



*o equilíbrio  
entre o passado  
e o futuro*

RESUMO  
PREMIADO

06 a 07 de dezembro de 2018 – Brasília/DF

## Variabilidade genética entre clones elite de seringueira estimada com base na caracterização molecular

**Marcelo Fideles Braga<sup>1</sup>, Jamile da Silva Oliveira<sup>1</sup>, Fábio Gelape Faleiro<sup>1</sup>, Wanderlei Antonio Alves de Lima<sup>1</sup>, Josefino de Freitas Fialho<sup>1</sup>, Leo Duc Haa Carson Schwartzaupt da Conceição<sup>1</sup>, Ailton Vitor Pereira<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Embrapa – BR-020, km 18, s/n, CEP: 73310-970, Planaltina – DF, [jamiloliveira54@gmail.com](mailto:jamiloliveira54@gmail.com), [fabio.faleiro@embrapa.br](mailto:fabio.faleiro@embrapa.br), [wanderlei.lima@embrapa.br](mailto:wanderlei.lima@embrapa.br), [josefino.fialho@embrapa.br](mailto:josefino.fialho@embrapa.br), [leo.carson@embrapa.br](mailto:leo.carson@embrapa.br), [marcelo.fideles@embrapa.br](mailto:marcelo.fideles@embrapa.br), [ailton.pereira@embrapa.br](mailto:ailton.pereira@embrapa.br)

### RESUMO

A seringueira é uma espécie amazônica típica de matas úmidas, várzeas e matas ciliares, podendo ocorrer também em matas de terra firme e que apresenta grande variabilidade. Neste estudo, objetivou-se quantificar a variabilidade entre clones elites e acessos do Banco de Germoplasma de Seringueira (BGHevea) da Embrapa Cerrados. Foram analisando 29 acessos. Os marcadores ISSR gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foi estimada a dissimilaridade genética, com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei e Li. A matriz de dissimilaridade genética foi empregada para realizar análises de agrupamento por meio de dendrograma e a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais. A análise dos 29 genótipos de seringueira, por meio do uso dos oito *primers*, gerou um total de 101 marcadores ISSR, perfazendo uma média de 12,62 marcadores por primer. A elevada percentagem de marcadores polimórficos e a média de marcadores por iniciador demonstrou a alta variabilidade genética entre os genótipos. Observou-se que os valores de distâncias variaram de 0,1 a 0,5 (dados não apresentados), sendo que as maiores distâncias genéticas foram observadas entre os clones 763 e Spr; 768 e 746; 769 e 735 e 752. A maior distância entre o clone 763 e Spr era esperada, considerando que são de espécies diferentes. A variabilidade genética entre os 29 genótipos, pode ser atribuída à própria natureza de reprodução do gênero, predominantemente alógama, com frequentes eventos de recombinação e segregação. O agrupamento revelou a formação de diferentes grupos de similaridade. Por meio dos marcadores moleculares ISSR foi possível quantificar a variabilidade genética existente entre clones elite e outros acessos do banco de germoplasma de seringueira da Embrapa Cerrados e estabelecer diferentes grupos de similaridade.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Hevea brasiliensis*, caracterização molecular, diversidade genética.

Patrocínio



Promoção



Organização



FAV/UnB

