

## USO DO ALGORITMO DE GOWER NO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE MANDIOCA

Mayana Matos de OLIVEIRA<sup>1</sup>

Carlos Alberto da Silva LEDO<sup>2</sup>

Leônidas Francisco de Queiroz TAVARES FILHO<sup>2</sup>

Thamyres Cardoso da SILVEIRA<sup>1</sup>

Alfredo Augusto Cunha ALVES<sup>2</sup>

Leandro Simões Azeredo GONÇALVES<sup>3</sup>

Para a aplicação da análise de agrupamento no estudo da diversidade genética entre acessos de um banco de germoplasma, faz-se necessário o cálculo de uma distância genética. O tipo de variável, se quantitativo ou qualitativo, define a distância genética a ser calculada. Para a caracterização de genótipos visando o estudo da variabilidade, avaliam-se características agronômicas, morfológicas e oriundas de marcadores moleculares. A análise individual desses tipos de variáveis pode não ser suficiente para a quantificação da variabilidade presente entre os genótipos. A análise conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas tem sido apontada como uma ferramenta útil para contornar esse problema. O objetivo deste trabalho foi promover a análise individual e conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas e posterior agrupamento para quantificação da diversidade genética entre híbridos interespecíficos de mandioca. Foram avaliadas oito características quantitativas e 20 qualitativas em 44 híbridos interespecíficos provenientes de cruzamento entre variedades comerciais de mandioca e espécies silvestres de *Manihot*. Foi utilizado o algoritmo de Gower para a análise conjunta e o método de agrupamento UPGMA para a formação dos agrupamentos. A análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas apresentou um valor médio e significativo para o coeficiente de correlação cofenético de 0,74\*\*. As análises individuais apresentaram valores de 0,85\*\* e 0,78\*\* para as variáveis quantitativas e qualitativas, respectivamente. A correlação entre as matrizes de distância genética das análises quantitativas e qualitativas, com relação à análise

---

<sup>1</sup> Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, CEP 44.380-000. E-mail: mayana.agr@hotmail.com, tchansilveira@hotmail.com

<sup>2</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, CP 07, Cruz das Almas, BA, CEP 44.380-000. E-mail: ledo@cnpmf.embrapa.br, leonidas76@gmail.com, aalves@cnpmf.embrapa.br

<sup>3</sup> Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, CEP 28.013-600. E-mail: lsagrural@yahoo.com.br

conjunta, foi de 0,33\*\* e 0,92\*\*, respectivamente. A análise simultânea de variáveis qualitativas e quantitativas pode ser uma alternativa para expressar com mais eficiência o grau de diversidade genética entre os híbridos específicos de mandioca avaliados, fornecendo informações úteis aos programas de melhoramento genético da cultura.

**PALAVRAS-CHAVE:** Análise multivariada, algoritmo de Gower, distância genética, espécies silvestres.