

AVALIAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SUBAMOSTRAS POPULACIONAIS DE CEDRO DOCE POR MEIO DE DESCRITORES FENOTÍPICOS

Luiz Alberto Pessoni¹; Emely Trajano de Menezes²; Matheus Victor A. Xavier²; Wallace de Souza Zeferino²; Cássia Ângela Pedrozo³;

¹Professor Associado I, Centro de Estudos da Biodiversidade – UFRR/Boa Vista-RR/Brasil, e-mail luizpessoni@yahoo.com.br. ²Bolsista de Iniciação Científica, Centro de Estudos da Biodiversidade – UFRR/Boa Vista-RR/Brasil. ³Pesquisadora, Embrapa Roraima – Boa Vista-RR/Brasil.

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de madeira tropical, tendo a Amazônia como a principal região fornecedora desse produto. Por outro lado, o setor madeireiro regional é quase exclusivamente baseado no extrativismo sem plano de manejo e sem reposição florestal, tornando a atividade insustentável em médio e longo prazos. *Pachira quinata* ((Jacq.) W.S Alverson), denominada regionalmente de cedro doce, é uma importante espécie produtora de madeira de elevada qualidade, com distribuição natural na América Central e Norte da América do Sul. Em Roraima, ela é encontrada nos enclaves florestais das savanas e nas florestas de transição, na parte central do estado. Diversos trabalhos realizados nas últimas décadas demonstraram a viabilidade econômica de seu cultivo em muitas regiões de sua ocorrência natural. Em Roraima, contudo, ainda não há plantios comerciais da espécie, apesar da intensa exploração desse recurso florestal. Por isso, o objetivo desse trabalho foi estabelecer um conjunto de descritores fenotípicos discretos apropriados para avaliar a diversidade genética de subamostras de *P. quinata*, contribuindo com as atividades de seleção de matrizes e melhoramento regional da espécie. As informações foram obtidas de indivíduos com idade de oito anos, cultivados em um campo experimental da Embrapa (2° 21' N e 60° 57' W). Todas as plantas foram originadas de sementes coletadas em populações nativas de quatro regiões do estado. Após algumas avaliações preliminares, foram definidas 17 variáveis fenotípicas discretas, relativas a caracteres das folhas (sete variáveis), qualidade do fuste e arquitetura da copa (cinco variáveis), incidência e formato de acúleos (cinco variáveis). As informações relativas a cada indivíduo foram codificadas para um sistema binário, cuja matriz resultante foi utilizada para estimar a divergência ou dissimilaridade entre todos os pares de indivíduos. A matriz de dissimilaridade foi empregada em processos de agrupamento por meio de diferentes técnicas (projeção gráfica, UPGMA e Tocher), utilizado aplicativo GENES. Dos 315 indivíduos avaliados 60% (191) são inermes e os 40% restantes (121) aculeados. Assim, as análises envolvendo todos os indivíduos foram realizadas considerando apenas 14 variáveis. A matriz de dissimilaridade obtida com esses dados indicou a existência de 21 réplicas, as quais foram excluídas destas análises. Também foram realizadas análises de divergência considerando, em separado, os indivíduos inermes ou aculeados. Neste último caso, todas as 17 variáveis foram utilizadas. O conjunto de variáveis e os métodos de análises empregados possibilitaram, de modo geral, evidenciar a existência de ampla divergência entre as subamostras investigadas. Ademais, algumas dessas variáveis referem-se a características de interesse silvicultural, como qualidade do fuste, arquitetura da copa, ausência de bifurcações e de acúleos. Por isso, as informações produzidas são de grande utilidade no processo de seleção de matrizes para propagação e melhoramento da espécie.

Palavras-chave: *Pachira quinata*, recursos genéticos, silvicultura, análise multivariada

Apoio Financeiro: CNPq, Embrapa.