade genética em acessos de bananeira (*Musa spp.*).– Cruz das Almas, 2014.

104 f. il.; 30 cm.

Orientador: Dr. Sebastião de Oliveira e Silva.

Co-orientador: Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

Co-orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, 2014.

1. Banana. 2. Melhoramento genético de planta. I. Silva, Sebastião de Oliveira e. II. Moreira, Ricardo Franco Cunha. III. Ledo, Carlos Alberto da Silva Ledo. IV. Universidade Federal da Bahia do Recôncavo da Bahia. VI. Título.

CDD: 634.772 – 21. ed.

CDU: 634.77



## **DEDICATÓRIA**

Dedico a minha família e principalmente a minha irmã Meirejane, por estarem ao meu lado em cada passo na construção dos meus sonhos.

## Agradecimentos

Agradeço a Deus aquele que me fortalece todos os dias e que me dar provas que com força e determinação tudo é possível.

Aos meus pais, Bartolomeu Leal e Nataildes Carvalho de Jesus, por estarem sempre ao meu lado.

A Universidade Federal de Recôncavo da Bahia, pela oportunidade de ingresso no Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais e consequente realização do curso de Mestrado.

Ao meu orientador, Professor Dr. Sebastião de Oliveira e Silva, que confiou em mim e me demonstrou que as dificuldades da vida vêm pra nos fortalecer e nos dar forças para encarar os desafios de cabeça erguida.

Aos meus co-orientadores, Professor Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira e Professor Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo pelo incentivo, companheirismo e ensinamentos durante o decorrer deste trabalho.

A todos os meus colegas de curso, pelo apoio durante o tempo de convivência nestes anos; especialmente a Elaine Cruz, Sandra Domingos, Antônio Leandro, Elaine Costa Cerqueira, Lauro Saraiva Lessa e David estagiário.

A minha amada Laize Fiuza e minhas eternas amigas Flavia Conceição Pinto, Sandra Pureza, Taina (prima), Marly e Irana.

A todos os Psicos em especial a Marcelo Brito, Fernando Nunes, Rogerio (Zooi), Jackson (Ducho), Rafael (Seco), Jaime, Julyelson e Adriano.

Aos funcionários da Embrapa: Bizunga, Francisco Paulo e Eliane do Laboratório de Fitopatologia.

E a todos que contribuíram direta ou indiretamente para o desenvolvimento deste trabalho, os meus agradecimentos de coração. Que o Senhor Deus continue iluminando a vida de todos. MUITO OBRIGADO.

# SUMÁRIO

Página

RESUMO

ABSTRACT

INTRODUÇÃO.....1

CAPÍTULO I

SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS NA CULTURA  
DA BANANEIRA (*Musa spp.*) POR MEIO DE TÉCNICAS  
MULTIVARIADAS.....25

CAPÍTULO II

AGRUPAMENTO DE ACESSOS DE BANANEIRA COM O USO DE  
CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E AGRONÔMICAS  
.....65

# SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICO E ANÁLISE DE DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE BANANEIRA (*Musa spp.*)

**Autora:** Von Daniken de Jesus Leal

**Orientador:** Sebastião de Oliveira e Silva

**Co-orientador:** Ricardo Franco Cunha Moreira

**Co-orientador:** Carlos Alberto da Silva Ledo

A banana (*Musa spp.*) é uma das fruteiras mais consumidas no mundo, e desempenha um papel importante para a economia de diversos países, gerando bilhões em renda, além do seu papel social que exerce na fixação do homem no campo e na geração de emprego rural, e apresentando grande relevância social e econômica. Porém, nessa cultura, existe inúmeros problemas fitossanitários, e também a necessidade de variedades comerciais mais produtivas. Esses problemas podem ser controlados pelo uso de variedades melhoradas, implicando na necessidade de geração de novas variedades de bananeira. O planejamento adequado de um programa de melhoramento só é possível com o conhecimento e uso da variabilidade do germoplasma disponível. O objetivo desse trabalho foi a seleção de descritores morfoagronômicos e análise de diversidade genética de acessos do banco ativo de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para a caracterização dos acessos de germoplasma de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura foram usados 91 descritores morfológicos e agrônômicos, sendo 70 qualitativos e 21 quantitativos. Foi realizada a identificação dos descritores redundantes, por meio do nível de entropia de Renyi para descritores qualitativos, e para os quantitativos usou-se a metodologia proposta por Jolliffe e levando-se em consideração a contribuição relativa de cada característica para a divergência genética, segundo o método proposto por Singh através do programa computacional GENES. Conclui-se que, dos 91 descritores usados, somente 68 são importantes na caracterização de germoplasma da bananeira. O descarte de 25,30% (oito quantitativos e quinze qualitativos) dos descritores não ocasiona perda de informação, minimiza custos de avaliação e dinamiza o



manejo de coleções de germoplasma da bananeira. O método de Gower foi eficiente na discriminação dos grupos, considerando a análise conjunta dos descritores estudados, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativos, quantitativos é viável e pode permitir uma maior eficiência no conhecimento da divergência genética entre acessos de bancos de germoplasma por considerar a influência resultante da interdependência entre as respectivas características.

**Palavras-chave:** Fruteira, melhoramento e variabilidade.

# **SELECTION AND ANALYSIS DESCRIPTORS MORPHOAGRONOMIC DISSIMILARITY GENETICS IN ACCESS OF BANANA (*Musa spp.*)**

**Author:** Von Daniken Jesus Leal

**Advisor:** Sebastião de Oliveira e Silva

**Co-supervisor:** Ricardo Franco Moreira Cunha

**Co-supervisor:** Carlos Alberto da Silva Ledo

**ABSTRACT:** The banana (*Musa spp.*) is one of the most consumed fruit in the world, and plays an important role in the economies of many countries, generating billions in revenue, in addition to its social role it plays in keeping people in the field and the generation of rural employment, and having great social and economic importance. However, in this culture, there are numerous pest problems, and also the need for more productive commercial varieties. These problems can be controlled by the use of improved varieties, implying the need to generate new varieties of banana. Proper planning of a breeding program is possible only with the knowledge and use of the variability of the germplasm available. The aim of this work was the selection of morphological descriptors and analysis of genetic diversity of accessions of banana active bank of Embrapa Cassava and Tropical Fruits. For the characterization of germplasm accessions of banana Embrapa Cassava and 91 morphological and agronomic descriptors were used, 70 qualitative and 21 quantitative. Identification of redundant descriptors was performed by means of the level of Renyi entropy for qualitative descriptors, and used for quantitative the methodology proposed by Jolliffe and taking into account the relative contribution of each characteristic to genetic divergence, according the method proposed by Singh through GENES software. We conclude that, of the 91 descriptors used, only 68 are important in the characterization of germplasm of banana. Disposal of 25.30% (eight quantitative and qualitative fifteen) of descriptors does not cause data loss, minimize evaluation costs and streamlines the management of germplasm collections of banana. The method

of Gower was effective in discriminating groups considering the joint analysis of the descriptors studied, demonstrating that simultaneous analysis of qualitative, quantitative data is feasible and may allow greater efficiency in knowledge of genetic divergence among genebank accessions by considering the influence resulting interdependence between their characteristics.

Keywords: Fruit, improvement and variability.

## INTRODUÇÃO

### 1. ASPECTOS GERAIS E IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DA BANANEIRA

A banana desempenha um papel importante dentre as frutas frescas no mundo e foi uma das frutas mais produzidas em 2009, com 97,4 milhões de toneladas, comercializadas que movimentaram aproximadamente US\$ 28 bilhões. E em 2011 sua produção mundial foi de 106.541.709 milhões de toneladas (FAO 2013). O Brasil ficou como o quinto maior produtor mundial, com cerca de 7.329.470 toneladas com área cultivada de 503.354 hectares (FAO, 2013). Em 2009, segundo dados da FAO (2011), o consumo anual dessa fruta foi de 11 quilos por habitante.

Praticamente toda a banana produzida é comercializada no mercado interno, no entanto, a Secretaria de Comércio Exterior (SECEX, 2013), informa que no ano de 2011 as exportações brasileiras de banana atingiram um montante de US\$ 39,2 milhões.

A bananicultura sempre foi uma das atividades agrícolas de grande importância pelo papel social que exerce na fixação do homem no campo e na geração de emprego rural (CORDEIRO e ALMEIDA, 2000). A banana apresenta grande relevância social e econômica, servindo como fonte de renda para muitas famílias de agricultores, gerando postos de trabalho no campo e na cidade e contribuindo para o desenvolvimento das regiões envolvidas em sua produção (FIORAVANÇO, 2003).

A bananicultura, além de possuir a fruta apreciada em todo o mundo, é a quarta cultura agrícola mais importante do planeta, superada apenas pelo arroz, trigo e milho. Em adição, sua fruta pode ser considerada uma fonte barata de energia, minerais e vitaminas (PINHEIRO et al., 2007).

A banana é cultivada em todos os Estados brasileiros, desde a faixa litorânea até os planaltos do interior (IBGE, 2013), embora a exploração econômica da cultura esteja concentrada nas regiões Nordeste, Sudeste e Norte. Os principais estados produtores nacionais, em ordem decrescente, são: São Paulo (1.354.528 toneladas), Bahia (1.239.650 toneladas), Minas Gerais (654.566 toneladas), Santa Catarina (650.518 toneladas), Pernambuco (545.707 toneladas), Pará (545.493 toneladas), Ceará (494.250 toneladas), Paraíba (243.595 toneladas), Paraná (243.595 toneladas) e Amazonas (96.239 toneladas), (IBGE, 2013).

As cultivares Prata, Pacovan, Prata Anã, Maçã, Mysore, Terra e D'Angola, são as cultivares mais difundidas no Brasil, são do grupo AAB, utilizadas unicamente para o mercado interno. E Nanica, Nanicão e Grande Naine, do grupo AAA, usadas principalmente no mercado para exportação. Em menor escala são plantadas 'Ouro' (AA), a 'Figo Cinza' e 'Figo Vermelho' (ABB), 'Caru Verde' e 'Caru Roxa' (AAA) (SILVA et al., 1999, 2000, 2002, 2013).

Na alimentação humana, a banana adquire importância não só por ser consumida em todas as faixas etárias, mas também pelo seu alto valor energético e conteúdo de vitaminas e sais minerais (ALVES, 1997). No que diz respeito ao seu valor alimentício, a fruta destaca-se pela boa quantidade de minerais como potássio (370 mg), sódio (1 mg), cálcio (8 mg), fósforo (26 mg), ferro (0,7 mg) e magnésio (33 mg) e vitaminas em destaque Vitamina A e C (190 UI e 10 mg respectivamente), Tiamina (0,05 mg), Riboflavina (0,06 mg) e Niacina (0,7 mg) (VILAS-BOAS et al., 2001, RANGEL et al., 2002).

A bananeira, planta tipicamente tropical, exige calor constante, precipitações bem distribuídas e elevada umidade para o seu bom desenvolvimento e produção. A temperatura ótima para o desenvolvimento das bananeiras comerciais situa-se em torno dos 28°C (TRINDADE, 2004).

Na cultura da bananeira ocorre a presença de inúmeros problemas fitossanitários, as principais pragas encontradas são a broca da bananeira, traça da bananeira, os nematóides, as lagartas de folhas e os tripses (MANICA, 1997). As doenças fúngicas constituem os principais problemas fitopatológicos da bananeira, entre elas destacam-se as sigatokas amarela e negra, mal-do-

Panamá. As enfermidades podem ser controladas pelo uso de variedades resistentes, controle cultural e químico (CORDEIRO, 2000).

A baixa produtividade está associada à falta de variedades comerciais que apresentem, concomitantemente, porte baixo, tolerância à seca e ao frio, boas características pós-colheita, entre elas a resistência ao despencamento do fruto e resistência às pragas e às principais doenças (sigatoka amarela e negra, mal-do-Panamá, moko e algumas viroses) (SILVA et al., 2002).

A bananicultura no Brasil apresenta muitos problemas, que impede uma participação mais expressiva da banana no mercado internacional. A produção no Brasil ainda segue padrões tradicionais de cultivo, com baixos investimentos de tecnologia e capital, o que gera conseqüentemente, baixa produtividade e frutos de qualidade inferior.

## 2. DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E BOTÂNICA

O cultivo da bananeira no mundo está situado geograficamente entre latitudes de 30° S e 30° N do Equador e as condições ótimas encontradas entre 15° de latitude ao Sul e ao Norte do Equador (SOTO BALLESTERO, 1992).

O cultivo da bananeira desenvolve-se preferencialmente em climas tropicais com boa disponibilidade hídrica e temperaturas variando de 15°C a 35°C, sendo as temperaturas ideais de crescimento de 18°C à noite e 25°C durante o dia (MOREIRA, 1999).

A bananeira é cultivada desde a faixa litorânea até os planaltos do interior do Brasil, embora a sua produção sofra restrições em virtude de fatores edafoclimáticos (DANTAS e SOARES FILHO, 2000).

A bananeira de frutos comestíveis (*Musa spp.*) é uma monocotiledônea da classe *Liliopsida*, subclasse *Liliidae*, superordem *Lilinae*, ordem *Zingiberales* (*Scitamineae*), família *Musaceae*, subfamília *Musoideae*, gênero *Musa*, seção *Eumusa* (SILVA et al., 2002). Na Família *Musaceae* se encontram as Subfamílias *Heliconioideae*, *Strelitzioideae* e *Musoideae* e esta última inclui, além do gênero *Ensete*, o gênero *Musa*, (STOVER, 1993; SIMMONDS, 1993).

A seção (Eu)*Musa* é a mais importante, pois além de ser formada pelo maior número de espécies do gênero, apresenta ampla distribuição geográfica e abrange as espécies de bananas comestíveis (DANTAS et al., 1997).

O gênero *Ensete* apresenta plantas monocárpicas e seus frutos não são comestíveis, são mais importantes como plantas ornamentais. Já o gênero *Musa* apresenta frutos partenocárpicos, isto é, de polpa abundante comestível e sem sementes (SIMÃO, 1998). O gênero *Musa* apresenta quatro subgêneros: *Australimusa*, *Callimusa*, *Rhodoclamys* e *Eumusa*, sendo que o último (conhecido também como *Musa*) tem 10 espécies de distribuição geográfica mais ampla, é o mais importante, pois a ele estão vinculadas todas as cultivares de frutos comestíveis de importância econômica que se conhecem no mundo (MANICA, 1997).

A bananeira é um vegetal herbáceo completo, pois apresenta caule (rizoma), raiz, folhas, flores, frutos e sementes e, perene, uma vez que novos perfilhos nascem da base da planta-mãe (BORGES; SOUZA; ALVES, 1999).

O caule é subterrâneo denominado rizoma, sendo o centro vital da bananeira, pois é nele que ocorre a formação das raízes, folhas, inflorescências e rebentos. É uma estrutura cônica, com eixo central curvo virado para cima e formado por muitos entrenós curtos. A partir dos nós existentes no rizoma surgem as raízes, enquanto da sua parte apical originam-se as folhas e a gema floral (MOREIRA, 1999; CASTRO, 1998; KLUGE, 1999).

O pseudocaulé, resultante da união das bainhas foliares, termina com uma copa de folhas longas e largas, com nervura central desenvolvida (MANICA, 1997).

O caule, geralmente com um diâmetro superior a 30 cm e de onde saem as raízes primárias, que formam um sistema radicular fasciculado. O rizoma tem na parte externa uma região “carnosa” e aquosa, denominada de córtex e outra região interna e fibrosa, que é o cilindro central, separada do córtex pelo câmbio. Um rizoma bem desenvolvido pode ter de 25 a 40 cm de diâmetro e de 6,9 a 11,5 kg, de acordo com a cultivar e a idade da planta (SOTO BALLESTERO, 1992). A maioria das raízes origina-se na parte superior do rizoma e aparece logo abaixo do meristema central, cresce através da zona cortical, sai ao exterior e estende-se na camada superficial do solo. O diâmetro das raízes varia de 5 a 10 mm, e a variação depende do tipo de variedade. Estas raízes podem atingir um comprimento de 5 a 10 metros, se elas não forem prejudicadas durante o crescimento (LAVILLE, 1964; BEUGNON e

CHAMPION, 1966). A ponta da raiz é frágil e está protegido por uma tampa gelatinosa (LAVILLE, 1964; LASSOUDIÈRE, 1971, 1978). Raízes Jovens são de cor branca e macia, mais tarde, elas adquirem amarelecimento e endurecem um pouco, mas mantem-se flexível e tornam-se escuras quando mais velha (SOTO BALLESTERO 2000). As raízes primárias são em forma de corda, brancas, “carnosas” e tenras quando novas; depois amarelecem; o seu diâmetro depende da cultivar e situam-se entre 5 a 8 mm, com um comprimento de 3 a 4 m; estas raízes têm numerosas radículas laterais com diâmetro de 2 mm aproximadamente, providas de pêlos absorventes que são responsáveis pela absorção da água e nutrientes. As raízes secundárias têm dominância apical, são em grande número, apresentam-se muito finas e são difíceis de ser observadas (BORGES et al., 2000).

Uma planta pode emitir de 30 a 70 folhas, com o aparecimento de uma nova folha a cada 7 a 11 dias, a largura da folha varia de 70 a 100 cm e o comprimento de 200 a 400 cm (SOTO BALLESTERO, 2000).

A folha da bananeira é constituída de 4 regiões: a bainha, o pecíolo, o limbo (dividido pela nervura central em dois semi limbos) e o agente precursor. A bainha da folha é longa, reta, com bordos retilíneos, salvo nas extremidades. O pecíolo inicia-se com a contração dos bordos da bainha; a seção do pecíolo é arredondada no lado inferior e apresenta um canal no lado superior (MANICA, 1998).

O cacho da bananeira é formado por pedúnculo (engajo), ráquis, pencas (mão), dedos (frutos) e botão floral (coração). O engajo ou pedúnculo da inflorescência é o alongamento do cilindro central do rizoma, iniciando-se no ponto de fixação da última folha e terminando na inserção da primeira penca (DANTAS et. al., 1999).

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).

A inflorescência é denominada rácimo ou “cacho” que é constituído pelo pedúnculo (engajo), pencas, ráquis (eixo primário onde estão inseridas as flores da inflorescência) e coração ou “mangará” (formado pelas flores



masculinas, com suas respectivas brácteas). As flores femininas apresentam ovário bem desenvolvido, ocupando 3/4 da flor, sendo que estas flores femininas dão origem aos frutos. Na parte mediana da inflorescência, encontram-se as flores hermafroditas, conhecidas como flores completas; elas podem dar origem a frutos, que geralmente são pequenos, mal formados e sem valor comercial. Na extremidade da inflorescência, estão as flores masculinas que sofrem abscisão na base do ovário abortivo e desprendem-se todas de uma vez (BORGES e OLIVEIRA.,2000).

O fruto da bananeira é uma baga carnosa resultante do desenvolvimento, geralmente partenocárpico, dos ovários das flores femininas de uma inflorescência.

As espécies silvestres e férteis cruzaram entre si resultando em mutações diversas com ausência de meiose ao nível dos gametas femininos, provocando a formação de indivíduos triploides e tetraploides (MANICA, 1997).

As cultivares de bananeira apresentam três níveis cromossômicos distintos: diplóide, triploide e tetraploide com dois, três e quatro múltiplos de número básico de 11 cromossomos ( $x=n$ ), respectivamente. Na evolução das bananeiras comestíveis participaram, principalmente, as espécies diplóides selvagens *Musa acuminata* (AA) e *Musa balbisiana* (BB) (SIMMONDS e SHEPHERD, 1955). De modo que cada cultivar deve conter combinações variadas de genomas dessas espécies parentais, cujas combinações resultam os grupos diplóides (AA, BB e AB), triploides (AAA, AAB e ABB) e tetraploides (AAAA, AAAB, AABB e ABBB) (COSTA, 2008).

### **3. GERMOPLASMA E MELHORAMENTO DA BANANEIRA**

As pesquisas de melhoramento da bananeira se iniciaram no Brasil em 1983 com o objetivo básico de 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 utilizando como parental feminino a cultivar Yangambi n° 2. (SILVA et al., 1998).

O objetivo do melhoramento genético de bananeira é melhorar diploides (AA) com o posterior cruzamento destes com triploides AAB e

tetraploides AAAB do tipo Prata e Maçã gerando respectivamente tetraploides AAAB e triploides AAB com características desejáveis.

Avanços no melhoramento genético de bananeira têm sido obtidos ao longo dos anos. No entanto, o desenvolvimento de híbridos com boas características agronômicas ainda é um desafio, em especial devido a problemas de esterilidade e baixa produção de sementes (AMORIM et al., 2011). Entretanto, uma avaliação criteriosa do germoplasma pode facilitar a obtenção de genótipos mais adequados.

Várias pesquisas já foram realizadas para descrever e classificar as principais cultivares de bananeira. No Brasil, os trabalhos que mais se destacam nesta área foram realizados por Shepherd et. al. (1984), Alves et. al. (1984), Moreira e Saes (1984), Alves (1990), ITAL (1990), Carvalho (1995), Creste (2003, 2004) e Jesus (2010). Em termos internacionais devem ser considerados os trabalhos de Cardenosa-Barriga (1965), Simmonds (1973), Haddad e Borges (1973), Champion (1975), Bhakthavatsalu e Sathiamorthy (1978), Valmoyor et. al (1981), Soto Ballesteros (1992), Nsabimana e Staden (2005), Venkatachalam et al. (2008), Li et al. (2010) e De Langhe et al. (2010). No entanto, são poucos os estudos que se avaliam a variabilidade no germoplasma como o de Jesus (2010) e Brandão (2011).

O planejamento adequado de um programa de melhoramento só é possível com o conhecimento e uso da variabilidade do germoplasma disponível.

Apesar do centro de origem da maior parte do germoplasma de banana estar localizado na Ásia, ocorrem centros secundários na África Oriental, em algumas ilhas do Pacífico e uma considerável diversidade genética na África Ocidental regiões com clima tropical quente e úmido (SHEPHERD, 1984).

Há informações que existem aproximadamente 180 variedades de bananas no planeta, e, no Brasil frutificam aproximadamente 35 variedades, distribuídas em bananeiras industriais, ornamentais e comestíveis (FAO, 2011).

A busca de cultivares resistentes por meio da seleção dentro dos recursos genéticos existentes nas coleções de germoplasma, ou pela geração de novas cultivares por hibridação é considerada o meio mais eficiente de controle de enfermidades (SILVA et al., 1998; SILVA et. al., 1999; SILVA et al.,

2003). Os problemas da bananeira podem ser em parte contornados pelo conhecimento da variabilidade disponível. Por isso, o pré-requisito dos programas de pesquisa objetivando produzir novas cultivares tem sido a formação, caracterização e avaliação de amplas coleções de germoplasma (DANTAS et al., 1993).

O pré-melhoramento realizado no germoplasma é uma etapa fundamental, já que visa à identificação, caracterização e posterior uso dos genótipos promissores em cruzamentos com o germoplasma elite (AMORIM et al., 2011).

Portanto, independentemente dos métodos utilizados para pleno êxito e sustentação, o melhoramento de plantas requer o uso de uma ampla variabilidade genética, a qual encontra-se em forma variável na natureza, mantida por seleção natural, como produto de mutações e/ou hibridações espontâneas (DANTAS et al., 2001).

O banco de germoplasma de banana da Embrapa possui aproximadamente 264 acessos dos quais 90% são cultivares e 10% espécies selvagens (PEREIRA 2011).

Uma lista completa do germoplasma de bananeira com a descrição de sinonímia, grupo genômico e procedência encontra-se no trabalho de Silva e Carvalho (1999).

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.

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 agronômicas favoráveis (OSELEBE, TENKOUANO e PILLAY, 2006).

Diploides melhorados são cruzados com cultivares triploides, que apresentam fertilidade parcial, para produção de híbridos tetraploides (SILVA et al., 1998).

Para um programa de melhoramento genético, economia de recurso e tempo são fatores que devem ser considerados, e é importante que os cruzamentos sejam efetuados entre genitores com elevada capacidade de combinação de acordo com Allard (1999).

#### **4. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA**

A caracterização é uma atividade essencial no manejo de coleções de germoplasma, pois consiste em aferir dados para descrever, identificar e diferenciar acessos dentro de espécies, classes ou categorias (QUEROL, 1984; VICENTE et al., 2005)

A caracterização agronômica no gemoplasma apresenta-se como uma ferramenta de grande importância no que se refere à obtenção de informações 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., 1999).

Esta caracterização é primordial na geração de conhecimentos sobre o germoplasma conservado em coleções, e permite um melhor manejo do recurso e fornecer subsídios ao melhoramento genético.

A Embrapa Mandioca e Fruticultura possui uma coleção de germoplasma de bananeira com acessos, obtidos a partir da introdução de germoplasma nacional e coletas internacionais (DANTAS et al., 1993).

A caracterização com uso de descritores morfoagronômicos (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999) dos acessos conservados na coleção de bananeira da Embrapa tem potencial para auxiliar o melhoramento genético da cultura, por meio da identificação de acessos com características agronômicas desejáveis, tais como: porte baixo, resistência a pragas, qualidade dos frutos.

Esse estudo, associado a análise da variabilidade tornam as informações muito mais adequadas.

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).

No Brasil, trabalhos de caracterização e avaliação de genótipos gerados no país e/ou introduzidos de outras regiões, confrontando-os com aqueles em uso pelos produtores, têm permitido a identificação dos mais promissores e sua recomendação aos produtores de distintas regiões do País (SILVA et al., 2000).

A caracterização utiliza-se do emprego de descritores botânicos morfoagronômicos, bioquímicos e moleculares. Os dados gerados dessa caracterização podem ser usados para diversos estudos genéticos, tais como: identificação, na conservação e na maior exploração da variabilidade genética da cultura, obtendo informações que contemplam o melhoramento genético (AMORIM et al., 2008).

O maior emprego de descritores morfológicos na caracterização de germoplasma se deve aos seguintes fatores: fácil aferição, baixo custo e por serem menos influenciados pelo ambiente que os caracteres agronômicos (VIEIRA, 2007), porém os agronômicos são de grande importância quando usados para a avaliação da dissimilaridade genética e uso no melhoramento genético.

A aplicação de novas estratégias no melhoramento de plantas é altamente dependente de informações genéticas disponíveis sobre a espécie. Em bananeira, a criação de bancos de dados do genoma de *Musa* spp. a exemplo do *DataMusa* (SOUZA JÚNIOR et al., 2005), deu o passo inicial para o melhor entendimento do genoma (SILVA et al., 2013).

## 5. DISSIMILARIDADE E ANALISES MULTIVARIADAS

O objetivo do estudo da divergência genética é elucidar relações genéticas, quantificar ou prever o nível de variabilidade total existente e sua distribuição entre e/ou dentro de unidades taxonômicas, quer elas sejam indivíduos, acessos de bancos de germoplasma, linhagens, cultivares, populações ou espécies (BOLDT, 2011)

Os estudos sobre a divergência genética entre indivíduos ou populações nas espécies vegetais são de grande importância em programas de melhoramentos genéticos que envolvem hibridações, pois conseguem fornecer parâmetros para a identificação de genitores que proporcionem maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes e híbridos geneticamente superiores (PASSOS et al., 2007). As diferenças morfológicas, fisiológicas e produtivas são levadas em consideração para quantificar as medidas de dissimilaridade (CRUZ, 2005). Com base nessa medida os indivíduos similares são agrupados e os demais são colocados em grupos separados (AAKER et al., 2001). A importância da avaliação da divergência genética é tamanha que, alguns autores a cita como critério básico para a escolha de genitores em programa de melhoramento, (MALUF *et al.*, 1983; MIRANDA *et al.*, 1988; DIAS e KAGEYAMA, 1997, VIDIGAL *et al.*, 1997, RIBEIRO *et al.*, 1999 e FERRÃO *et al.*, 2002).

As medidas de dissimilaridade mais utilizadas para estimar a diversidade genética são: a distância generalizada de Mahalanobis, a distância Euclidiana e a distância Euclidiana média em variáveis quantitativas; por outro lado para as variáveis qualitativas (multicategóricas e molecular) é utilizada a distância de Cole-Rodgers (BRANDÃO 2011).

Por tratar-se de uma análise unificadora que permite integrar as múltiplas informações das características extraídas das unidades experimentais, a estatística multivariada proporciona maior oportunidade de escolha de parentais divergentes em programas de melhoramento (DAS e GUPTA, 1984; JOHNSON e WICKERN, 1988).

As técnicas de análise multivariada possibilitam avaliar um conjunto de características, levando em consideração as correlações existentes que, por

sua vez, permitem que inferências sobre o conjunto de variáveis sejam feitas em um nível de significância conhecido (SANTOS, 2010)

A necessidade de entender o relacionamento entre as diversas variáveis aleatórias faz da análise multivariada uma metodologia com grande potencial de aplicação, principalmente na época atual com a computação eletrônica veloz e barata (JOHNSON & WICHERN, 1998).

Dentre os métodos multivariados mais utilizados em estudos de divergência em bananeira, estão os de agrupamento, que têm por finalidade reunir, por critérios de classificação, os genitores em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

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).

Entre as técnicas estatísticas multivariadas, encontram-se as variáveis canônicas e os métodos aglomerativos, tais como o método de Tocher e o hierárquico do "vizinho mais próximo" (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Para estimar o grau de semelhança é necessário considerar medidas que descrevem a dissimilaridade ou similaridade entre esses elementos amostrais, de acordo com as características que neles foram mensuradas (KARIA, 2008).

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 de Ward é atraente por se basear numa medida com forte apelo estatístico e por gerar grupos que, assim como os do método do vizinho, possuem uma alta homogeneidade interna (BARROSO & ARTES, 2003).

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

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).

A correlação cofenética é uma medida de validação muito usada nos métodos de agrupamento hierárquicos. A ideia básica é realizar uma comparação entre as distâncias efetivamente observadas entre os objetos e distâncias previstas a partir do processo de agrupamento (BARROSO e 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) que 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).

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 (HAZEL, 1943; WILLIAMS, 1962; CASTOLDI, 1997; CRUZ e REGAZZI, 2001; VILARINHO et al., 2003)

Assim, as técnicas multivariadas têm se mostrado úteis, por avaliar o indivíduo em vários aspectos e proporcionar uma visão holística de cada acesso como consideram Cruz *et al.* (2004).

Em visto do que foi exposto e considerando a importância do planejamento adequado de um programa de melhoramento com o conhecimento e uso da variabilidade do germoplasma disponível, esse trabalho teve por objetivo a seleção de descritores morfoagronômicos e análise de diversidade genética de acessos de bananeira.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ALLARD, R. W. **Principies of plant breeding**. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons, 1999. 254p.

ALVES, E.J.; SHEPHERD, K.; MESQUITA, A.L.M.; CORDEIRO, Z.J.M. Caracterização e avaliação de germoplasma de banana (*Musa* spp.). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 7., 1984, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: Sociedade Brasileira de Fruticultura/Empasc, 1984. p. 202-212.

ALVES, E. J. Principais cultivares de banana no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v.12, n.3, p.45-61, 1990.

ALVES, E. J. **A cultura da banana**: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais. Brasília: EMBRAPA, 1997.

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-CNPMP. 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 diploides de banana por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, p.1045-1052, 2008.

AMORIM, E.P; COHEN, K.O.; AMORIM, V.B.O.; PAES, N.S.; SOUZA, S.H.; SANTOS-SEREJO, J.A.; SILVA, S.O. Caracterização de acessos de bananeira com base na concentração de compostos funcionais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.41, n.4. p. 01-07, 2011. Disponível em: < <http://www.scielo.br/pdf/cr/2011nahead/a939cr2352.pdf> >. Acesso em: 06 dez. 2013.

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

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

BEUGNON, M.; CHAMPION, J. **Étudesur les racines du bananier**. Fruits 21, 309 – 327p, 1966.

BOLDT, A. S. Diversidade genética , adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja no Mato Grosso. Viçosa, 2011. 205p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2011.

BORGES, A. L.; OLIVEIRA, A. M. G. Nutrição, calagem e adubação. In: CORDEIRO, Z. J. M. **Banana produção**: aspectos técnicos. Brasília: EMBRAPA, 2000. p. 47-59.

BORGES, A. L.; SOUZA, L. da S.; ALVES, E. J. Exigências edafoclimáticas. In: CORDEIRO, Z. J. M. **Banana**: Produção: aspectos técnicos. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p. 17-23. (Frutas do Brasil, 1).

BRANDÃO, L. P. **Seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados**. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 69p. 2011.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. **Introdução à Análise de Agrupamentos**. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p. 1990.

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

CARVALHO, F.I.F. et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPel, 2001. 99p.

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

CASTRO, P.R.C.; KLUGE, R.A. (Coord.). **Ecofisiologia de fruteiras tropicais:** abacaxizeiro, maracujazeiro, mangueira, bananeira e cacaueteiro. São Paulo: Nobel, 1998. 111 p.

CHAMPION, J. **El plátano.** Barcelona: Blume, p.11- 41, 1975.

CORDEIRO, Z. J. M.; ALMEIDA, C. O. **Banana para exportação:** aspectos técnicos da produção. Brasília: EMBRAPA-SPI, 2000.

CORDEIRO, Z.J.M.. (Org.). **Banana Fitossanidade.** Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 121 p, 2000.

COSTA, J. R. M. **Viabilidade agro-econômica de genótipos de bananeira do tipo terra com resíduos orgânicos.** 2008. 98 f. Tese (Doutorado em Recursos Naturais) - Universidade Federal de Campina Grande, Campina Grande – PB, 2008.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; SILVA, S.O.; FIGUEIRA, A. Genetic characterization of banana cultivars (*Musa* spp.) from Brazil using microsatellite markers. **Euphytica**, Wageningen, v.132, n.3, p.259-268, 2003.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; VENCOSKY, 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**, Gatersleben, v.51, p.723-733, 2004.

CRUZ, C.D. REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.* Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1994. 394p.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. Diversidade genética. In: CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** Viçosa: UFV, v. 2, Cap. 6, p. 338-434. 2003.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Divergência genética**. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, p. 377 - 413.

DANTAS, J.L.L.et al. **Citogenética e melhoramento genético da bananeira** (*Musa spp*). Cruz das Almas, BA: EMBRAPA/CNPMPF, 1993. 61p.

DANTAS, J. L. L. Citogenética e melhoramento genético In: ALVES, E. J. (Ed.). **Acultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais**. Brasília:Embrapa/SPI, 1997. 107-150p.

DANTAS, A.C.V.L., DANTAS, J.L.L., ALVES, E.J. ESTRUTURA DA PLANTA. *IN: ALVES, E.J. (ORG.) A Cultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais*. 2. ed. Brasília: EMBRAPA-SPI, 1999, p. 47-60.

DANTAS, J. L. L.; SOARES FILHO, W. S. S. Classificação botânica, origem e evolução. In: CORDEIRO, Z. J. M. **Banana produção: aspectos técnicos**. Brasília: EMBRAPA, 2000. p.12-16.

DANTAS, J.L.L., SOARES FILHO, W. DOS S., OLIVEIRA, J.R.P., CABRAL, J.R.S., BARBOSA, L.V., CUNHA, M.A.P. DA, RITZINGER, R., SILVA, S. DE O. e. Melhoramento de fruteiras de clima tropical. *In: NASS, L.L., VALOIS, A.C.C., MELO, I.S. DE, VALADARES - INGLIS, M.C. (eds.) Recursos genéticos e melhoramento - plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, p. 479-547, 2001.

DE LANGHE, E.; CARPENTIER, S.; DOLEZEL, J.; SWENNEN, R. Did backcrossing contribute to the origin of hybrid edible bananas? **Annals of botany**. Prague. V.106, p.849-857, 2010.

DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y.; CASTRO, G. C. T. **Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao L.*)**. Agrotrópica, Itabuna, v. 9, p. 29 - 40, 1997.

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

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

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

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

FAO. **Food and agricultural organization**. 2011. Disponível em <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 5 maio 2011.

FAO – **Food and agricultural organization**. 2013. Disponível em: <<http://www.fao.org/economic/est/est-commodities/bananas/en//>>. Acesso em: 18 janeiro 2013.

FERRÃO, M. A. G. *et al*. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p. 1089 - 1098, 2002.

FIORAVANÇO, J. C. **Mercado Mundial da Banana**. 2003. Disponível em: <<http://www.iea.sp.gov.br/OUT/publicacoes/pdf/tec2-1003.pdf>>. Acesso em: 4 maio 2011.

HADDAD, G., O; BORGES, F.O. Los bananos en Venezuela: studio y descripción de clones de plátano y cambur. Maracay, Venezuela: Universidade Central de Venezuela, 106p. 1973.

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

IBGE. INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. LSPA, Levantamento sistemático da Produção Agrícola. 2012. Disponível em: < [http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa\\_2013.10.pdf](http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa_2013.10.pdf)>. Acesso em 04 de outubro de 2013.

IPIGRI – *International Plant Genetic Resources Institute*. **Descriptors for banana (*Musa spp.*)**. Editora FAOP-IPIGRI-INIBAP, Rome, 55p. 1996.

ITAL. **Banana**: cultura, matéria prima, processamento e aspectos econômicos. 3.ed. Campinas,. 302p. (ITAL. Frutas Tropicais, 3). 1990.

KLUGE, R.A. **Densidade e sistema de espaçamento de bananeiras „Nanicão“ (*Musa AAA Subgrupo Cavendish*)**. 1999. 105 p. Tese (Doutorado em Ciências) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

JESUS, O. N. **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.

JOHNSON, R.A. & WICKERN, D.W. *Applied multivariate statistical analysis*. Englewood Cliffs, Prentice Hall, 1988. 607p. JOHNSON, R. A; WICHERN, D. W. *Applied multivariate statistical analysis*. 4.ed. New Jersey: Prentice-Hall, inc., 1998, 816 p.

KARIA, C.T. **Caracterização genética e morfoagronômica de germoplasma de *Stylosanthes guianeses* (Aubl.) SW**. [manuscrito]. 2008 p. 50: Disponível em: <<http://pct.capes.gov.br/teses/2008/52001016006P5/TES.pdf>>. Acesso em: 16 fev. de 2011.

LAVILLE, E. **Etude de la mycoflore des racines du bananier "poyo"**. *Fruits*, 19, 435 – 449p. 1964.

MALUF, W. R.; FERREIRA, P. E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 1, n. 2, p. 31 - 34. 1983.

MANICA, I. **Fruticultura tropical. 4: banana**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 1997. 485p.

MANICA, I. **Bananas: do plantio ao amadurecimento**. Porto Alegre: Cinco Continentes, 1998. 98p.

MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p. 929 - 937, 1988.

MOREIRA, R.S.; SAES, L.A. Considerações sobre o banco de germoplasma do IAC. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 7., 1984, Florianópolis. **Anais**. Florianópolis: SBF/EMPASC, v.1, p.220-236. 1984.

MOREIRA, R.S. **Banana: teoria e prática de cultivo**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. 335 p. \_\_\_\_\_. **Banana: teoria e prática de cultivo**. 2.ed. São Paulo: Fundação Cargil, 1999. 1 CD-ROM.

NSABIMANA, A.; VAN STADEN, J. Characterization of the banana germplasm collection from Rubona-Rwanda. **Scientia Horticulture**, v.107, p.58-63, 2005.

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.

PASSOS, A.R. et al. Divergência genética em feijão-caupi. **Bragantia**, v.66, n.4, p.579-586, 2007. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v66n4/07.pdf>>. Acesso em: 24 nov. 2011.

PEREIRA V. M. **Variabilidade genética utilizando marcadores ssr e comportamento agrônômico de diploides melhorados de bananeira**. 2011. 83p. (Dissertação Mestre em Ciências Agrárias) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 2011.

PINHEIRO, A.C.M.; VILAS-BOAS, E.V.B.; ALVES, A.P. LASELVA, M. Amadurecimento de bananas 'maçã' submetidas ao 1-meilciclopropeno (1-MCP), **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.29, n.1, p.1-4, 2007.

QUEROL, D. **Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido**. Tradução Joselita Wasniewski. Rio de Janeiro: ASPTA, 1993. 206 p. 1984.

RANGEL, A.; PENTEADO, L.A.C.; TONET, R.M. **Cultura da banana**. 2ed. Campinas:CATI, 2002, 91p.

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

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A. R.; RAMALHO, M. A. P. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n 9, p.1615 - 1622, 1999.

SANTOS, D. B. **Análise multivariada para o agrupamento de genótipos de maracujazeiro, com o uso de dados morfológicos, agrônômicos e moleculares**. 2010. 58p. (Dissertação em fitotecnia) - Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Bahia, 2010.

SECEX. Secretaria de Comércio Exterior. Disponível em: <<http://www.portaldoesportador.gov.br>>. Acesso em: 05 dez. 2013.

SHEPHERD, K. **A bananeira taxonomia e morfologia**. In: SIMPOSIO BRASILEIRO SOBRE BANANICULTURA, 1, 1984, Jaboticabal, SP, Anais. Jaboticabal, SP: FCAVJ/UNESP, p. 50-74. 1984.

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

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



SILVA, S.O.; CARVALHO, P.C.L.; SHEPHERD, K.; ALVES, E.J.; OLIVEIRA, C.A.P.; CARVALHO, J.A.B.S. **Catálogo de Germoplasma de Bananeira (*Musa spp.*)**. Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas: CNPMF, 140p. 1999.

SILVA, S. de O. et al. Caracterização morfológica e avaliação de cultivares e híbridos de bananeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, n. 2, p. 161-169, 2000.

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

SILVA, S.O.; GASPAROTTO, L.; MATOS, A.P.; CORDEIRO, Z.J.M.; FERREIRA, C.F.; RAMOS, M.M.; JESUS, O.N. **Banana Breeding Program in Brazil - Recent Results**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2003. 39p.

SILVA, S. de O. e; AMORIM, E. P.; SEREJO, J. A. dos S.; FERREIRA, C. F.; RODRIGUEZ, M. A. D. Melhoramento genético da bananeira: estratégias e tecnologias disponíveis. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 35, n. 3, p. 919-931, Setembro 2013.

SIMÃO, S. **Tratado de fruticultura**. Piracicaba: FEALQ, 1998. 439 p.

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

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

SOTO BALLESTERO, M. **Cultivo y comercialización Del banano**. 2. ed. Tibás: LIL, 1992. 649 p.

SOTO BALLESTERO, M. Bananos: cultivo y co - mercialización. 2nd ed. San José: Imprenta Lil, 2000. 1 CD- Rom.

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-CNPMPF, p. 151-195. 1999.

SOUZA, J. da S.; TORRES FILHO, P. Mercado. In: ALVES, E. J. (Org.) **A cultura da banana: aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais**. 2.ed., Brasília: Embrapa-SPI / Cruz das Almas: Embrapa-CNPMPF, 1999.525-543 p.

STOVER, R. H.; SIMMONDS, N. W. **Bananas**. 3. ed. Essex: Longman, 1993. 534 p.

TRINDADE A.V. *et al.* **O Cultivo da Bananeira**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 279p, 2004.

VENKATACHALAM, L.; SREEDHAR, R.V.; BHAGYALAKSHMI, N. The use of genetic markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and phylogenetic relationships among banana cultivars. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. v.47. p.974-985, 2008.

VICENTE, M. C.; GUZMÁN, F. A.; ENGELS, J.; RAMANATHA RAO, V. Genetic Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: The Role of Biotechnology, 2005. Turin. **Proceedings...**, Turin: [s.n.], 121-128. 2005.

VIDIGAL, M. C. G. *et al.* Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 56, p. 263 - 271, 1997.

VIEIRA, E. A; FIALHO, J.F.; FALEIRO, F.G. **variabilidade genética do banco ativo de germoplasma de mandioca do cerrado por meio de descritores morfológicos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. p.27 (Boletim de Pesquisa e desenvolvimento).

VILAS BOAS, E.V.; ALVES, R.E.; FILGUEIRAS, H.A.C.; MENEZES, J.B. Características da fruta. In: MATSUURA, F.C.A.U.; FOLEGATTI, M.I.S. **Banana pós-colheita**. Embrapa Mandioca e Fruticultura. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 15-19p. 2001.

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.

# CAPÍTULO I

SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS NA CULTURA DA  
BANANEIRA (*Musa* spp.) POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS.

# SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS NA CULTURA DA BANANEIRA (*Musa spp.*) POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS.

**Autora:** Von Daniken de Jesus Leal

**Orientador:** Sebastião de Oliveira e Silva

**Co-orientador:** Ricardo Franco Cunha Moreira

**Co-orientador:** Carlos Alberto da Silva Ledo

**RESUMO:** O objetivo deste trabalho foi a seleção de descritores morfoagronômicos na cultura da bananeira por meio de técnicas multivariadas e otimizar o uso desta técnica a fim de fornecer informações úteis e confiáveis para o programa de melhoramento genético e conservação da espécie. A caracterização fenotípica foi realizada em 67 acessos, utilizando 91 descritores. Esses genótipos são provenientes da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizada no município de Cruz das Almas – BA. Foram usados 21 descritores quantitativos e 70 qualitativos. A seleção dos descritores foi realizada por meio de análise de componentes principais (quantitativo) e por entropia (qualitativos). A eficiência de eliminação foi analisada por um estudo comparativo entre os componentes formados, levando em consideração todos os 91 descritores. Os descritores: desenvolvimento das mudas, tonalidade da cor verde, posição das folhas, tonalidade da cor da região dorsal do pecíolo, cor dorsal do limbo jovem, tamanho do ápice, forma do ápice, aderência da casca, duração, cor da base, presença de antocianina, forma do apículo, antocianina no estilo, relação estilo perigônio, antocianina no ovário, perímetro do pseudocaule, comprimento do pecíolo, largura máxima do limbo, Número de Pencas, calibração lateral, comprimento do pedicelo, diâmetro ráquis masculina e média dos 50 primeiros entrenós se apresentaram como redundantes na caracterização de germoplasma da bananeira e foram descartados. Conclui-se que o descarte de 25,30% (oito quantitativos e quinze qualitativos) dos descritores não causou perda de informação, porém, minimiza custos e dinamiza o manejo de coleções de germoplasma da bananeira.

**Palavras-chave:** Entropia, variabilidade, genótipos.

# **SELECTION OF WORDS IN MORPHOAGRONOMIC BANANA (*Musa spp.*) THROUGH TECHNICAL MULTIVARIATE.**

**Author:** Von Daniken Jesus Leal

**Advisor:** Sebastião de Oliveira e Silva

**Co-supervisor:** Ricardo Franco Moreira Cunha

**Co-supervisor:** Carlos Alberto da Silva Ledo

**ABSTRACT:** The objective of this work was the selection of morphoagronomic descriptors in banana plantations by means of multivariate techniques and optimize the use of this technique to provide useful and reliable program for genetic improvement and conservation of the species information. Phenotypic characterization was performed in 67 accessions, using 91 descriptors. These genotypes are from Embrapa Cassava & Fruits, located in Cruz das Almas - BA. 21 quantitative and 70 qualitative descriptors were used. The selection of descriptors was performed using principal component analysis (quantitative) and entropy (qualitative). The removal efficiency was analyzed by a comparative study of the formed components, taking into account all 91 descriptors. The descriptors: development of seedling, shade of green, leaf position, the color tone of the dorsal region of the petiole, dorsal color of the young limb, size of the apex, apex shape, grip the bark, duration, base color, presence anthocyanin, apiculus shape, anthocyanin in style, relationship Perianth style, anthocyanin in ovary, perimeter pseudostem, petiole length, maximum width of limbo, number of hands, lateral calibration, length of pedicel, male rachis diameter and average 50 the 1st internodes are presented as redundant in germplasm characterization of banana and were discarded. It is concluded that the disposal of 25.30% (eight quantitative and qualitative fifteen) of the descriptors did not cause loss of information, however, minimizes costs and streamlines the management of germplasm collections of banana.

**Keywords :** Entropy , variability, genotypes .

## INTRODUÇÃO

A bananicultura é uma atividade de elevada importância econômica e social, não somente responde pela produção de alimento básico para as populações carentes de diversos países, mas também por estar presente na mesa de todas as camadas sociais da população (FERREIRA, 2003).

Esta fruta assume importância social e econômica em mais de 80 países, principalmente em pequenas propriedades (SILVA et al. 2002, SENA, 2011).

Apesar da importância da bananicultura, poucas cultivares estão disponíveis para exploração comercial com potencial agrônomo, tolerantes às pragas e doenças, e que apresentem frutos com boas características de mercado (SILVA et al. 2013).

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).

A caracterização agrônoma de diploides melhorados, assim como a estimativa da variabilidade genética disponível para o melhoramento são informações úteis, tanto na escolha de genitores 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).

A caracterização de espécies vegetais tem sido realizada com o auxílio de listas de descritores botânicos, morfológicos e agrônomicos, os quais muitas vezes são utilizados sem critérios relativos à sua contribuição real para a variabilidade, provocando, assim, aumento de tempo e mão-de-obra na caracterização das plantas (OLIVEIRA et al., 2006). Dessa maneira, a eliminação dos descritores redundantes é vantajosa por reduzir o trabalho de coleta dos dados e evitar ambiguidade na avaliação dos mesmos (PEREIRA et al., 1992).

A utilização das técnicas de análise de agrupamento se apresenta como uma solução para agrupar e/ou descrever um grupo de indivíduos. Tendo

em vista que elas consideram, simultaneamente, todo o conjunto de descritores avaliados. Assim, as análises multivariadas, são ferramentas úteis para a identificação de descritores com maior conteúdo informativo para caracterização de germoplasma e melhoramento genético, uma vez que fornece informações para eliminar características que contribuem pouco para variação total (CRUZ et.al. 2004).

O objetivo desse trabalho foi avaliar características morfoagronômicas em 67 acessos de bananeira do BAG da Embrapa – Cruz das Almas, assim como estimar os descritores que mais auxiliam na dissimilaridade dos acessos. Desta forma eliminando os descritores redundantes, acarreta na redução do tempo e mão de obra dos trabalhos e evita ambiguidade na avaliação dos mesmos.



## MATERIAL E MÉTODOS

### 1. Descrição do germoplasma

Para este trabalho foram utilizados dados de caracterização morfoagronômicos, publicados no Catalogo de Germoplasma de Bananeira da Embrapa (SILVA et. al; 1999) onde foram usados 91 descritores morfoagronômicos em 67 acessos do germoplasma de bananeira mantidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, no município de Cruz das Almas (BA).

### 2. Caracterização morfoagronômica

A caracterização foi realizada em Cruz das Almas, situada 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, 2011).

Foram utilizados 91 descritores morfoagronômicos propostos pelo IPGRI (1996) e Silva et al. (1999), com forme tabela 02, assim, os dados dos descritores usados no catalogo corresponderam a 21 agrônômicos (quantitativos) e 70 morfológicos (qualitativos).

O número de plantas avaliadas variou de uma a cinco repetições (plantas por acesso), sendo cada observação representada pela mensuração feita em cada caráter. Para evitar distorção dos dados o estágio de avaliação das plantas foi padronizado, sendo avaliadas quando a inflorescência já tinha sido emitida e o coração media aproximadamente de 15 cm. A avaliação foi realizada no primeiro ciclo. Para os dados quantitativos foi calculada a média e para os qualitativos a moda.

**Tabela 01.** Acessos de bananeira da coleção de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, indicando nome do acesso, nível de ploidia, código no Bag, sinonímia e procedência. Cruz das Almas, 2013.

<b>Acesso</b>	<b>Ploidia</b>	<b>Código</b>	<b>Sinonímia</b>	<b>Origem/ Procedência</b>
<b>Ambwi</b>	AA	BRA002534/SF203	-	França
<b>Angoyee</b>	AA	-	-	-
<b>Arbatum</b>	AA	-	-	-
<b>Bie Yeng</b>	AA	BRA002976/SF247	-	-
<b>F<sub>2</sub> P<sub>2</sub></b>	AA	BRA003522/SF503	-	Equador
<b>Fako Fako</b>	AA	BRA003107/SF264	-	Nova Guiné
<b>Fytopi</b>	AA	BRA002810/SF231	-	Nova Guiné
<b>Guyod</b>	AA	BRA002046/11-33	-	Honduras
<b>Hon</b>	AA	BRA004529/SF717	-	Tailândia
<b>Jari Buaya</b>	AA	BRA002071	Mu- Chorakhe	Honduras
<b>Khai</b>	AA	BRA004782/SF742	-	Tailândia
<b>Khai Nai On</b>	AA	BRA004642/SF728	-	Tailândia
<b>Khi Maeo</b>	AA	BRA004391/SF704	-	Tailândia
<b>Kugey</b>	AA	-	-	-
<b>Kumburgh</b>	AA	BRA002747/SF224	-	Nova Guiné
<b>Maroona</b>	AA	-	-	Nova Guiné
<b>Nba 14</b>	AA	BRA2658/SF215	-	Nova Guiné
<b>Nbb 11</b>	AA	BRA003026/SF265	-	Nova Guiné
<b>Nbc 20</b>	AA	BRA002780/SF008	-	Nova Guiné
<b>Nbf9</b>	AA	BRA002955/SF225	-	Nova Guiné
<b>Palen Berry</b>	AA	BRA004472/SF712	Thong Dok Mark	Tailândia
<b>Popongow</b>	AA	-	Jari Buaya	Honduras
<b>Raja Uter</b>	AA	BRA005053/SF917	Rojo Uter	Indonésia
<b>S/ N° 1</b>	AA	-	-	Nova Guiné
<b>Sowmuk</b>	AA	BRA002577/SF207	-	Nova Guiné
<b>TA</b>	AA	BRA003018/SF251	-	Nova Guiné
<b>Ambey</b>	AAA	BRA002534/SF203	-	Nova Guiné
<b>Amritsagar</b>	AAA	BRA002291/SF408	-	-
<b>Bagul</b>	AAA	BRA003077/SF256	Sampo	Nova Guiné
<b>Bakar</b>	AAA	BRA005118/SF923	-	Indonésia
<b>Dengree</b>	AAA	BRA002763/SF226	-	Nova Guiné
<b>Lai</b>	AAA	-	Caru Verde	-
<b>Lakem</b>	AAA	-	-	-
				continuação...

<b>Acesso</b>	<b>Ploidia</b>	<b>Código</b>	<b>Sinonímia</b>	<b>Origem/ Procedência</b>
Tabela 01. Continuação.				
<b>Leewarp</b>	AAA	BRA002992/SF249	-	-
<b>Maida</b>	AAA	BRA003646/	-	Costa Rica
<b>Morong</b>	AAA	BRA2623/SF212	-	Nova Guiné
<b>Muga</b>	AAA	BRA003140/SF270	-	Nova Guiné
<b>Nanicao PS. Roxo</b>	AAA	BRA001023	-	-
<b>Pagatow</b>	AAA	BRA002569/SF206	-	Nova Guiné
<b>Prata Roxa</b>	AAA	-	Caru Roxa	-
<b>Roombum</b>	AAA	BRA002283/SF290	-	
<b>Sala Rosa</b>	AAA	-	-	-
<b>Siminarook</b>	AAA	BRA002526/SF202	-	Nova Guiné
<b>Tamba</b>	AAA	BRA002933/SF243	-	Nova Guiné
<b>Wasolay</b>	AAA	BRA2925/SF242	-	Nova Guiné
<b>Who-Gu</b>	AAA	BRA002607/SF210	-	Nova Guiné
<b>AAB s/ Nome</b>	AAB	-	-	Honduras
<b>Kapoosnarootoo</b>	AAB	BRA003174/SF279	-	Nova Guiné
<b>Lady Finger</b>	AAB	BRA0017831SF401	-	-
<b>Maça Buriti</b>	AAB	BRA003638/	-	-
<b>Malbhog</b>	AAB	BRA004022/SF311	-	França
<b>NBB20</b>	AAB	BRA002941/SF244	-	Nova Guiné
<b>Rois</b>	AAB	BRA004073/SF316	-	França
<b>Slendang</b>	AAB	BRA004961/SF909	-	-
<b>Abu Perak</b>	ABB	-	Ice Cream	França
<b>Champa Madras</b>	ABB	BRA004111/SF320	Tip Kham	França
<b>Figo Cinza</b>	ABB	BRA000922	Pão	BR/IAC-SP
<b>Ice Cream</b>	ABB	BRA002232/SF411	Abu Perak	Haway
<b>Kepok Bung</b>	ABB	BRA004901/SF902	-	Indonésia
<b>Khom Nak</b>	ABB	-	Namwa Khom	-
<b>Muisa Tia</b>	ABB	BRA004138/SF322	Gia Hui	França
<b>Namwa Daeng</b>	ABB	BRA004863/SF460	Awak	Tailândia
<b>Namwa Khom</b>	ABB	BRA004456/SF710	-	Tailândia
<b>Pitogo</b>	ABB	-	-	-
<b>Saba</b>	ABB	BRA004278	-	Costa Rica
<b>Saba I</b>	ABB	-	Zantna	Honduras
<b>Tai</b>	ABB	BRA004651/SF729	Gia Hui	Tailândia

-. informações disponíveis; No Catalogo de Germoplasma de Bananeira da Embrapa (Silva et. al; 1999).

### 3. Análises estatísticas

Foi realizada uma análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas. Para a seleção dos descritores qualitativos foram calculadas as frequências percentuais de cada categoria e o nível de entropia dos caracteres por meio do coeficiente de entropia de Renyi (RENYI, 1961)

Para os descritores quantitativos, foi realizada a identificação dos descritores redundantes, por dois procedimentos: 1) seleção direta, proposta por Jolliffe (1972, 1973), e 2) Seleção baseada no coeficiente de Singh (1981), por meio do programa computacional GENES (CRUZ, 2008).

Tabela 02. Descritores utilizados em acessos de bananeira mantidos na coleção de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas, 2013.

<b>DESCRITORES AGRONOMICOS (QUANTITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Altura da Planta</b>	(APL - m)	Medida da base da planta até a inserção da inflorescência.
<b>Perímetro do Pseudocaule</b>	(PPS - cm)	Mediu-se o contorno do pseudocaule ou seja, a soma de todos os lados
<b>Comprimento do Pecíolo</b>	(CPC - cm)	Medida a partir do ponto de saída da folha no pseudocaule até a base do limbo.
<b>Comprimento do Limbo</b>	(CPL - cm)	Medida da base até ápice do limbo.
<b>Largura Máxima do Limbo</b>	(LML - cm)	Realizada na parte mediana mais larga da folha.
<b>Comprimento do engaço</b>	(CPR - cm)	Mediu-se desde saída da inflorescência no pseudocaule até a primeira penca do cacho.
<b>Diâmetro do Engarso</b>	(DIA - mm)	Medida na região mediana do engaço.
<b>Número de Pencas</b>	(NPE)	Contou-se o número de pencas no cacho.
<b>Entrenó Médio</b>	(EME - mm)	Posicionou-se uma fita métrica entre a primeira e a última penca, contou-se o número de entrenós, dividindo-se o comprimento obtido pelo número de entrenós.

continua...

Tabela 02. Continuação

<b>DESCRITORES AGRONOMICOS (QUANTITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Dedos por Penca</b>	(DPC)	É contado o número de dedos que compõe a segunda penca.
<b>Comprimento do fruto sem Pedicelo</b>	(CSP - cm)	Usa-se uma fita metrica e faz a medição do fruto sem peciolo.
<b>Calibração Lateral</b>	(CLT - mm)	Medida mensurada posicionando-se o paquímetro nas laterais do fruto.
<b>Calibração Radial</b>	(CRA - mm)	Medida do fruto posicionando nas regiões anterior (superior) e posterior (inferior), aproximadamente na metade do fruto.
<b>Comprimento do Pedicelo</b>	(CPD - mm)	Medida feita no sentido vertical do fruto do inicio ao final do pedicelo.
<b>Diâmetro do Pedicelo</b>	(DPD - mm)	Medida obtida no sentido horizontal do pedicelo.
<b>Diâmetro Ráquis Masculina</b>	DRM=DIA <sup>1</sup> - mm)	Medido a partir de um entrenó na região mediana da ráquis.
<b>Elevação das Almofadas</b>	(EAL - mm)	Correspondem às cicatrizes deixadas pelas brácteas, são medidas 16 almofadas do início, meio e fim da ráquis masculina.
<b>Média dos 50 Primeiros Entrenós</b>	(MPE - mm)	Faz-se a medição da raquis masculina, correspondente aos primeiros 50 entrenós em seguida calcula-se a média.
<b>Relação Comprimento/Largura Coração</b>	(RCC= RCL <sup>2</sup> )	É estabelecida pela relação entre o comprimento (medido da base até o ápice do coração) e o diâmetro (obtido na altura do ombro com um auxílio de um parquímetro).
<b>Índice do Ombro</b>	(IDO)	É obtido a partir da formula $h$ (distância do ombro até o ápice)/ $H$ (distância da base até o ápice).

continua...

Tabela 02. Continuação.

<b>DESCRIPTORES AGRONOMICOS (QUANTITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Relação Comprimento/Largura Bracteas</b>	(RCB=RCL <sup>3</sup> )	O comprimento será medido desde o ponto de inserção da bráctea da ráquis masculina até a ápice da mesma. Deve ser escolhida a bráctea mais velha.
<b>DESCRIPTORES MORFOLOGICOS (QUALITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>Avaliação</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Vigor</b>	VIG	1-Inferio; 2-Médio; 3-Bom; 4-Exelente
<b>Roseta da Coroa</b>	RDC	1-Forte; 2-Fraca; 3-Ausente
<b>Desenvolvimento das Mudanças</b>	DMU	1-Bom; 2-Atrasado; 3-Muito Atrasado
<b>Tonalidade da Cor Verde</b>	TCV	1-Pálida; 2-Amarelada; 3-Clara; 4-Escura
<b>Cerosidade</b>	CER	1-Muita; 2-Média; 3-Pouca; 4-Ausente
<b>Cor das Manchas Escuras</b>	CME	1-Preta; 2-Marrom-escuro; 3-Marrom-claro; 4-Marrom-pálido
<b>Densidade das Manchas Escuras</b>	DME	1-Contínua; 2-Alta; 3-Difusa; 4-Discreta; 5-Baixa; 6-Muito Baixa
<b>Antocianina Externa</b>	AEX	1-Contínua; 2-Forte na Base; 3-Média; 4-Ausente
<b>Cor Interna das Bainhas</b>	CIB	1-Púrpura; 2-Vermelha; 3-Rosada; 4-Pálida; 5-Verde
<b>Posição das Folhas</b>	PDF	1-Ereta; 2-Pendente; 3-Arcada
<b>Forma da Base</b>	FDB	1-Alada com Rugas; 2-Alada sem Rugas; 3-Não Alada; 4-Fechada
<b>Margem da Base</b>	MDB	1-Muito Escariosas; 2-Pouco Escariosas; 3-Não Escariosas
<b>Forma das Margens</b>	FMA	1-Bem Aberta; 2-Pouco Aberta; 3-Erecta; 4-Pouco Fechada; 5-Fechada
<b>Cor das Margens</b>	CMA	1-Púrpura; 2-Vermelho-rosada; 3-Verde; 4-Marrom
<b>Largura da Faixa Colorida</b>	LFC	1-Larga; 2-Estreita; 3-Uma Linha; 4-Insignificante
<b>Tonalidade da Cor da Região Dorsal do Pecíolo</b>	TDP	1-Bem Escura; 2-Pouco Escura; 3-Não Escura
<b>Cor Dorsal da Nervura</b>	CDN	1-Muito Colorida; 2-Pouco Colorida; 3-Verde
<b>Cor Ventral da Nervura</b>	CVN	1-Púrpura; 2-Vermelha; 3-Rosada; 4-Verde

Continua...

Tabela 02. Continuação.

<b>DESCRITORES MORFOLOGICOS (QUALITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Cor Dorsal do Limbo Jovem</b>	CDL	1-Púrpura; 2-Verde
<b>Cor Juvenil</b>	CJU	1-Tingido de Vermelho; 2-Verde-escuro; 3-Verde-claro
<b>Pubescência</b>	PBE	1-Densa e Comprida; 2-Densa e Curta; 3-Bastante Esparsa; 4-Esparsa; 5-Ausente
<b>Flexão das Pencas</b>	FLP	1-Bem Recurvadas; 2-Medianamente Recurvadas; 3-Pouco Recurvadas
<b>Seção Transversal</b>	STR	1-Fortemente Pentagona; 2-Fracamente Pentagona; 3-Arredondada
<b>Tamanho do Ápice</b>	TODA	1-Comprido; 2-Curto; 3-Insignificante
<b>Forma do Ápice</b>	FDA	1-Gargalo Largo; 2-Gargalo Estreito; 3-Afilado; 4-Outros
<b>Forma dos Estilos Persistentes</b>	FOP	1-Mais ou Menos Vivos; 2-Bases Duras; 3-Completamente Secos; 4-Ausente
<b>Cor da Casca</b>	CDC	1-Verde-escuro; 2-Verde-claro; 3-Amarelada; 4-Púrpura; 5-Marrom-claro; 6-Cinza
<b>Cor da Polpa</b>	CPO	1-Esbranquiçada; 2-Amarelada; 3-Creme; 4-Laranja
<b>Cor da casca furto amadurecido</b>	CDZ	1-Amarelo-pálido; 2-Amarela; 3-Amarelo com Laranja; 4-Vermelho-rosada; 5-Marrom-Pálida; 6-Verde-Amarelo
<b>Espessura da Casca</b>	ECA	1-Espessa; 2-Média; 3-Fina
<b>Aderência da Casca</b>	ADC	1-Aderente; 2-Não Aderente
<b>Fragilidade de Base</b>	FRB	1-Frágil; 2-Pouco Frágil; 3-Não Frágil
<b>Cor da Polpa Fruto Amadurecido</b>	CFA	1-Branca; 2-Branca-Fosca; 3-Cinzenta; 4-Creme; 5-Amarelada; 6-Alaranjada ou Rosada
<b>Consistência de Polpa</b>	COP	1-Dura; 2-Macia; 3-Mole; 4-Farinhosa
<b>Aroma da Polpa</b>	ARP	1-Aromática; 2-Pouco Aromática; 3-Não Aromática
continua...		

Tabela 02. Continuação.

<b>DESCRITORES MORFOLOGICOS (QUALITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Sabor da Polpa</b>	SPO	1-Açucarada; 2-Doce; 3-Acida; 4-Forte; 5-Insípida
<b>Forma de Consumo</b>	FDC	1-Crua; 2-Cozida; 3-Frita; 4-Compota
<b>Duração</b>	DUR	1-Muito Breve; 2-Menor do que o Período de Maturação dos Frutos; 3-Igual ao Período de Maturação dos Frutos; 4-Maior do que o Período de Maturação dos Frutos
<b>Posição</b>	POS	1-Vertical; 2-Inclinada; 3-Recurvada; 4-Horizontal
<b>Persistência dos Restos Bracteais e Florais</b>	PBF	1-Muita; 2-Média; 3-Pouca; 4-Só Flores Neutras; 5-Ausente
<b>Coloração da Ráquis</b>	CRQ	1-Verde-escuro; 2-Verde com Outras Cores na Parte Jovem; 3-Verde com Outras Cores nas Almofoadas; 4-Verde
<b>Forma Visual</b>	FVI	1-Delgada; 2-Lanceolada; 3-Ovada; 4-Ovado largo; 5-Truncada
<b>Curvatura Abaixo do Ombro</b>	CAO	1-Convexa; 2-Reto; 3-Côncava
<b>Forma do Ápice Coração</b>	FAC	1 - Aguda; 2-quase Aguda; 3-Obtusa; 4-Arredondada
<b>Imbricação</b>	IMB	1-Muito Imbricadas; 2-Medianamente Imbricada; 3-Pouco Imbricada; 4-Não Imbricadas
<b>Forma do Ápice Bractea</b>	FAB	1-Aguda; 2-Quase aguda; 3-Quase obtusa; 4-Obtusa; 5-Arredondada
<b>Enrolamento</b>	ENR	1-Muito; 2-Médio; 3-Pequeno; 4-Insignificante
<b>Cerosidade</b>	CEC	1-Muita; 2-Média; 3-Insignificante
<b>Matiz Externa</b>	MEX	1-Vermelho-claro; 2-Vermelho-escuro; 3-Púrpura; 4-Violeta; 5-Verde-amarelo

continua...



Tabela 02. Continuação

<b>DESCRITORES MORFOLOGICOS (QUALITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Ocorrência de Outras Cores</b>	OOO	1-Verde-amarelo; 2-Marrom-pálido; 3-Cor Única
<b>Matiz Interna</b>	MIN	1-Vermelho-escuro; 2-Vermelho-claro; 3-Vermelho-claro-brilhante; 4-Púrpura-escuro; 5-Púrpura-claro-embassado; 6-Rosada; 7-Verde-amarelo
<b>Mancha Amarela Apical</b>	MAA	1-Forte; 2-Fraca; 3-Ausente
<b>Cor da Base</b>	CDB	1-Branca; 2-Creme; 3-Amarela
<b>Presença de Antocianina</b>	PAN	1-Ausente; 2-Na Parte Basal; 3-Presença de Listras; 4-Coloração uniforme
<b>Cor dos Lóbulos</b>	CLO	1-Laranja; 2-Laranja-amarelado; 3-Amarela; 4-Amarelo-pálido
<b>Relação com o Perigônio</b>	RCP	1-Maior do que sua Metade; 2-Sua Metade; 3-Menor do que sua Metade
<b>Cor</b>	COR	1-Incolor; 2-Branco-opaco; 3-Amarelada; 4-Rosada
<b>Forma do Apice Espessura da Casca</b>	FDM	1-Retangular; 2-Triangular; 3-Ovada; 4-Arredondada; 5-Navicular
<b>Rugas Transversais</b>	RTR	1-Forte; 2-Médias; 3-Fracas; 4-Insignificantes
<b>Forma do Apículo</b>	FAP	1-Larga; 2-Estreita
<b>Cor Posterior do Estame</b>	CPE	1-Branca; 2-Creme; 3-Amarelo-claro; 4-Amarelo-opaco; 5-Preta
<b>Cor da Antera</b>	CDA	1-Quase Branca; 2-Marrom-pálido; 3-Creme; 4-Amarela; 5-Rosada; 6-Vermelha; 7-Preta
<b>Presença de Pólem</b>	PPO	1-Ausente; 2-Conspícua; 3-Esparsa; 4-Abundante
<b>Forma do Estígma</b>	FDE	1-Fortemente Lobulada; 2-Pouco Lobulada; 3-Espatulada; 4-Arredondada
<b>Cor do Estígma</b>	CES	1-Laranja; 2-Laranja-amarelado; 3-Amarelo-claro; 4-Pálido; 5-Pouco Rosada

continua...

Tabela 02. Continuação.

<b>DESCRITORES MORFOLOGICOS (QUALITATIVOS)</b>	<b>SIGLAS</b>	<b>AVALIAÇÃO</b> (IPGRI, 1996; SILVA et al., 1999)
<b>Forma do Estilo</b>	FES	1-Reto; 2-Curvado; 3-Dobrado; 4-Recurvado
<b>Antocianina no Estilo</b>	AES	1-Conspícua; 2-Pouca; 3-Ausente
<b>Relação Estilo Perigônio</b>	REP	1-Aproximadamente igual ao Perigônio; 2-Mais Curto
<b>Antocianina no ovário</b>	ANO	1-Ausente; 2-Presente (coloração variada)
<b>Irregularidades na Estrutura da Flor</b>	IEF	1-Regular; 2-Irregularidades nos Estames; 3-Irregularidades nos Estames e Tépala Livre; 4-Estame, tépala e perigônio irregulares

-: informações disponíveis; No Catalogo de Germoplasma de Bananeira da Embrapa (Silva et. al; 1999).

### 3.1 Seleção e descarte dos descritores qualitativos

A seleção dos descritores qualitativos foi realizada por meio do nível de entropia dos caracteres (H), proposto por Renyi (1961), de acordo com o seguinte modelo:

$$H' = \frac{\left[ N \ln(N) - \sum_{i=1}^S n_i \ln(n_i) \right]}{N}$$

Em que:

H' = Índice de Shannon-Weaver

ni = Número de indivíduos amostrados da i-ésima espécie.

N = número total de indivíduos amostrados.

S = número total de espécies amostradas.

ln = logaritmo de base neperiana.

A entropia de um descritor qualquer será tão maior quanto maior for o número de classes fenotípicas desse e quanto mais homogêneo for o balanço

entre a frequência dos acessos nas diferentes classes fenotípicas (VIERA et al., 2007). Neste trabalho valores baixos de H (Índice de Shannon-Weaver) associados a > 50% de frequência de acessos em uma determinada classe, foram utilizados como critério de descarte do descritor.

### **3.2 Seleção e descarte dos descritores quantitativos**

A seleção dos descritores quantitativos foi realizada pela análise de componentes principais, com base na média de cada caráter, a partir da matriz de correlação, utilizando-se o procedimento PRINCOMP do software SAS v.8.1 (SAS Institute, 2000).

O descarte foi realizado baseando-se em dois procedimentos: 1) Seleção direta (JOLLIFFE, 1972 e 1973), onde foram eliminados os caracteres que apresentaram maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor) no componente principal de menor autovalor, partindo do último componente até aquele cujo autovalor não excedesse a 0,70; 2) Seleção de SINGH (SINGH, 1981), visando auxiliar na decisão quanto ao descarte de um determinado caráter, foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre todos os caracteres no software SAS v. 8.1 (SAS INSTITUTE, 2000).

O descarte definitivo dos caracteres foi efetuado levando-se em consideração as informações coincidentes nos dois métodos, eliminando-se os caracteres sugeridos como redundantes em ambos os procedimentos.

### **3.3 Eficiência do descarte**

A eficiência do descarte foi analisada por meio do estudo comparativo entre os agrupamentos formados pelo algoritmo de Ward-MLM (FRANCO et al., 1998), levando-se em consideração somente os descritores selecionados (quantitativos e qualitativos), gerados no *software* SAS v. 8.1 (SAS INSTITUTE, 2000).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Descritores Qualitativos

A Tabela 3 apresenta os descritores qualitativos, as classes fenotípicas, a frequência percentual dos acessos em cada uma das classes e o nível de entropia de Renyi (H). Foram considerados como variáveis descartadas todas aquelas que apresentaram nível de entropia inferior a 0,75. Dos caracteres qualitativos avaliados, aqueles que apresentaram menores níveis de entropia foram: Forma do apículo (FAP,  $H=0,39$ ), Cor dorsal do limbo jovem (CDL,  $H=0,27$ ) e Relação estilo perigônio (REP,  $H=0,18$ ). Valores de entropia ( $H<0,75$ ) foram observados para os descritores DMU, TCV, PDF, TDP, CDL, TDA, FDA, ADC, DUR, CDB, PAN, FAP, AES, REP e ANO implicando em baixa variabilidade entre esses caracteres. Os maiores níveis de H foram observados nos descritores densidade das manchas escuras (DME,  $H=1,68$ ), Cor da casca do fruto amadurecido (CDZ,  $H=1,64$ ) e Cor do Estígma (CES,  $H=1,53$ ). Os descritores que apresentaram valores de  $H>0,75$  foram VIG, RDC, TCV, CER, CME, DME, AEX, CIB, FDB, MDB, FMA, CMA, LFC, CDN, CVN, CJU, PBE, FLP, STR, FOP, CDC, CPO, CDZ, ECA, FRB, CFA, COP, ARP, SPO, FDC, POS, PBF, CRQ, FVI, CAO, FAC, IMB, FAB, ENR, CEC, MEX, OOC, MIN, MAA, CLO, RCP, COR, FDM, RTR, CPE, CDA, PPO, FDE, CES, FES, IEF.

Combinando as informações associados com baixos valores de entropia ( $H<0,75$ ) e a frequência de acessos na mesma classe dentro de um determinado descritor (+50%), foram sugeridas para descarte 15 características: DMU, TCV, PDF, TDP, CDL, TDA, FDA, ADC, DUR, CDB, PAN, FAP, AES, REP e ANO. Desta forma, a redução no número de descritores qualitativos foi de 21,42 %.

**Tabela 3.** Descritores qualitativos avaliados, categorias fenotípicas, frequência percentual e nível de entropia em germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas, 2013.

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
VIG	Inferio	2.99	0.98
	Médio	31.34	
	Bom	58.21	
	Exelente	7.46	
RDC	Ausente	47.76	1.04
	Fraca	32.84	
	Forte	19.4	
DMU	Muito Atrasado	7.46	0.70
	Atrasado	16.42	
	Bom	76.12	
TCV	Clara	77.61	0.73
	Pálida	11.94	
	Amarelada	8.96	
	Escura	1.49	
CER	Ausente	2.99	1.18
	Pouca	23.88	
	Média	40.3	
	Muita	32.84	
CME	Preta	5.97	0.86
	Marrom-escuro	55.22	
	Marrom-claro	38.81	
	Marrom-pálido	-	
DME	Baixa	23.88	1.68
	Contínua	16.42	
	Discreta	20.9	
	Alta	14.93	
	Difusa	20.9	
	Muito Baixa	2.99	
AEX	Ausente	25.37	1.15
	Média	53.73	
	Forte na Base	10.45	
	Contínua	10.45	

continua...

**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
CIB	Pálida	65.67	0.97
	Verde	19.4	
	Rosada	11.94	
	Púrpura	1.49	
	Vermelha	1.49	
PDF	Erecta	25.37	0.74
	Pendente	70.15	
	Arcada	4.48	
FDB	Alada com Rugas	50.75	0.91
	Não Alada	4.48	
	Fechada	1.49	
	Alada sem Rugas	43.28	
MDB	Não Escariosas	5.97	0.90
	Pouco Escariosas	55.22	
	Muito Escariosas	38.81	
FMA	Erecta	13.43	1.33
	Pouco Aberta	52.24	
	Bem Aberta	16.42	
	Fechada	11.94	
	Pouco Fechada	5.97	
CMA	Púrpura	40.3	1.18
	Vermelho-rosada	11.94	
	Marrom	40.3	
	Verde	7.46	
LFC	Estreita	26.87	1.47
	Larga	31.34	
	Insignificante	22.39	
	Uma Linha	19.41	
TDP	Não Escura	83.58	0.50
	Pouco Escura	14.93	
	Bem Escura	1.49	
CDN	Verde	73.13	0.76
	Pouco Colorida	16.42	
	Muito Colorida	10.45	
CVN	Verde	58.21	0.85
	Rosada	37.31	
	Vermelha	2.99	
	Púrpura	1.49	

continua...

**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
CDL	Verde	92.54	0.27
	Púrpura	7.46	
CJU	Verde-escuro	42.54	1.35
	Verde-claro	42.54	
	Tingido de Vermelho	14.93	
PBE	Esparsa	7.46	1.17
	Ausente	26.87	
	Densa e Curta	55.22	
	Bastante Esparsa	7.46	
	Densa e Comprida	2.99	
FLP	Pouco Recurvadas	26.87	0.88
	Medianamente Recurvadas	62.69	
	Bem Recurvadas	10.45	
STR	Arredondada	16.42	1.02
	Frequência dos Estilos Persistentes	35.82	
	Fracamente Pentagonal	47.76	
TDA	Comprido	41.79	0.71
	Curto	34.33	
	Insignificante	23.88	
FDA	Gargalo Largo	76.12	0.71
	Afilado	10.45	
	Gargalo Estreito	13.43	
	Outros	-	
FOP	Completamente Secos	25.37	1.18
	Bases Duras	50.75	
	Ausente	19.4	
	Mais ou Menos Vivos	4.48	
CDC	Verde-claro	79.1	0.76
	Púrpura	4.48	
	Amarelada	10.45	
	Verde-escuro	4.48	
	Cinza	1.49	
	Marrom-clara	-	

continua...

**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
CPO	Laranja	40.3	1.39
	Amarelada	17.91	
	Esbranquiçada	28.36	
	Creme	13.43	
CDZ	Amarela	34.33	1.64
	Amarelo com Laranja	11.94	
	Amarelo-pálido	16.42	
	Vermelho-rosada	25.37	
	Marrom-Pálida	5.97	
	Verde-Amarelo	5.97	
ECA	Fina	32.84	1.10
	Média	35.82	
	Espessa	31.34	
ADC	Não Aderente	61.19	0.67
	Aderente	38.81	
FRB	Frágil	31.34	0.91
	Não Frágil	58.21	
	Pouco Frágil	10.45	
CFA	Branca	44.78	1.37
	Branca-Fosca	4.48	
	Cinzenta	5.97	
	Creme	10.45	
	Amarelada	31.34	
	Alaranjada ou Rosada	2.99	
COP	Macia	44.78	1.16
	Mole	31.34	
	Dura	20.9	
	Farinhosa	2.99	
ARP	Pouco Aromática	65.67	0.85
	Aromática	23.88	
	Não Aromática	10.45	
SPO	Doce	43.28	1.43
	Insípida	14.93	
	Farinhosa	7.46	
	Forte	11.94	
	Açucarada	22.39	

continua...



**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
FDC	Crua	62.69	0.98
	Cozida	25.37	
	Compota	5.97	
	Frita	5.97	
DUR	Maior do que o Período de Maturação dos Frutos	85.07	0.56
	Igual ao Período de Maturação dos Frutos	7.46	
	Menor do que o Período de Maturação dos Frutos	5.97	
	Muito Breve	1.49	
POS	Recurvada	64.18	0.90
	Vertical	19.4	
	Inclinada	16.42	
	Horizontal	-	
PBF	Ausente	43.28	1.44
	Só Flores Neutras	17.91	
	Média	7.46	
	Muita	11.94	
	Pouca	19.4	
CRQ	Verde	52.24	1.12
	Escura	4.48	
	Verde com Outras Cores na Parte Jovem	34.33	
	Verde com Outras Cores nas Almofadas	5.97	
	Verde-escuro	2.99	
FVI	Lanceolada	56.72	1.12
	Delgada	28.36	
	Ovado-largo	7.46	
	Truncada	2.99	
	Ovada	4.48	
CAO	Côncava	49.25	1.04
	Convexa	22.39	
	Reto	28.36	
FAC	Verde escuro	28.36	1.14
	Verde com Outras cores partes juvenil	47.76	
	Verde com Outras cores partes almofadas	20.9	
	Verde	2.99	

**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
IMB	Não Imbricadas	46.27	0.88
	Pouco Imbricada	47.76	
	Medianamente Imbricada	5.97	
	Muito Imbricadas	-	
FAB	Aguda	29.85	1.49
	Quase aguda	25.37	
	Quase obtusa	17.91	
	Obtusa	22.39	
	Arredondada	4.48	
ENR	Médio	70.15	0.85
	Muito	8.96	
	Pequeno	19.4	
	Insignificante	1.49	
CEC	Muita	56.72	0.95
	Média	29.85	
	Insignificante	13.43	
MEX	Púrpura	74.63	0.87
	Verde-amarelo	4.48	
	Violeta	13.43	
	Vermelho-escuro	2.99	
	Vermelho-claro	4.48	
OOC	Verde-amarelo	56.72	0.79
	Cor Única	40.3	
	Marrom-pálido	2.99	
MIN	Vermelho-claro-brilhante	58.21	1.22
	Verde-amarelo	8.96	
	Púrpura-claro-embassado	22.39	
	Rosada	1.49	
	Vermelho-claro	1.49	
	Vermelho-escuro	1.49	
	Púrpura-escuro	5.97	
MAA	Ausente	32.84	1.07
	Fraca	43.28	
	Forte	23.88	
CDB	Amarela	79.1	0.73
	Creme	10.45	
	Branca	10.45	

continua...

**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
PAN	Ausente	76.12	0.66
	Na Parte Basal	-	
	Presença de Listras	4.48	
	Coloração uniforme	19.4	
CLO	Amarelo-pálido	37.31	1.31
	Laranja-amarelado	31.34	
	Amarela	17.91	
	Laranja	13.43	
RCP	Sua Metade	70.15	0.82
	Maior do que sua Metade	14.93	
	Menor do que sua Metade	14.93	
COR	Branco-opaco	73.13	0.77
	Incolor	14.93	
	Amarelada	-	
	Rosada	11.94	
FDM	Retangular	32.84	1.40
	Triangular	13.43	
	Ovada	28.36	
	Arredondada	23.88	
	Navicular	1.49	
RTR	Forte	13.43	1.52
	Insignificantes	7.46	
	Médias	28.36	
	Fracas	50.74	
FAP	Estreita	86.57	0.39
	Larga	13.43	
CPE	Creme	46.27	1.29
	Amarelo-opaco	29.85	
	Branca	2.99	
	Amarelo-claro	8.96	
	Preta	11.94	
CDA	Creme	34.33	1.48
	Marrom-pálido	17.91	
	Quase Branca	2.99	
	Rosada	32.84	
	Amarela	5.97	
	Preta	-	
	Vermelha	5.97	

continua...

**Tabela 3. Continuação.**

Descritores	Classe	Frequência percentual	Nível de entropia (H)
PPO	Ausente	52.24	1.11
	Esparsa	17.91	
	Conspícua	26.87	
	Abundante	2.99	
FDE	Pouco Lobulada	41.79	1.09
	Fortemente Lobulada	40.3	
	Espatulada	16.42	
	Arredondada	1.49	
CES	Amarelo-claro	37.31	1.53
	Laranja-amarelado	25.37	
	Pálido	7.46	
	Pouco Rosada	4.48	
	Laranja	25.37	
FES	Curvado	68.66	1.00
	Reto	16.42	
	Recurvado	5.97	
	Dobrado	8.96	
AES	Ausente	80.6	0.63
	Conspícua	14.93	
	Pouca	4.48	
REP	Aproximadamente igual ao Perigônio	95.52	0.18
	Mais Curto	4.48	
ANO	Ausente	83.58	0.52
	Presente	16.42	
IEF	Regular	71.64	0.80
	Irregularidades nos Estames	20.9	
	Irregularidades nos Estames e Tépalas Livres	5.97	
	Estame, tépala e perigônio irregulares	1.49	

No estudo de seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados, utilizando o coeficiente de entropia para o descarte dos dados qualitativos, foram sugeridas para descarte 37 descritores, sendo descartados 57% do número de descritores qualitativos. (BRANDÃO, 2011). Estes valores foram superiores aos descartados neste trabalho que foi de 21,42 % do número de descritores qualitativos utilizados.

## Descritores Quantitativos

Pode-se observar que em relação ao coeficiente de variação (CV) os caracteres índice do ombro (IDO) e dedos por cacho (DPC) apresentaram maior dispersão dos dados em termos relativos ao seu valor médio (Tabela 4).

**Tabela 4.** Valores mínimos, máximo, médios, desvio padrão, coeficiente de variação e teste de normalidade para as 21 variáveis dos genomas AA, AAA, AAB e ABB. Cruz das Almas 2013.

Variáveis	Minima	Maximo	Média	Desvio Padrão	C.V (%)	Teste de Normalidade
APL	1.60	4.00	2.58	0.47	18.22	0.98 <sup>ns</sup>
PPS	28.00	79.00	54.07	10.84	20.05	0.99 <sup>ns</sup>
CPC	15.00	70.00	42.63	12.85	30.14	0.98 <sup>ns</sup>
CPL	105.00	264.00	176.48	36.94	20.93	0.98 <sup>ns</sup>
LML	27.00	88.00	62.43	11.48	18.39	0.99 <sup>ns</sup>
CPR	13.00	82.00	48.04	15.16	31.55	0.98 <sup>ns</sup>
DIA	23.00	70.00	42.28	9.29	21.98	0.98 <sup>ns</sup>
NPE	4.00	9.00	5.84	1.41	24.16	0.91 <sup>**</sup>
EME	3.40	93.75	52.26	22.44	42.94	0.89 <sup>**</sup>
DPC	8.00	180.00	73.40	34.35	46.79	0.96 <sup>*</sup>
CSP	4.00	21.00	13.75	3.47	25.27	0.98 <sup>ns</sup>
CLT	15.00	52.00	33.03	6.92	20.94	0.99 <sup>ns</sup>
CRA	17.00	59.00	37.37	7.72	20.65	0.96 <sup>*</sup>
CPD	7.00	43.00	20.72	7.62	36.80	0.93 <sup>**</sup>
DPD	3.00	15.00	8.87	1.91	21.59	0.94 <sup>ns</sup>
DRM	12.00	39.00	20.61	5.53	26.83	0.96 <sup>*</sup>
EAL	4.00	14.00	7.51	1.97	26.27	0.94 <sup>**</sup>
MPE	5.00	27.00	9.13	3.20	35.03	0.74 <sup>**</sup>
RCC	1.67	3.75	2.41	0.34	14.17	0.94 <sup>**</sup>
IDO	0.20	3.75	0.52	0.63	122.07	0.35 <sup>**</sup>
RCB	1.15	2.30	1.59	0.24	15.02	0.92 <sup>**</sup>

<sup>ns</sup> não significativo pelo teste de Shapiro-Wilks a 5% de significância. Variáveis: altura da planta (APL - m), perímetro do pseudocaule (PPS -cm), comprimento do pecíolo (CPC - cm), comprimento do limbo (CPL - cm), largura máxima do limbo (LML - cm), comprimento (CPR - cm), e diâmetro engarso (DIA - mm), número de pencas (NPE), entrenó médio (EME - mm), dedos por cacho (DPC), comprimento do fruto sem pedicelo (CSP - cm), calibração lateral (CLT - mm), calibração radial (CRA - mm), comprimento do pedicelo (CPD - mm), diâmetro do pedicelo (DPD - mm), diâmetro ráquis masculina (DRM - mm), elevação das almofadas (EAL - mm), média dos 50 primeiros entrenós (MPE - mm), relação comprimento/largura coração (RCC/RCL), índice do ombro (IDO), relação comprimento/largura bractees (RCB/RCL).

O alto valor encontrado no CV (%) da tabela 4 pode estar ligado ao fato desses genótipos estarem em ambiente não controlado, onde sofrem com a interferência do ambiente como, por exemplo, mudanças de temperatura.

Outro fator que pode ter elevado o CV é o pequeno número de plantas avaliadas por acesso.

Para o teste de normalidade (Tabela 4), altura da planta (APL), perímetro do pseudocaule (PPS), comprimento do pecíolo (CPC), comprimento do limbo (CPL), largura máxima do limbo (LML), comprimento (CPR) e diâmetro do engarso (DIA), comprimento do fruto sem pedicelo (CSP), calibração lateral (CLT) e diâmetro do pedicelo (DPD), apresentaram distribuição normal já que as variáveis foram não significativas pelo teste de Shapiro-Wilks a 5% de significância.

O genótipo Jari Buaya apresentou maior valor de APL atingindo valor 4,00 m de altura, enquanto o maior valor de perímetro do pseudocaule foi observado na Prata Roxa 79,00 cm. Já os genótipos com valores máximos para os restantes das variáveis foram, Maçã 3671 e Maçã Buriti que apresentaram 70 cm do comprimento do pecíolo. O genótipo Khai demonstrou 264 cm de comprimento do limbo. Os genótipos Siminarook e Njon Kon apresentaram 88 cm da largura máxima do limbo. Figo Cinza apresentou 82 cm do comprimento. O genótipo Saba I mostrou 70 mm do diâmetro do engarso. Para o número de pencas quem registrou maior amplitude foram os genótipos Hon; Khai; Jardineiro; Njon Kon; Muisa Tia e Namwa Khom com 9,00 pencas. O genótipo Bagul demonstrou entrenó médio de 93,75 mm, dedos por cacho com 180,00 dedos. A maior amplitude foi registrada por Khai, os genótipos Karo, Amritsagar e Bagul registraram o maior comprimento sem pedicelo de 21 cm, calibração lateral de 52,00 mm foi registrada por Figo Cinza, o Ice Cream demonstrou comprimento do pedicelo de 43 mm, diâmetro do pedicelo de 15,00 mm foi registrado por Kapoosnarootoo, diâmetro ráquis masculina 39 mm por Saba I, elevação das almofadas 14 mm por Sala Rosa, média dos 50 primeiros entrenós 27 mm por Raja Uter, relação comprimento/largura do coração 3,75 por TA, índice do ombro de 3,75 por Morong e relação comprimento/largura da brácteas com 2,30 pelos genótipos Khai e S/ N<sup>o</sup> 1. Informações disponíveis no catálogo de germoplasma de bananeira da Embrapa (Silva et. al; 1999).

**Tabela 5.** Coeficiente de correlação de Pearson para as variáveis quantitativas. Cruz das Almas, 2013.

	PPS	CPC	CPL	LML	CPR	DIA	NPE	EME	DPC	CSP	CLT	CRA	CPD	DPD	DRM	EAL	MPE	RCC	IDO	RCB
APL	0,60**	0,43**	0,72**	0,46**	0,36**	0,39**	0,31**	0,19 <sup>ns</sup>	0,32**	0,39**	0,16 <sup>ns</sup>	0,25*	0,19 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>	0,38**	0,44**	0,47**	-0,12 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>sn</sup>	-0,07 <sup>sn</sup>
PPS		0,49**	0,54**	0,65**	0,50**	0,67**	0,51**	0,23 <sup>ns</sup>	0,49**	0,46**	0,39**	0,43**	0,22 <sup>ns</sup>	0,34**	0,62**	0,45**	0,38**	-0,15 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>sn</sup>	-0,34 <sup>sn</sup>
CPC			0,52**	0,42**	0,33**	0,49**	0,24*	0,18 <sup>ns</sup>	0,34*	0,10**	0,29*	0,29*	0,19 <sup>ns</sup>	0,28*	0,59**	0,39**	0,15**	-0,02 <sup>ns</sup>	0,00	-0,18 <sup>sn</sup>
CPL				0,73**	0,33**	0,54*	0,35**	0,38**	0,42**	0,35**	0,08*	0,19 <sup>ns</sup>	0,04 <sup>ns</sup>	0,32**	0,49**	0,47**	0,35 <sup>ns</sup>	-0,11 <sup>ns</sup>	-0,02 <sup>sn</sup>	0,03 <sup>sn</sup>
LML					0,37*	0,65*	0,52**	0,34**	0,51**	0,45**	0,25**	0,40**	0,29*	0,34**	0,59*	0,37**	0,24**	-0,11 <sup>ns</sup>	-0,11 <sup>sn</sup>	-0,23 <sup>sn</sup>
CPR						0,44**	0,23**	0,28*	0,20 <sup>ns</sup>	0,40**	0,41**	0,42**	0,44**	0,14 <sup>ns</sup>	0,33**	0,18 <sup>ns</sup>	0,01*	-0,13 <sup>ns</sup>	-0,06 <sup>sn</sup>	-0,12 <sup>sn</sup>
DIA							0,62**	0,24*	0,62**	0,23 <sup>ns</sup>	0,32 <sup>ns</sup>	0,45**	0,25*	0,45**	0,86**	0,43**	0,29 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	-0,10 <sup>sn</sup>	-0,31 <sup>sn</sup>
NPE								0,01 <sup>ns</sup>	0,90**	0,01**	-0,05 <sup>ns</sup>	0,09 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,61**	0,12 <sup>ns</sup>	0,20*	0,00	-0,07 <sup>sn</sup>	-0,04 <sup>sn</sup>
EME									-0,01 <sup>ns</sup>	0,36**	0,12 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>	0,29*	0,33**	0,16 <sup>ns</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	-0,18 <sup>sn</sup>	-0,04 <sup>sn</sup>	-0,07 <sup>sn</sup>
DPC										-0,06 <sup>ns</sup>	-0,13 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,64**	0,25*	0,27 <sup>ns</sup>	0,00	-0,06 <sup>sn</sup>	-0,03 <sup>sn</sup>
CSP											0,45**	0,50**	0,39**	0,43**	0,12 <sup>ns</sup>	0,20 <sup>ns</sup>	0,25*	-0,14 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>sn</sup>	-0,19 <sup>sn</sup>
CLT												0,90**	0,46*	0,39**	0,24*	0,22 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	-0,02 <sup>sn</sup>	-0,36**
CRA													0,56**	0,43**	0,40**	0,21 <sup>ns</sup>	0,11 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	-0,05 <sup>sn</sup>	-0,38**
CPD														0,14 <sup>ns</sup>	0,26*	0,03 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>ns</sup>	-0,09 <sup>sn</sup>	-0,24**
DPD															0,45**	0,27*	0,37**	0,02 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>sn</sup>	-0,33**
DRM																0,46**	0,33**	-0,03 <sup>ns</sup>	-0,06 <sup>sn</sup>	-0,38**
EAL																	0,53*	-0,03 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>sn</sup>	0,06
MPE																		0,14 <sup>ns</sup>	-0,07 <sup>ns</sup>	-0,06 <sup>ns</sup>
RCC																			-0,08 <sup>ns</sup>	0,32**
IDO																				-0,05 <sup>ns</sup>

\*\* e \* significativo a 1% e 5%, respectivamente, pelo teste t. <sup>ns</sup> não significativo a 5% de significativo. Variáveis quantitativas: Altura da Planta (APL); Perímetro do Pseudocaule (PPS); Comprimento do Pecíolo (CPC); Comprimento do Limbo (CPL); Largura Máxima do Limbo (LML); Comprimento (CPR); Diâmetro Engarso (DIA); Número de Pencas (NPE); Entrenó Médio (EME); Dedos por Cacho (DPC); Comprimento sem Pedicelo (CSP); Calibração Lateral (CLT); Calibração Radial (CRA); Comprimento do Pedicelo (CPD); Diâmetro do Pedicelo (DPD); Diâmetro Ráquis Masculina (DRM=DIA<sup>1</sup>); Elevação das Almofadas (EAL); Média dos 50 Primeiros Entrenós (MPE); Relação Comprimento/Largura Coração (RCC= RCL<sup>2</sup>); Índice do Ombro (IDO) e Relação Comprimento/Largura Bracteas (RCB= RCL<sup>3</sup>).

Dentre as variáveis de descritores quantitativos avaliados, aquelas que demonstraram correlação forte, significativa e positiva foram o DPC x NPE e CRA x CLT com valor de 0,90\*\*, DRM x DIA com **0,86\*\***, LML x CPL com valor de **0,73\*\*** e CPL x APL com valor de **0,72\*\***(Tabela 5). Houve correlação negativa entre RCB x CRA e RCB x DRM ambos com valor de **-0,38\*\***, valor considerado como moderado, ou uma correlação fraca segundo Dancey e Reidy (2006). O valor zero significa que as duas variáveis não dependem linearmente uma da outra como ocorreu com as variáveis RCC x NPE, RCC e DPC e IDO x CPC. Todas as correlações com a variável RCC foram não significativa com exceção da RCC x NPE e RCC x DPC que apresentaram o valor zero, o mesmo ocorreu com a variável que correlacionaram com IDO com a exceção do IDO x CPC que foi de valor zero (Tabela 05).

Na Tabela 6, a variável, Comprimento do Limbo (CPL), apresentou-se como o caráter de maior importância, dentre as 21 variáveis avaliadas, por apresentar a maior percentagem de contribuição quanto à divergência genética (34,05%) sendo, portanto, responsável pela maior porcentagem de toda variabilidade dos dados.



**Tabela 6.** Contribuição relativa dos caracteres para diversidade segundo Singh (1981). Cruz das Almas, 2013.

<b>Descritores</b>	<b>S.j</b>	<b>S.j (%)</b>
Altura da Planta (APL - m)	974,30	0,01
Perímetro do Pseudocaule (PPS - cm)	519694,00	2,93
Comprimento do Pecíolo (CPC)	730144,00	4,12
Comprimento do Limbo (CPL - cm)	6033666,00	34,05
Largura Máxima do Limbo (LML - cm)	582662,00	3,29
Comprimento (CPR - cm)	1015778,00	5,73
Diâmetro Engarso (DIA -mm)	382008,00	2,16
Número de Pencas (NPE)	8790,00	0,05
Entrenó Médio (EME)	2227415,41	12,57
Dedos por Cacho (DPC)	5217030,00	29,44
Comprimento sem Pedicelo (CSP - cm)	53378,00	0,30
Calibração Lateral (CLT - mm)	211582,00	1,19
Calibração Radial (CRA - mm)	263422,00	1,49
Comprimento do Pedicelo (CPD - mm)	256986,00	1,45
Diâmetro do Pedicelo (DPD - mm)	16200,00	0,09
Diâmetro Ráquis Masculina (DRM=DIA <sup>1</sup> -mm)	135200,00	0,76
Elevação das Almofadas (EAL - mm)	17202,00	0,10
Média dos 50 Primeiros Entrenós (MPE - mm)	45278,00	0,26
Relação Comprimento/Largura Coração (RCC= RCL <sup>2</sup> )	517,12	0,00
Índice do Ombro (IDO)	1774,47	0,01
Relação Comprimento/Largura Bracteas (RCB= RCL <sup>3</sup> )	251,22	0,00

Ao se analisar as estimativas dos autovalores associados com os principais componentes e suas respectivas variações totais e acumuladas, obtidas para os 21 caracteres morfológicos quantitativos (Tabela 7), percebe-se que os dois primeiros componentes conseguiram explicar 47,00 % da variação total acumulada, a qual foi concentrada até o 9<sup>o</sup> componente principal, que

respondeu por 85,00 % de toda a variação disponível na coleção de descritores. A distribuição da variância está associada à natureza e ao número de caracteres empregados na análise, normalmente fica concentrada nos primeiros componentes principais, somente quando se utilizam poucos descritores (BARROS, 1991; PEREIRA et al., 1992). Oliveira et al. (2006), encontraram um acúmulo de 96,77% até o 17º componente principal (CP), ao analisar descritores em acessos de açazeiro para produção de frutos e avaliar a eficiência do descarte dos descritores redundantes. Percentuais altos, considerando um grande número de CP's, também foram observados em outras culturas. Assim, Brandão (2011) encontrou um acúmulo de 96,31% até o 17º componente principal ao analisar descritores em acessos de bananeira e Dias et. al. (1997), encontraram 71,37% ao analisar descritores de frutos e sementes em clones de cacau.

**Tabela 7.** Estimativas dos autovetores associados aos componentes principais e suas variâncias total e acumuladas, obtidas dos 21 caracteres avaliados em 67 acessos de bananeiras. Cruz das Almas, 2013.

Componentes	Autovalores	% do componente	% Acumulada
1	7.10	0.34	0.34
2	2.73	0.13	<b>0.47</b>
3	1.73	0.08	0.55
4	1.44	0.07	0.62
5	1.30	0.06	0.68
6	1.04	0.05	0.73
7	0.95	0.05	0.78
8	0.90	0.04	0.82
9	<b>0.70</b>	0.03	<b>0.85</b>
10	0.60	0.03	0.88
11	0.54	0.03	0.91
12	0.41	0.02	0.93
13	0.35	0.02	0.94
14	0.35	0.02	0.96
15	0.25	0.01	0.97
16	0.19	0.01	0.98
17	0.14	0.01	0.99
18	0.10	0.00	0.99
19	0.08	0.00	0.99
20	0.07	0.00	1.00
21	0.03	0.00	1.00

Aplicando o método de estimativas dos autovalores associados aos componentes principais, proposto por Jolliffe (1972, 1973), e avaliando preliminarmente o descarte, observa-se que o primeiro caráter apontado para o descarte foi o (CLT), uma vez que apresentou o maior peso no módulo com o último componente principal (**0.49**), seguido pelos caracteres (CPL), (NPE), (DRM) cujos maiores valores próprios do módulo ocorreu em componentes principais elevados como CP20, CP19 e CP18, respectivamente (Tabela 8).

Nesse procedimento, 12 caracteres foram considerados redundantes, conforme a sequência de descarte: (CLT), (CPL), (NPE), (DRM), (DPC), (PPS), (MPE), (LML), (CPC), (EME), (CPR) e (CPD). Esse procedimento pode ser considerado drástico, pois eliminaram-se 12 dos 21 caracteres quantitativos

utilizados como descritores em bananeira. Resultados semelhantes foram encontrados por Brandão (2011), ao selecionar descritores para bananeira, segundo o autor, 20 dos 27 descritores foram considerados redundantes, assim, indicados para o descarte pelo método direto. Porcentuais altos, considerando um grande número de CP's, também foram observados em bananeira no trabalho de Roque (2013), ao avaliar o descarte preliminar pela seleção direta, descartou-se 23 das 33 variáveis analisadas, a partir do último componente principal, reforçando essa tendência.

**Tabela 8.** Estimativas dos coeficientes de ponderação associados aos componentes principais de autovetores inferiores a 0,70 e identificação dos caracteres com indicação para descarte, em cada componente, referentes aos 21 descritores morfoagronômicos associados aos 67 acessos de bananeiras. Cruz das Almas –BA, 1013.

Caracteres <sup>1</sup>	Componentes principais																				
	Prin1	Prin2	Prin3	Prin4	Prin5	Prin6	Prin7	Prin8	Prin9	Prin10	Prin11	Prin12	Prin13	Prin14	Prin15	Prin16	Prin17	Prin18	Prin19	Prin20	Prin21
APL	0.25	-0.09	0.29	-0.12	0.14	0.22	0.03	-0.34	-0.12	0.37	0.10	-0.03	-0.22	0.36	-0.30	0.03	0.24	0.13	0.20	0.27	0.18
PPS	0.31	-0.03	0.00	-0.08	-0.08	0.17	0.09	-0.14	-0.07	-0.15	0.16	-0.35	0.29	-0.19	-0.32	0.54	-0.20	0.05	0.01	-0.30	-0.04
CPC	0.23	-0.05	0.00	0.04	-0.05	0.16	-0.62	0.07	-0.02	0.37	0.08	0.11	0.49	-0.20	0.04	-0.17	-0.05	-0.09	0.10	0.13	-0.13
CPL	0.27	-0.16	0.30	-0.14	0.10	0.00	-0.14	0.11	-0.36	0.11	-0.11	0.06	-0.24	0.18	0.23	0.00	-0.07	-0.21	-0.41	-0.46	-0.16
LML	0.30	-0.07	0.00	-0.15	0.07	-0.13	0.08	0.11	-0.34	-0.04	-0.37	-0.03	-0.13	-0.41	0.35	0.23	-0.03	0.14	0.21	0.39	0.15
CPR	0.21	0.15	-0.11	-0.24	0.32	0.15	-0.13	-0.01	0.13	-0.32	0.64	0.08	-0.19	-0.08	0.33	-0.01	0.11	0.10	-0.02	0.07	-0.08
DIA	0.32	-0.11	-0.19	0.11	-0.07	-0.10	-0.04	0.14	0.00	-0.18	0.09	-0.02	-0.33	0.05	-0.28	-0.18	-0.31	-0.57	0.32	0.09	0.03
NPE	0.21	-0.34	-0.33	-0.07	0.09	0.01	0.31	0.07	0.05	-0.01	-0.07	-0.01	0.22	0.21	-0.06	0.01	0.12	-0.08	-0.39	0.40	-0.43
EME	0.14	0.13	0.26	-0.27	0.10	-0.48	-0.07	0.39	0.31	0.07	0.01	-0.51	0.11	0.17	-0.05	-0.11	0.04	0.09	0.01	0.05	0.05
DPC	0.21	-0.41	-0.25	-0.03	0.02	0.03	0.17	0.05	0.08	-0.05	-0.05	0.02	0.24	0.10	0.21	-0.21	0.38	0.02	0.30	-0.43	0.34
CSP	0.19	0.30	0.24	-0.16	0.08	0.07	0.42	0.05	-0.18	-0.07	0.01	0.21	0.21	-0.34	-0.30	-0.51	0.02	-0.01	-0.10	-0.04	0.02
CLT	0.18	0.42	-0.13	0.22	0.06	0.18	-0.09	-0.09	-0.07	-0.17	-0.17	-0.18	0.20	0.27	0.15	0.01	0.04	-0.24	-0.34	0.15	0.49
CRA	0.23	0.38	-0.17	0.19	0.09	0.10	0.02	-0.04	-0.08	-0.07	-0.26	-0.07	-0.01	0.32	0.10	-0.15	-0.13	0.34	0.35	-0.16	-0.47
CPD	0.16	0.28	-0.23	-0.11	0.31	-0.05	0.13	0.00	0.45	0.44	-0.19	0.31	-0.11	-0.14	-0.04	0.29	-0.01	-0.18	-0.02	-0.18	0.04
DPD	0.20	0.19	0.16	0.26	-0.32	-0.31	0.07	0.28	-0.14	-0.06	0.23	0.45	0.12	0.20	-0.03	0.35	0.30	0.01	0.07	0.04	-0.03
DRM	0.30	-0.15	-0.20	0.14	-0.20	-0.08	-0.13	0.07	0.15	0.03	0.01	0.16	-0.22	-0.02	-0.18	-0.15	-0.29	0.58	-0.34	-0.02	0.28
EAL	0.21	-0.09	0.34	0.21	-0.03	0.12	-0.22	-0.13	0.43	-0.38	-0.34	0.01	-0.15	-0.22	-0.11	0.01	0.38	-0.04	-0.06	0.01	-0.17
MPE	0.17	-0.12	0.36	0.34	-0.09	-0.07	0.36	-0.29	0.29	0.15	0.18	-0.04	0.12	0.00	0.44	-0.07	-0.36	-0.07	0.02	0.07	-0.01
RCC	-0.04	-0.05	-0.04	0.62	0.36	0.09	0.09	0.33	-0.15	0.24	0.18	-0.30	-0.16	-0.25	-0.08	0.00	0.21	0.05	-0.07	-0.04	-0.03
IDO	-0.02	0.05	0.11	-0.14	-0.37	0.65	0.17	0.53	0.19	0.10	-0.03	-0.05	-0.13	0.06	0.12	0.05	-0.05	0.00	0.05	0.06	0.02
RCB	-0.13	-0.22	0.25	0.08	0.55	0.13	-0.05	0.27	0.05	-0.26	-0.11	0.30	0.24	0.21	-0.11	0.14	-0.34	0.09	0.12	0.06	0.14

CP<sup>1</sup> Componentes principais. <sup>1</sup>APL: Altura da planta; PPS: Perímetro do pseudocaule; CPC: Comprimento do Pecíolo; CPL: Comprimento do Limbo; LML: Largura Máxima do Limbo; CPR: Comprimento; DIA: Diâmetro Engarso; NPE: Número de Pencas; EME: Entrenó Médio; DPC: Dedos por Cacho; CSP: Comprimento sem Pedicelo; CLT: Calibração Lateral; CRA: Calibração Radial; CPD: Comprimento do Pedicelo; DPD: Diâmetro do Pedicelo; DRM=DIA: Diâmetro Ráquis Masculina; EAL: Elevação das Almofadas; MPE: Média dos 50 Primeiros Entrenós; RCC=RCL<sup>2</sup>: Relação Comprimento/Largura Coração; IDO: RCB= RCL<sup>3</sup>: Índice do Ombro e Relação Comprimento/Largura Bracteas.

A partir do último descritor eliminado CPD, os caracteres passaram a infringir as normas preestabelecidas, exibindo alta correlação com uma variável já descartada.

Ao comparar a Tabela de Singh (Tabela 6) com a Tabela de Jolliffe (Tabela 8), verifica-se que o procedimento usado por Singh parece mais adequado, porém há também indícios de falhas, já que se indicaram para descarte muitos dos caracteres empregados na obtenção de boa seleção dos descritores.

Deve-se considerar, no entanto, que, com base na análise simultânea dos dois procedimentos (Singh e Jolliffe), oito caracteres foram coincidentes, em relação ao descarte, assim, fizeram parte do descarte final os seguintes descritores: Perímetro do Pseudocaule - PPS, Comprimento do Pecíolo - CPC, Largura Máxima do Limbo - LML, Número de Pencas - NPE, Calibração Lateral - CLT, Comprimento do Pedicelo - CPD, Diâmetro Ráquis Masculina - DRM e Média dos 50 Primeiros Entrenós - MPE (Tabela 9). Portanto, essa decisão atenuou a drasticidade da seleção de Singh (1981) e minimizou possíveis erros no descarte, embora tenha permitido a redução de 38,00% dos caracteres avaliados, o que pode resultar em uma redução nos custos e no trabalho de avaliação de caracteres morfológicos da bananeira.

**Tabela 9.** Variáveis analisadas para descarte pelos procedimentos de Singh (1981) e Jolliffe (1972) e decisão sobre o descarte.

Variáveis	Análise de descarte <sup>1</sup>	Análise de descarte <sup>1</sup>	Decisão de descarte
	Singh (1981)	Jolliffe (1972)	
Altura da Planta (APL)	Desc (3)	Psel	Sel
Perímetro do Pseudocaule (PPS)	Desc (15)	Desc (6)	Desc
Comprimento do Pecíolo (CPC)	Desc (17)	Desc (9)	Desc
Comprimento do Limbo (CPL)	Psel	Desc (2)	Sel
Largura Máxima do Limbo (LML)	Desc (16)	Desc (8)	Desc
Comprimento (CPR)	Psel	Desc (11)	Sel
Diâmetro Engarso (DIA)	Desc (14)	Psel	Sel
Número de Pencas (NPE)	Desc (5)	Desc (3)	Desc
Entrenó Médio (EME)	Psel	Desc (10)	Sel
Dedos por Cacho (DPC)	Psel	Desc (5)	Sel
Comprimento sem Pedicelo (CSP)	Desc (9)	Psel	Sel
Calibração Lateral (CLT)	Desc (11)	Desc (1)	Desc
Calibração Radial (CRA)	Desc (13)	Psel	Sel
Comprimento do Pedicelo (CPD)	Desc (12)	Desc (12)	Desc
Diâmetro do Pedicelo (DPD)	Desc (6)	Psel	Sel
Diâmetro Ráquis Masculina (DRM=DIA <sup>1</sup> )	Desc (10)	Desc (4)	Desc
Elevação das Almofadas (EAL)	Desc (7)	Psel	Sel
Média dos 50 Primeiros Entrenós (MPE)	Desc (8)	Desc (7)	Desc
Relação Comprimento/Largura Coração (RCC= RCL <sup>2</sup> )	Desc (1)	Psel	Sel
Índice do Ombro (IDO)	Desc (4)	Psel	Sel
Relação Comprimento/Largura Bracteas (RCB= RCL <sup>3</sup> )	Desc (2)	Psel	Sel

<sup>1</sup>ordem de descarte. Variáveis pré-selecionadas: Altura da Planta (APL - m); Perímetro do Pseudocaule (PPS - cm); Comprimento do Pecíolo (CPC); Comprimento do Limbo (CPL - cm); Largura Máxima do Limbo (LML - cm); Comprimento (CPR - cm); Diâmetro Engarso (DIA - mm); Número de Pencas (NPE); Entrenó Médio (EME); Dedos por Cacho (DPC); Comprimento sem Pedicelo (CSP - cm); Calibração Lateral (CLT - mm); Calibração Radial (CRA - mm); Comprimento do Pedicelo (CPD - mm); Diâmetro do Pedicelo (DPD - mm); Diâmetro Ráquis Masculina (DRM=DIA<sup>1</sup> -mm); Elevação das Almofadas (EAL - mm); Média dos 50 Primeiros Entrenós (MPE - mm); Relação Comprimento/Largura Coração (RCC= RCL<sup>2</sup>); Índice do Ombro (IDO) e Relação Comprimento/Largura Bracteas (RCB= RCL<sup>3</sup>).

## CONCLUSÕES

Existe ampla variabilidade genética nas características morfoagronômicas avaliadas nos 67 acessos de bananeiras.

Dos 91 descritores usados, somente 68 são importantes na caracterização de germoplasma da bananeira. O descarte de 25,30% (oito quantitativos e quinze qualitativos) dos descritores não ocasiona perda de informação, minimiza custos de avaliação e dinamiza o manejo de coleções de germoplasma da bananeira.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

**AGRITEMPO**. Disponível em: <http://www.agritempo.gov.br/agroclima/sumario>. Pesquisado em: 03/02/2011.

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.

BARROS, L. de M. **Caracterização morfológica e isoenzimática do cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), tipos comum e anão precoce, por meio de técnicas multivariadas**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 256 p. 1991.

BRANDÃO, L. P. **Seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados**. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 69p. 2011.

DANCEY, Christine; REIDY, John. Estatística sem matemática para psicologia: usando SPSS para Windows. Porto Alegre: Artmed, 2006.

DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y.; CASTRO, G.C. Divergência fenética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). Ilhéus. **Agrotropica**, v.9, p.29-40, 1997.

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.

FERREIRA, D. M. V; CODEIRO, Z. J.M; MATOS, A. P. SISTEMA DE PRÉ-AVISO PARA O CONTROLE DA SIGATOKA-AMARELA DA BANANEIRA NO RECÔNCAVO BAIANO. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 25, n. 3, p. 429-431, 2003.

FRANCO J, CROSSA J, VILLASENÖR J, TABA S, EBERHART SA (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, 38: p.1688-1696

IPIGRI – *International Plant Genetic Resources Institute*. **Descriptores for banana (Musa spp.)**. Editora FAOP-IPIGRI-INIBAP, Rome, 55p. 1996.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II: real data. Journal of the **Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v. 22, p. 21-31, 1973.

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, mar/abr., 2009.

OLIVEIRA, M.S.P.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.7, p.1133-1140, 2006.

PEREIRA, A.V.; VENCOSKY, R.; CRUZ, C.D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.15, p.115-124, 1992.

RENYI, A. **On measures of entropy and information**. Fourth Berkeley Symposium, Berkley, 1960. p. 547-561.1961.

ROQUE R. L.; AMORYM T. B.; AMORIM E. P.; FERREIRA C. F.; LEDO C. A. S. **Diversidade genética em genótipos de bananeira por meio de variáveis morfoagronômicas e moleculares**. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 69p. 2013.

SAS INSTITUTE. **SAS Technical Report**. *SAS/STAT software: Changes and Enhancement*, Release 9.1. 3, Cary NC: SAS Institute. 2000.

SENA, J.V.C.; Aspectos da produção e mercado da banana no Nordeste. **Informe Rural Etene** Escritório Técnico de Estudos Econômicos do Nordeste – ETENE Ambiente de Estudos, Pesquisas e Avaliação – AEPA Ano V, N. 10, 2011.

SILVA, S.O.; CARVALHO, P.C.L.; SHEPHERD, K.; ALVES, E.J.; OLIVEIRA, C.A.P.; CARVALHO, J.A.B.S. **Catálogo de Germoplasma de Bananeira (*Musa spp.*)**. Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas: CNPMF, 140p. 1999.

SILVA S. O.; AMORIM, E. P.; SEREJO, J. A. S.; FERREIRA, C. F.; RODRIGUEZ, M. A. D. Melhoramento Genético da Bananeira: Estratégias e Tecnologias Disponíveis. **Rev. Bras. Frutic**, Jaboticabal, v. 35, n. 3, p. 919-931, 2013.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.1, p.237-245, 1981. Disponível em: <<http://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:ijgpb&volume=41&issue=2&article=010>>. Acesso em: 05 nov. 2011.

## **CAPÍTULO II**

**AGRUPAMENTO DE ACESSOS DE BANANEIRA  
COM O USO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E AGRONÔMICAS**

## **AGRUPAMENTO DE ACESSOS DE BANANEIRA COM O USO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E AGRONÔMICAS**

**Autora:** Von Daniken de Jesus Leal

**Orientador:** Sebastião de Oliveira e Silva

**Co-orientador:** Ricardo Franco Cunha Moreira

**Co-orientador:** Carlos Alberto da Silva Ledo

**RESUMO:** O objetivo deste trabalho foi avaliar e comparar a variabilidade genética de 67 acessos de bananeira, por meio da análise de agrupamento com a utilização de dados quantitativos e qualitativos. Foram avaliados 68 descritores em 67 acessos de bananeira. Os seguintes acessos foram: Ambwi, Angoyee, Arbatum, Bie Yeng, F2 P2, Fako Fako, Fytopi, Guyod, Hon, Jari Buaya, Khai, Khai Nai On, Khi Maeo, Kugey, Kumburgh, Maroona, Nba 14, Nbb 11, Nbc 20, Nbf9, Palen Berry, Popongow, Raja Uter, S/ Nº 1, Sowmuk, TA, Ambey, Amritsagar, Bagul, Bakar, Dengree, Lai, Lakem, Leewarp, Maida, Morong, Muga, Nanicão PS. Roxo, Pagatow, Prata Roxa, Roombum, Sala Rosa, Siminarook, Tamba, Wasolay, Who-Gu, AAB s/ Nome, Kapoosnarootoo, Lady Finger, Maçã Buriti, Malbhog, NBB20, Rois, Slendang, Abu Perak, Champa Madras, Figo Cinza, Ice Cream, Kepok Bung, Khom Nak, Muisa Tia, Namwa Daeng, Namwa Khom, Pitogo, Saba, Saba I e Tai. Os descritores selecionados foram analisados conjuntamente usando o procedimento Ward. Foi utilizado o método de agrupamento de Ward, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower. Considerando a análise da divergência fenotípica realizada pelo método Ward foi possível identificar que existe dissimilaridade entre os acessos. Indicando que estes genótipos mais divergentes podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético de bananeira. A divergência genética observada entre os acessos propicia a obtenção de materiais superiores visando à obtenção de variedades resistentes a fatores bióticos e abióticos.

**Palavras-chave:** Parentais, dissimilaridade, genética.

# ACCESS CLUSTER OF BANANA WITH THE USE OF MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS AND AGRONOMICAL.

**Author:** Von Daniken Jesus Leal

**Advisor:** Sebastião de Oliveira e Silva

**Co-supervisor:** Ricardo Franco Moreira Cunha

**Co-supervisor:** Carlos Alberto da Silva Ledo

**ABSTRACT:** The objective of this study was to evaluate and compare the genetic variability of 67 accessions of banana, through cluster analysis using quantitative and qualitative data. 68 parameters were evaluated in 67 accessions of banana. The following accessions were: Ambwi, Angoyee, Arbatum, Bie Yeng, F2 P2, Fako Fako, Fytopi, Guyod, Hon, Jari Buaya, Khai, Khai Nai On, Khi Maeo, Kugey, Kumburgh, Maroona, Nba 14, Nbb 11, Nbc 20, Nbf9, Palen Berry, Popongow, Raja Uter, S/ Nº 1, Sowmuk, TA, Ambey, Amritsagar, Bagul, Bakar, Dengree, Lai, Lakem, Leewarp, Maida, Morong, Muga, Nanicão PS. Roxo, Pagatow, Prata Roxa, Roombum, Sala Rosa, Siminarook, Tamba, Wasolay, Who-Gu, AAB s/ Nome, Kapoosnarootoo, Lady Finger, Maçã Buriti, Malbhog, NBB20, Rois, Slendang, Abu Perak, Champa Madras, Figo Cinza, Ice Cream, Kepok Bung, Khom Nak, Muisa Tia, Namwa Daeng, Namwa Khom, Pitogo, Saba, Saba I e Tai. The selected descriptors were analyzed together using Ward's procedure. The method of Ward's clustering considering the joint matrix obtained from the Gower algorithm was used. Considering the analysis of phenotypic divergence conducted by Ward method was identified that there is dissimilarity between accesses. Indicating that these most divergent genotypes can be used as parent in breeding programs banana. The genetic divergence between the approaches enables the achievement of superior materials in order to obtain resistant to biotic and abiotic factors varieties.

**Keywords:** Parenting, dissimilarity, genetic.

## INTRODUÇÃO

A bananeira é uma das fruteiras de maior importância econômica, explorada quase exclusivamente por pequenos produtores. Constitui-se em uma fonte contínua de alimento e renda; além de proporcionar a fixação da mão-de-obra no meio rural e geração de divisas (SOUZA e TORRES FILHO 1999; SILVA et al., 2003).

Conforme Gowen (1995) a banana é utilizada por milhões de pessoas nas regiões menos desenvolvidas economicamente no mundo, como primeira fonte de alimento para a sua subsistência. Para as populações da África sub-Sahara, América tropical, Ásia e Pacífico, Ortiz & Vuylsteke (1996) informaram que a banana é um importante alimento, posicionando-se atrás apenas do arroz, trigo e leite e seus derivados. Mesmo com essa grande importância socioeconômica a cultura ainda sofre com problemas bióticos e abióticos, havendo a necessidade de desenvolver novas cultivares que minimize os efeitos das doenças e sejam mais produtivas.

Uma estratégia para a solução deste problema é o desenvolvimento de novas cultivares mediante o melhoramento genético, a partir de hibridação e seleção na progênie (SILVA, et al., 2002; DONATO et al., 2006).

Obter informações da variabilidade genética dos acessos do germoplasma constitui-se na primeira etapa de um programa de melhoramento, portanto, é de grande relevância para um manejo adequado e uso desses recursos no melhoramento genético da espécie.

Vários são os métodos de melhoramento conduzidos em bananeira: introdução e seleção de clones, melhoramento por hibridação, melhoramento ao nível diplóide, produção de tetraplóides a partir de triplóides, melhoramento por mutação, hibridação somática e uso de engenharia genética. Independente da escolha do método adotado o melhoramento da bananeira tem como objetivo desenvolver variedades resistentes às Sigatocas amarela e negra, ao mal-do-Panamá, ao moko, aos nematóides e à broca-do-rizoma, reduzindo o porte da planta e o ciclo da cultura, e aumentando a produtividade (SILVA, 2000; PILLAY, 2012).

Através das características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outras, a divergência entre as plantas de bananeira pode ser avaliada. As informações múltiplas de cada acesso são expressas em medidas de dissimilaridade que representam a diversidade que há no conjunto de genótipos estudados.

De acordo com Dias *et al.* (1997), a divergência entre acessos, determinada por estatística multivariada, pode favorecer uma descrição sintética da afinidade genética entre acessos e populações.

Assim, a quantificação da dissimilaridade genética é um dos mais importantes parâmetros estimados pelos melhoristas de plantas, principalmente quando o objetivo é a obtenção de segregantes transgressivos e populações de ampla variabilidade genética como proposto por alguns autores como Benin *et al.* (2003).

De acordo com Sokal e Rohlf (1962) entre os métodos hierárquicos aglomerativos, o UPGMA (*Unweighted pair-group method with arithmetic averaging*) é o que apresenta os dendrogramas com coeficiente de correlação cofenético (CCC) máximo. Os mesmos autores ainda informa que, o ajuste do método hierárquico é realizado por meio do CCC, que é calculado entre os elementos da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética.

As medidas de distância podem ser estimadas com base na avaliação morfológica e agronômica do fenótipo da planta (CRUZ E REGAZZI, 1997). Ao analisar conjuntamente as variáveis (morfológica e agronômica) pode-se obter uma melhor indicação da potencialidade quanto à variabilidade existente em bancos de germoplasma.

Gower (1971) propôs uma técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos. Este método permite que valores da matriz de distância fiquem compreendidos entre 0 e 1, sendo necessário a padronização das variáveis quantitativas e qualitativas (SANTOS, 2010). Usando essa metodologia são relatados trabalhos feitos em *Triticum aestivum* L. por Vieira *et al.* (2007), e com acessos de maracujazeiro por Godoy *et al.* (2007).



Este trabalho teve por objetivo estimar a dissimilaridade genética entre acessos de bananeira por meio da análise de agrupamento, de dados quantitativos, qualitativos e de dados conjuntos.

## MATERIAL E MÉTODOS

### 1. Descrição do germoplasma

Para este trabalho foram utilizados dados do Catálogo de Germoplasma de Bananeira da Embrapa (Silva et al., 1999) onde os 67 acessos de bananeira foram caracterizadas, com descritores morfoagronômicos, no município de Cruz das Almas (BA).

### 2. Caracterização morfoagronômica

A caracterização foi realizada em Cruz das Almas, situada 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, 2011).

Foram selecionados 68 descritores morfoagronômicos, dos propostos pelo IPGRI (1996) e Silva et al. (1999), sendo 13 agronômicos (quantitativos) selecionados a parte dos métodos proposto por Singh (1981) e Jolliffe (1972), e para a seleção dos 55 descritores morfológicos (qualitativos) foi realizada por meio do nível de entropia dos caracteres (H), proposto por Renyi (1961). As avaliações foram realizadas em cinco plantas por acesso.

Para evitar distorção dos dados o estágio de avaliação das plantas foi padronizado, sendo avaliadas quando a inflorescência já tinha sido emitida e o coração media aproximadamente de 15 cm. Todas as avaliações foram realizadas no primeiro ciclo. Para os dados quantitativos foi calculada a média e para os qualitativos a moda (Tabela 1)

**Tabela 1.** Acessos do germoplasma de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com os respectivos nível de ploidia, identificação, código, sinonímia e procedência. Cruz das Almas, 2013.

<b>Acesso</b>	<b>Ploidia</b>	<b>Iden- tificação</b>	<b>Código</b>	<b>Sinonímia</b>	<b>Origem/ Proce- dência</b>
<b>Ambwi</b>	AA	1	BRA002534/SF203	-	França
<b>Angoyee</b>	AA	2	-	-	-
<b>Arbatum</b>	AA	3	-	-	-
<b>Bie Yeng</b>	AA	4	BRA002976/SF247	-	-
<b>F<sub>2</sub> P<sub>2</sub></b>	AA	5	BRA003522/SF503	-	Equador
<b>Fako Fako</b>	AA	6	BRA003107/SF264	-	Nova Guiné
<b>Fytopi</b>	AA	7	BRA002810/SF231	-	Nova Guiné
<b>Guyod</b>	AA	8	BRA002046/11-33	-	Honduras
<b>Hon</b>	AA	9	BRA004529/SF717	-	Tailândia
<b>Jari Buaya</b>	AA	10	BRA002071	Mu- Chorakhe	Honduras
<b>Khai</b>	AA	11	BRA004782/SF742	-	Tailândia
<b>Khai Nai On</b>	AA	12	BRA004642/SF728	-	Tailândia
<b>Khi Maeo</b>	AA	13	BRA004391/SF704	-	Tailândia
<b>Kugey</b>	AA	14	-	-	-
<b>Kumburgh</b>	AA	15	BRA002747/SF224	-	Nova Guiné
<b>Maroona</b>	AA	16	-	-	Nova Guiné
<b>Nba 14</b>	AA	17	BRA2658/SF215	-	Nova Guiné
<b>Nbb 11</b>	AA	18	BRA003026/SF265	-	Nova Guiné
<b>Nbc 20</b>	AA	19	BRA002780/SF008	-	Nova Guiné
<b>Nbf9</b>	AA	20	BRA002955/SF225	-	Nova Guiné
<b>Palen Berry</b>	AA	21	BRA004472/SF712	Thong Dok Mark	Tailândia
<b>Popongow</b>	AA	22	-	Jari Buaya	Honduras
<b>Raja Uter</b>	AA	23	BRA005053/SF917	Rojo Uter	Indonésia
<b>S/ N° 1</b>	AA	24	-	-	Nova Guiné
<b>Sowmuk</b>	AA	25	BRA002577/SF207	-	Nova Guiné
<b>TA</b>	AA	26	BRA003018/SF251	-	Nova Guiné
<b>Ambey</b>	AAA	1	BRA002534/SF203	-	Nova Guiné
<b>Amritsagar</b>	AAA	2	BRA002291/SF408	-	-
<b>Bagul</b>	AAA	3	BRA003077/SF256	Sampo	Nova Guiné
					Continua...

Tabela 1.  
Continuação.

<b>Acesso</b>	<b>Ploidia</b>	<b>Iden- tificação</b>	<b>Código</b>	<b>Sinonímia</b>	<b>Origem/ Proce- dência</b>
<b>Bakar</b>	AAA	4	BRA005118/SF923	-	Indonésia
<b>Dengree</b>	AAA	5	BRA002763/SF226	-	Nova Guiné
<b>Lai</b>	AAA	6	-	Caru Verde	-
<b>Lakem</b>	AAA	7	-	-	-
<b>Leewarp</b>	AAA	8	BRA002992/SF249	-	-
<b>Maida</b>	AAA	9	BRA003646/	-	Costa Rica
<b>Morong</b>	AAA	10	BRA2623/SF212	-	Nova Guiné
<b>Muga</b>	AAA	11	BRA003140/SF270	-	Nova Guiné
<b>Nanicão PS. Roxo</b>	AAA	12	BRA001023	-	-
<b>Pagatow</b>	AAA	13	BRA002569/SF206	-	Nova Guiné
<b>Prata Roxa</b>	AAA	14	-	Caru Roxa	-
<b>Roombum</b>	AAA	15	BRA002283/SF290	-	-
<b>Sala Rosa</b>	AAA	16	-	-	-
<b>Siminarook</b>	AAA	17	BRA002526/SF202	-	Nova Guiné
<b>Tamba</b>	AAA	18	BRA002933/SF243	-	Nova Guiné
<b>Wasolay</b>	AAA	19	BRA2925/SF242	-	Nova Guiné
<b>Who-Gu</b>	AAA	20	BRA002607/SF210	-	Nova Guiné
<b>AAB s/ Nome</b>	AAB	1	-	-	Honduras
<b>Kapoosnarooto</b>	AAB	2	BRA003174/SF279	-	Nova Guiné
<b>Lady Finger</b>	AAB	3	BRA0017831SF401	-	-
<b>Maça Buriti</b>	AAB	4	BRA003638/	-	-
<b>Malbhog</b>	AAB	5	BRA004022/SF311	-	França
<b>NBB20</b>	AAB	6	BRA002941/SF244	-	Nova Guiné
<b>Rois</b>	AAB	7	BRA004073/SF316	-	França
<b>Slendang</b>	AAB	8	BRA004961/SF909	-	-
<b>Abu Perak</b>	ABB	1	-	Ice Cream	França
<b>Champa Madras</b>	ABB	2	BRA004111/SF320	Tip Kham	França
<b>Figo Cinza</b>	ABB	3	BRA000922	Pão	BR/IAC-SP
<b>Ice Cream</b>	ABB	4	BRA002232/SF411	Abu Perak	Haway
<b>Kepok Bung</b>	ABB	5	BRA004901/SF902	-	Indonésia
<b>Khom Nak</b>	ABB	6	-	Namwa Khom	-
<b>Muisa Tia</b>	ABB	7	BRA004138/SF322	Gia Hui	França
<b>Namwa Daeng</b>	ABB	8	BRA004863/SF460	Awak	Tailândia
					Continua...

Tabela 1.  
Continuação.

Acesso	Ploidia	Identificação	Código	Sinonímia	Origem/Procedência
Namwa Khom	ABB	9	BRA004456/SF710	-	Tailândia
Pitogo	ABB	10	-	-	-
Saba	ABB	11	BRA004278	-	Costa Rica
Saba I	ABB	12	-	Zantna	Hondura
Tai	ABB	13	BRA004651/SF729	Gia Hui	Tailândia

-: informações disponíveis; No Catalogo de Germoplasma de Bananeira da Embrapa (Silva et. al; 1999).

### 3. Divergência fenotípica

As estimativas das dissimilaridades fenotípicas obtidas para os 67 acessos de bananeira foram realizadas com as variáveis quantitativas e qualitativas. Nas variáveis quantitativas calculou-se a distância euclidiana média e para as variáveis qualitativas utilizou-se a distância de Cole-Rodgers (COLE-RODGERS *et al.*, 1997). Para a análise simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas utilizou-se o algoritmo de Gower (GOWER, 1971) e para compor os grupos de acessos utilizou-se o procedimento submetido a um ponto de corte baseado na análise de agrupamento sugerido pelo método proposto pelo pacote “NbClust” do programa computacional R (CHARRAD *et al.*, 2013).

A análise conjunta dos dados qualitativos, quantitativos e simultânea foi realizada pela distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), expresso por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{K=1}^K W_{ijk}}$$

em que  $K$  é o número de variáveis ( $k = 1, 2, \dots, p =$  número total de características avaliadas);  $i$  e  $j$  dois indivíduos quaisquer;  $W_{ijk}$  é um peso dado a comparação  $ijk$ , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para

comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos);  $S_{ijk}$  é a contribuição da variável  $k$  na similaridade entre os indivíduos  $i$  e  $j$ , que possui valores entre 0 e 1. Para uma variável nominal, se o valor da variável  $k$  é a mesma para ambos os indivíduos,  $i$  e  $j$ , então  $S_{ijk} = 1$ , caso contrário, é igual a 0; para uma variável contínua  $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$  onde  $x_{ik}$  e  $x_{jk}$  são os valores da variável  $k$  para os indivíduos  $i$  e  $j$ , respectivamente, e  $R_k$  é a amplitude de variação da variável  $k$  na amostra. A divisão por  $R_k$  elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais.

Os agrupamentos hierárquicos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram obtidos pelo método UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH e SOKAL 1973). A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético de acordo com Sokal e Rohlf (1962). A significância dos coeficientes de correlação cofenético foi calculada pelo teste de Mantel com 1000 permutações (MANTEL, 1967).

Para a obtenção das matrizes de distância genética das análises individuais e cálculo dos coeficientes de correlação cofenético foi utilizado o programa Genes (CRUZ, 2008). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower, foi obtida pelo programa SAS (SAS Institute, 2006). O dendrograma foi feito com programa Statistica 7.1 (STATSOFT, 2005).

O pacote "NbClust" do programa computacional R (CHARRAD et al., 2013), foi utilizado como critério para formação dos grupos e determinação do ponto de corte, onde são determinados cinco índices para o número ideal de agrupamentos. A escolha do melhor agrupamento foi baseada na observação geral, levando em consideração o valor máximo, mínimo e a diferença entre os índices. A escolha do ponto de corte foi de acordo com a proporção em que o número de grupos se repetia em maior quantidade.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os sessenta e oito descritores avaliados, nos 67 acessos de bananeira, as menores Distâncias Euclidiana Média, utilizando os 13 descritores quantitativos foram observadas nos acessos Namwa Daeng - ABB(8) e Tai - ABB(13) e a maior foi dos acessos Saba I - ABB (12) e Khi Maeo - AA (13) (Tabela 2).

Baseada na distância de Cole-Rodgers dos cinquenta e cinco descritores qualitativos, observou-se que os acessos de menor distancia foram Malbhog - AAB (5) e Rois - AAB (7) e aqueles que mais se distanciaram em relação aos demais foram Kapoosnarootoo - AAB (2) e Champa Madras - ABB (2); Nba 14 - AA (17) e Figo Cinza - ABB (3) (Tabela 3).

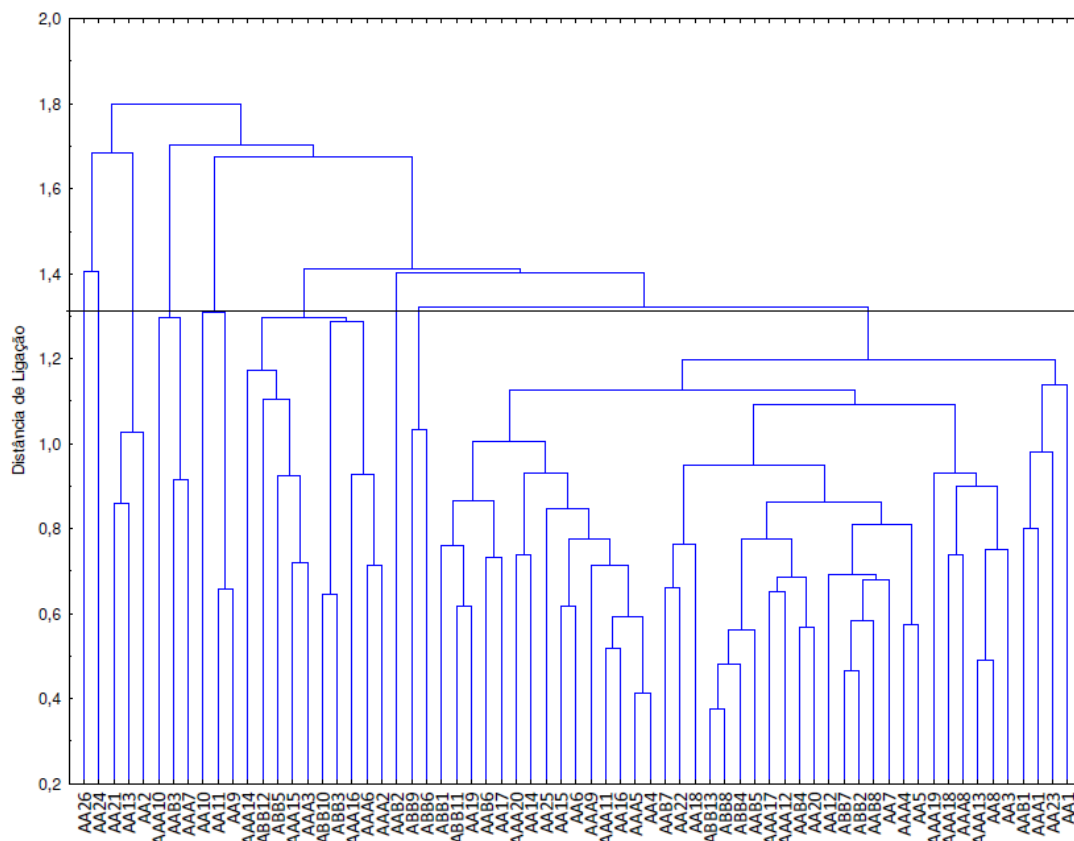
Na Tabela 4, nesta, pode-se observar que os valores de dissimilaridade variaram de 0,16 a 0,71, sendo menor entre Khom Nak ABB (6) e Rois - ABB(9), e maior entre Sowmuk - AA (25) e Bagul - AAA (3); TA - AA (26) e Khom Nak - ABB (6). As tabelas 2, 3 e 4 encontram-se em anexo.

Com base nos 68 descritores, usados nos 67 acessos de bananeira foram obtidos dendrogramas por meio do método hierarquico UPGMA (figuras 01, 02 e 03), submetidos a um ponto de corte baseado na análise de agrupamento sugerida pelo método proposto pelo pacote “NbClust” do programa computacional R (CHARRAD et al., 2013), onde utilizou-se cinco grupos formados, conforme a Tabela 5. Entre os cinco diferentes grupos formados nos 13 descritores quantitativos foi verificado que o número que apresentou maior proporção entre os cinco propostos foi o de nove grupos. Já nos cinquenta e cinco descritores qualitativos o grupo formado, que apresentou maior número de proporção foi o dois. Entretanto, na matriz conjunta o grupo que apresentaram maior número de proporção foi o quatro (Tabela 5).

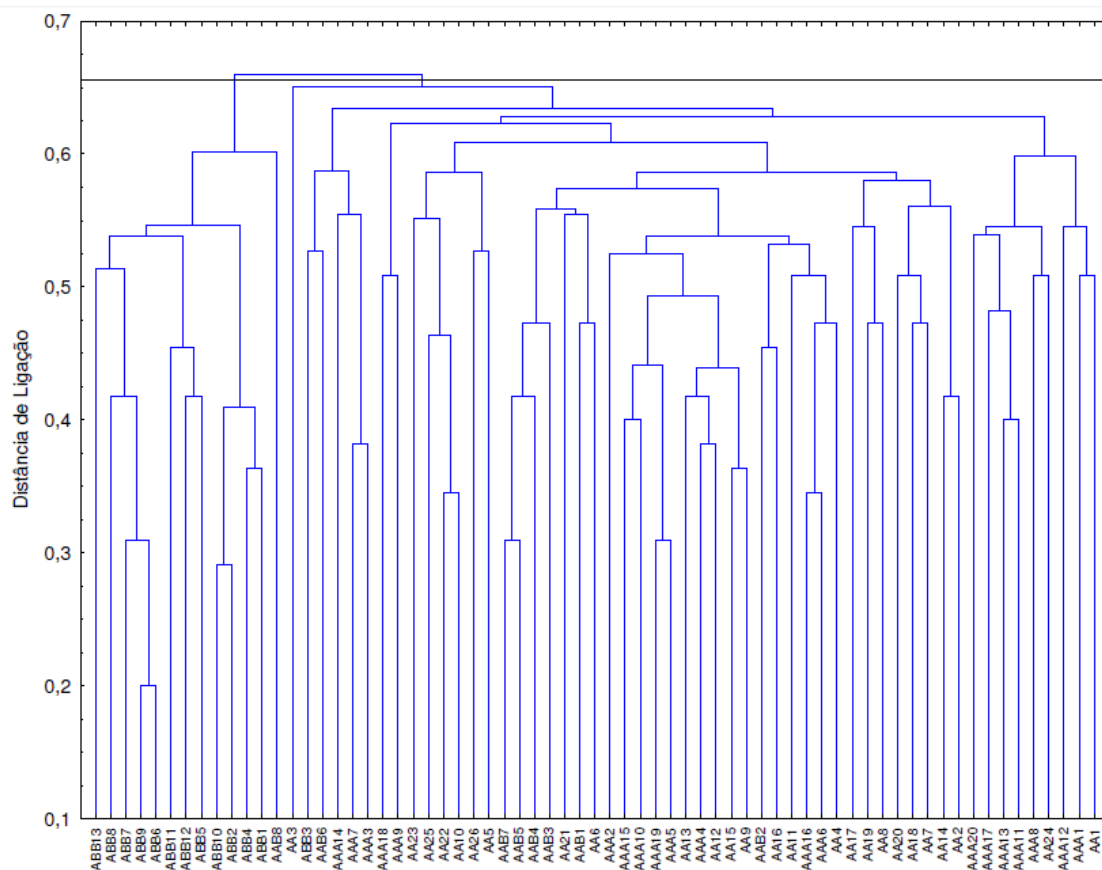
**Tabela 5.** Definição de números de grupos formados na análise de agrupamento utilizando o pacote NbClust do R (CHARRAD et al., 2013) em função das matrizes de dissimilaridade das análises individuais e conjunta. Cruz das Almas, 2013.

Índices	Individual		Conjunta
	Quantitativo	Qualitativo	
frey	7	3	4
pseudot2	9	2	3
kl	9	2	3
gap	9	4	4
tau	5	4	4

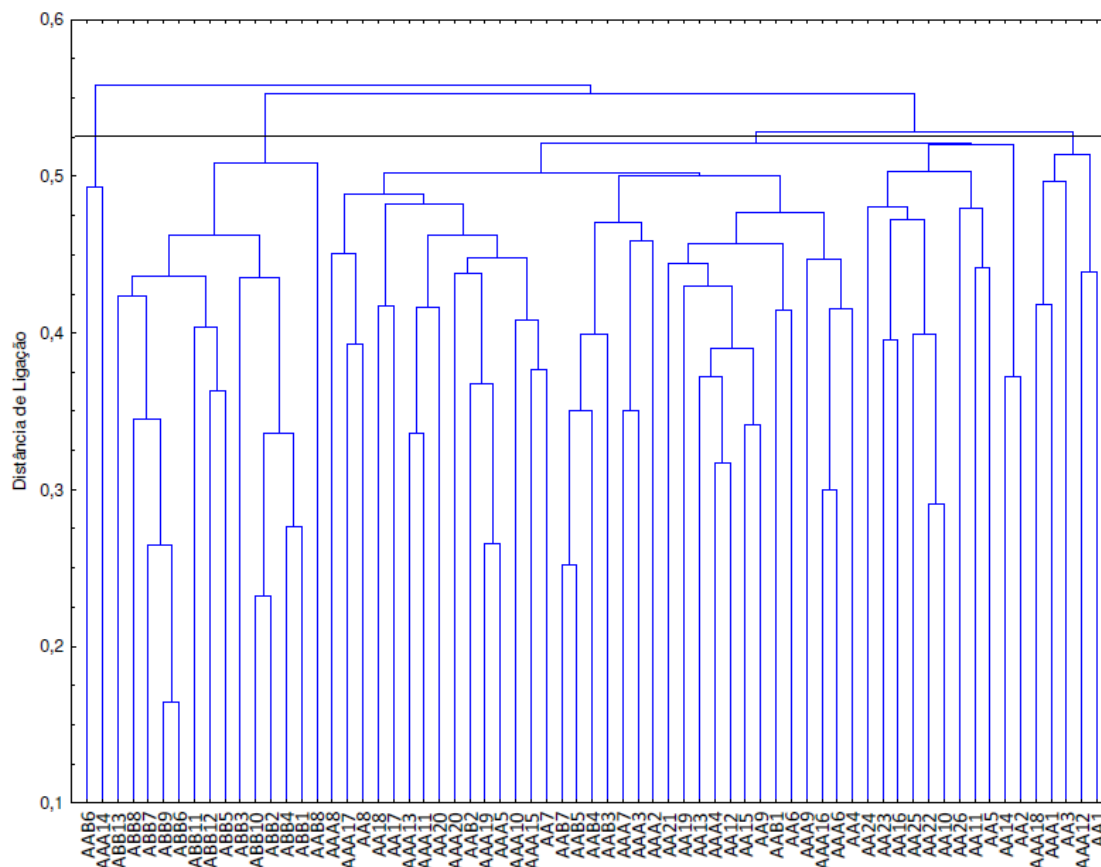




**Figura 1.** Dendrograma de dissimilaridade baseado na distância Euclidiana média e pelo método de agrupamento UPGMA a partir de 13 descritores quantitativos de 67 acessos de bananaeira.



**Figura 2.** Dendrograma de dissimilaridade baseado na distância de Cole-Rodgers e pelo método de agrupamento UPGMA a partir de 55 descritores qualitativos de 67 acessos de bananaeira.



**Figura 3.** Dendrograma de dissimilaridade baseado na distância de Gower e pelo método de agrupamento UPGMA a partir de 13 descritores quantitativos e 55 descritores qualitativos de 67 acessos de bananeira.

Os pontos de corte, definidos em função das matrizes de dissimilaridade (0,75; 0,61 e 0,60), promoveu a formação de 9, 2 e 4 grupos para as análises baseadas nos dados quantitativos, qualitativos e conjuntos respectivamente, apresentados na tabela 6.

**Tabela 6.** Coeficiente de correlação cofenético, número de grupos formados e acessos dentro de cada grupo em função das matrizes de dissimilaridade das análises individuais e conjunta. Cruz das Almas, 2013.

Matriz de dissimilaridade	Coeficiente de correlação cofenético	Número de grupos formados
Euclidiana média (quantitativa)	0,75,**	9
Cole-Rodgers (qualitativa)	0,61**	2
Gower (conjunta)	0,60**	4

\*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste de t e de Mantel.

Em estudos de caracterização morfoagronômica e divergência genética em 17 acessos do banco de germoplasma de bananeira foi obtido coeficiente de correlação cofenético de 0,77 para análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos fundamentada no algoritmo de Gower, os genótipos foram agrupados pelo método UPGMA formando quatro grupos (SOUZA et al., 2010). Valores muito próximos aos encontrados nesse trabalho, onde o valor obtido para o coeficiente de correlação cofenético para análise conjunta foi 0,60.

No estudo de diversidade genética em 21 genótipos de bananeira por meio de variáveis morfoagronômicas e moleculares, teve como resultado à correlação entre as matrizes foi de 0,27, considerando a análise conjunta e o algoritmo de Gower (ROQUE et al., 2013). Esse valor encontrado para a análise conjunta usando o algoritmo de Gower foi muito a baixo comparado com o valor desse trabalho que foi de 0,60.

Outro estudo de divergência realizado em 31 acessos de bananeira revelou que a análise simultânea das variáveis quantitativas e moleculares. O valor cofenético foi de 0,71\*. O ponto de corte, definido pela média da matriz de agrupamento, determinou que o número ideal de grupos fosse três, para as análises baseadas nos dados quantitativos e moleculares simultaneamente considerando o algoritmo de Gower (PEREIRA, 2011). Assim sendo muito próximo do valor encontrado nesse trabalho para o algoritmo de Gower, que foi de 0,60, já para o ponto de corte, que definiu o número de grupo, foram quatro, também um resultado próximo do trabalho de Pereira (2011).

A análise das variáveis quantitativas realizada com a distância Euclidiana apresentou o maior coeficiente de correlação cofenético entre as matrizes de agrupamento, com valor de correlação de 0,75. A análise para as variáveis qualitativas pelo método de Cole-Rodgers a correlação foi de 0,61. Já a análise simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas pelo algoritmo de Gower resultou em um coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de distância genética e a matriz de agrupamento, com valor de correlação de 0,60 (Tabela 6).

Para alguns autores como Rohlf & Fisher (1968), informam que para ser considerados bons resultados, os coeficientes de correlação cofenético devem apresentar valores superiores a 0,91. Já Bussab *et al.* (1990) afirmam que o coeficiente de correlação cofenético a partir de 0,80\* são aceitáveis para as

análises de agrupamento. Logo, pode se dizer, com base nas afirmações desses autores que o resultado obtido nesse trabalho para os coeficientes de correlação cofenéticos Euclidiana e de Cole-Rodgers para as variáveis quantitativas e qualitativas não foram eficientes, baseando-se nessas citações.

Alguns autores concordam que coeficientes com valores compreendidos entre 0,60 e 0,80, são provenientes do pequeno número de variáveis utilizadas. Porém, o número de variáveis utilizada nesse trabalho, para a caracterização dos acessos de bananeira foi de 68 descritores, portanto, um número relativamente grande e mesmo assim os coeficientes foram de 0,75; 0,61 e 0,60 respectivamente. Não obstante, sabe-se que tem outros fatores que podem interferir nos valores dos coeficientes, tais como tipo das variáveis e a qualidade dos dados obtidos.

A análise de agrupamento não é feita somente pelo coeficiente de correlação cofenética, existindo outros métodos como as medidas de distorção de Sokal e Rohlf, Guttman, Gower, Jardine, Hartigan, Anderson, Shepard e Sammon (CORMACK, 1971; BARROSO e ARTES, 2003).

Observa-se que a matriz de distância genética conjunta apresentou valores significativos de correlação com as matrizes de distância obtidas nas análises individuais, 0,30\*\* e 0,95\*\* para as variáveis quantitativas e qualitativas, respectivamente (Tabela 7).

**Tabela 7.** Correlação entre matrizes de dissimilaridade das análises individuais e conjunta a partir de 13 descritores quantitativos e 55 descritores qualitativos de 67 acessos de bananeira. Cruz das Almas, 2013.

Matriz de dissimilaridade	Qualitativo	Conjunta
Quantitativo	0,11**	0,30**
Qualitativo		0,95**

\*\* significativo a 1%, pelo teste de Mantel com 10.000 permutações.

A distância proposta por Gower, também foi utilizada por Santos (2010), para estudar em conjunto variáveis qualitativas, quantitativas e moleculares oriundas de 25 acessos de *Passiflora sp* da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Portanto, com o estudo, o autor determinou à adequação do germoplasma

estudado e estimou a divergência genética entre os acessos, obtendo valor para análise simultânea pelo algoritmo de Gower de 0,90 e a formação de cinco grupos, valores distantes dos encontrados nesse trabalho.

A análise simultânea permite que, além de variáveis agronômicas e morfológicas, sejam utilizadas características moleculares. Segundo Gonçalves *et al.* (2009), a escolha e o número das variáveis a serem usados podem comprometer a eficiência da análise simultânea, principalmente no caso de se utilizar um grande número de variáveis binárias, provenientes de marcadores moleculares, na quantificação da diversidade genética em acessos de bancos de germoplasma. Outro fator que pode comprometer a eficiência da análise é a diferença da influência de algumas variáveis na divergência (GODOY *et al.* 2007). Gonçalves *et al.* (2008), sugerem o uso dos coeficientes de correlação, por serem adimensionais, para avaliar as características utilizadas.

## CONCLUSÕES

A diversidade genética observada entre os acessos de bananeira do germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura pode levar a obtenção de materiais superiores a serem utilizados no programa de melhoramento genético.

O método de Gower é eficiente na discriminação de grupos na análise conjunta dos descritores quantitativos e qualitativos, quando comparado aos com a Euclidiana média e Cole-Rodgers.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

**AGRITEMPO**. Disponível em: <http://www.agritempo.gov.br/agroclima/sumario>. Pesquisado em: 03/02/2011.

BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151p.

BENIN, G. *et al.* **Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatística multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia**. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 33, p. 657 - 662, 2003.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. **Introdução à Análise de Agrupamentos**. In: 9<sup>o</sup> Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p. 1990.

CHARRAD, M.; GHAZZALI, N.; **BOITEAU, V.; NIKNAFS, A. (2013)** NbClust: An examination of indices for determining the number of clusters. R package version 1.4. Disponível em: <http://cran.r-project.org/web/packages/NbClust/index.html>. Acesso em: 05 set. 2013.

COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. **A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using *Capsicum* as an example**. *Crop Science*, v. 37, p. 1000-1002. 1997.

CORMACK, R. A review of classification. **Journal of the Royal Statistical Society** (Series A), v. 134, p.321 - 367, 1971.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Divergência genética**. In: Cruz, C. D.; Regazzi, A. J. Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, v. 6, p. 287 – 324, 1997.

CRUZ, C. D. *Programa genes* (versão Windows): **aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2008.

DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y.; CASTRO, G. C. T. **Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao L.*)**. *Agrotrópica*, Brasília, v. 9, p. 29 - 40, 1997.



DONATO, S. L. R.; SILVA, S. de O. e; LUCCA FILHO, O. A.; LIMA, M. B.; DOMINGUES, H.; ALVES, J. S. Comportamento de variedades e híbridos de bananeira (*Musa spp.*), em dois ciclos de produção no sudoeste da Bahia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 28, n. 1, p. 139-144, 2006.

GODOY, R. C. B. *et al.* Diversidade genética entre acessos de maracujazeiro amarelo avaliada pelas características físico-químicas dos frutos. **Revista Ceres**, viçosa, v. 54, n. 316, p. 541 - 547, 2007.

GONÇALVES, L. S. A. *et al.* Divergência genética em tomate estimada por marcadores RAPD em comparação com descritores multicategóricos. **Revista Horticultura Brasileira**, Brasília v. 26, n. 3, p. 362 - 368. 2008.

GONÇALVES, L. S. A. Diversidade genética entre cultivares de mandioca e espécies silvestres de *Manihot* mediante caracterização morfológica. In: XIII Congresso Brasileiro de Mandioca, 2009. **Resumos...** Botucatu: SBM, 2009.

GOWEN, S. **Bananas and Plantain**. London: Chapman & Hall, 612 p, 1995.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Journal Biometrics**, Washington, v. 27, n. 4, p. 857 - 874. 1971.

IPIGRI – *International Plant Genetic Resources Institute*. **Descriptors for banana (*Musa spp.*)**. Editora FAOP-IPIGRI-INIBAP, Rome, 55p. 1996.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II: real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v. 22, p. 21-31, 1973.

MANTEL, N. **The detection of disease clustering and generalized regression approach**. *Cancer Research*, Birmingham, v.27, n.2, p.209-220, 1967.

ORTIZ, R.; VUYLSTEKE, D. Recent advances in *Musa* genetic, breeding and biotechnology. **Plant Breeding Abstracts**, Cambridge, v.66, n.10, p.1355-1363,1996.

PEREIRA V. M. **Variabilidade genética utilizando marcadores ssr e comportamento agrônomo de diploides melhorados de bananeira.** 2011. 83p. (Dissertação Mestre em Ciências Agrárias) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 2011.

PILLAY, M.; ASHOKKUMAR, K.; SHUNMUGAM, A.S.K.; ELAYABALAM, S. **A case for molecular breeding in *Musa*.** In: PILLAY, M.; UDE, B.; KOLE, C. (Editors). CRS-Press, p.281-297, 2012.

RENYI, A. **On measures of entropy and information.** Fourth Berkeley Symposium, Berkley, 1960. p. 547-561.1961.

ROHLF, F. J.; FISHER D. L. **Test for hierarchical structure in random data sets.** Systematic Zoology, v.17, p. 407 - 412. 1968.

ROQUE R. L.; AMORYM T. B.; AMORIM E. P.; FERREIRA C. F.; LEDO C. A. S. **Diversidade genética em genótipos de bananeira por meio de variáveis morfoagronômicas e moleculares.** Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 69p. 2013.

SANTOS, D. B. **Análise multivariada para o agrupamento de genótipos de maracujazeiro com o uso de dados morfológicos, agrônomo e moleculares.** Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. 58p. 2010.

SAS INSTITUTE. **SAS Technical Report.** SAS/STAT software: *Changes and Enhancement*, Release 9.1. 3, Cary NC: SAS Institute. 2006.

SILVA, S.O.; CARVALHO, P.C.L.; SHEPHERD. K.; ALVES, E.J.; OLIVEIRA, C.A.P.; CARVALHO, J.A.B.S. **Catálogo de Germoplasma de Bananeira (*Musa spp.*).** Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas: CNPMF, 140p. 1999.

SILVA, S. de O. e. Melhoramento genético da bananeira. In: SIMPOSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE FRUTEIRAS, 2, Viçosa. p.20-48, 2000.

SILVA, S. de O. e; FLORES, J. C. de O.; Lima Neto, F. P. Avaliação de cultivares e híbridos de bananeira em quatro ciclos de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 11, p. 1567-1574, 2002

SILVA, S.O.; GASPAROTTO, L.; MATOS, A.P.; CORDEIRO, Z.J.M.; FERREIRA, C.F.; RAMOS, M.M.; JESUS, O.N. **Banana Breeding Program in Brazil - Recent Results**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 39p, 2003.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.1, p.237-245, 1981. Disponível em: <<http://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:ijgpb&volume=41&issue=2&article=010>>. Acesso em: 05 nov. 2011.

SOKAL, R. R. e ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Revista Taxon**, Berlin, v. 11, p. 33 - 40, 1962.

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

SOUZA, J.S.; TORRES FILHO, P. Aspectos socioeconômicos. In: Alves, E.J. (ed). A cultura da banana. Aspectos técnicos socioeconômicos e agroindustriais. Brasília, D.F.: Embrapa – SP, p.507-524, 1999.

SOUZA C. P. F.; BRANDÃO L. P.; SANTANA F. H. S.; AMORIM E. P.; SILVA S. O.; SEREJO J. A .S. **Caracterização morfo-agronômica e diversidade genética em acessos do banco de germoplasma de bananeira** Disponível em:< : <http://www.sbpcnet.org.br/livro/reconcavo/resumos/887.htm>>. 20/11/2010

STATSOFT, Inc. *Statistica for Windows (data analysis software system)*, version 7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G. **Variabilidade genética do banco ativo de germoplasma de mandioca do cerrado acessada por meio de descritores morfológicos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 15p, 2007. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 129).

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

**Anexo.**





