



III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

18 a 21 de novembro de 2014 Santos-SP

ISBN - 978-85-66836-07-3

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA PARA SISTEMAS IRRIGADOS NO CERRADO COM BASE EM MARCADORES RAPD

RENATO FERNANDO AMABILE¹; FÁBIO GELAPE FALEIRO²; FLÁVIO CAPETTINI³; WALTER QUADROS RIBEIRO JÚNIOR⁴; JOSÉ RICARDO PEIXOTO⁵; BERNARDO ALMEIDA⁶

¹ Pesquisador- Embrapa Cerrados, Planaltina - DF, e-mail: renato.amabile@embrapa.br

² Pesquisador- Embrapa Cerrados, Planaltina - DF, e-mail: fabio.faleiro@embrapa.br

³ Pesquisador- Field Crop Development Centre, Canadá, e-mail: flavio.capettini@gov.ab.ca

⁴ Pesquisador- Embrapa Cerrados, Planaltina - DF, e-mail: walter.quadros@embrapa.br

⁵ Professor - UnB, Brasília - DF, e-mail: peixoto@unb.br

⁶ Agrônomo - UFT, Palmas - TO, e-mail: bc_almeid@yahoo.com.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 39 acessos de cevada elite da coleção de trabalho de cevada da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares RAPD. Foram usados 15 iniciadores decâmeros para a obtenção dos marcadores RAPD, que foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os diferentes acessos e realizadas análises de agrupamento. Foram obtidos 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) foram polimórficos. As dissimilaridades genéticas variaram de 0,049 a 0,337, entre os acessos de cevada. Os genótipos PFC 2004033 e Prestige mostraram maior dissimilaridade genética que os demais genótipos. A análise de agrupamento e de dispersão gráfica mostrou uma tendência de agrupamento entre os genótipos mexicanos e americanos. Outra tendência de agrupamento também foi encontrada entre os genótipos de seis fileiras de grãos. Acessos desenvolvidos e utilizados no Brasil e também os genótipos provenientes da Alemanha, Inglaterra e Austrália têm demonstrado a maior divergência genética entre si, sendo considerados opções interessantes para aumentar a base genética dos programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Hordeum vulgare* L.; diversidade genética; marcador molecular.

INTRODUÇÃO

A cevada, *Hordeum vulgare* sp. *vulgare*, – quarto cereal mais semeado no mundo – tem se mostrado com alto potencial para integrar sistemas de produção do Cerrado. Tradicionalmente, o plantio da cultura restringe às áreas mais temperadas do Sul do país. Contudo, a Embrapa tem desenvolvido pesquisas com a cevada no sistema irrigado do Cerrado, demonstrando a viabilidade técnica e econômica da cultura para este sistema.

No programa de melhoramento, a caracterização dos recursos genéticos é fundamental, pois através desta atividade de inovação, contribui-se significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos da agricultura brasileira. Por isso, torna-se fundamental um maior conhecimento sobre os recursos genéticos de cevada, que impactará positivamente, corroborando para os programas de seleção e avaliação de acessos da cultura, que atendam às exigências do sistema produtivo irrigado do Cerrado, fixando a cevada como alternativa agrônoma e econômica a essa região.

O objetivo deste trabalho foi caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 39 acessos de cevada elite da coleção de trabalho de cevada da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares RAPD.

METODOLOGIA

Foram utilizados no estudo, Foram utilizados 39 acessos de cevada elite, cervejeira e nua, provenientes da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados, de origem mexicana, estadunidense, canadense, australiana, inglesa, alemã, além das linhagens brasileiras obtidas do programa de melhoramento de cevada da Embrapa.

O trabalho foi executado no Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Embrapa Cerrados. Inicialmente 48 primers foram testados para os ajustes nas reações de PCR. A partir destes foram selecionados e utilizados 15 iniciadores que geraram maior quantidade e qualidade das amplificações: OPD (03, 07 e 08), OPF (05, 09, 14 e 20), OPG (05, 08, 15 e 17), OPH (04, 12, 14 e 20).

Os marcadores RAPD gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os diferentes genótipos, com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li e, na sequência, foram obtidos a matriz de distância genética, o dendograma pelo método UPGMA, o coeficiente de correlação cofenético (r) conforme SOKAL & ROHLF e os gráficos de dispersão com base no uso ou não no programa de melhoramento de brasileiro de cevada e quanto a origem.



RESULTADOS E CONCLUSÕES

Foram obtidos 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) foram polimórficos. Os iniciadores OPD07, OPD08, OPF05 e OPH12 apresentaram maior número de bandas polimórficas.

Pela análise de agrupamento verificou-se a formação de um grande grupo de similaridade, adotando como ponto de corte (distância genética média de 0,181). Este grupo apresentou alta estabilidade (100%) com base nas análises de Bootstrapping (Figura 1). Observa-se que todos os genótipos oriundos do México e dos EUA ficaram dentro deste grupo.

RESULTADOS E CONCLUSÕES

Dentro deste grupo principal de similaridade, pode-se observar formação de subgrupos de similaridade. Um deles envolve a cultivar BRS 195 e o genótipo PFC 2003122, com uma distância genética de 0,059. Esta baixa distância genética é explicada pelo fato da BRS 195 ser o genitor do genótipo PFC 2003122. Neste grupo de similaridade, todos os materiais elites hexásticos, também provenientes de seleções e hibridações realizadas nos EUA, México e dos materiais do Brasil introduzidos, selecionados ou hibridizados juntos aos programas de melhoramentos destes países, ficaram agrupados. Isso indica que este agrupamento é uma consequência da pressão de seleção gerada pelos melhoristas daqueles países.

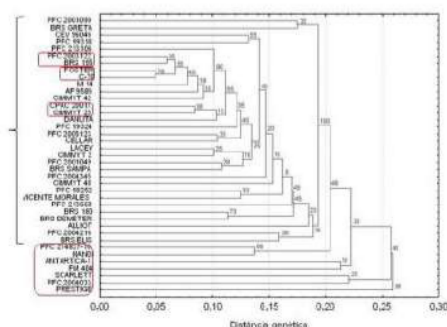


Figura 1. Análise de agrupamento de 39 genótipos de cevada. Os valores encontrados nos grupos indicam o valor percentual de vezes que os genótipos se agruparam em 500 ciclos de análise de bootstrapping. O valor do coeficiente de correlação cofenético (r) é de 0,91.

Em relação a dispersão dos genótipos de cevada em relação a sua característica número de fileiras de grãos por espiga (hexística/dística ocorreu tendência de agrupamento dos materiais genéticos hexásticos exceto para o genótipo Nandi (Figura 2).

Considerando as diferentes origens geográficas dos materiais genéticos de cevada observados, verifica-se a concentração dos genótipos de origem mexicana à exceção da cultivar Vicente Morales (Figura 2).

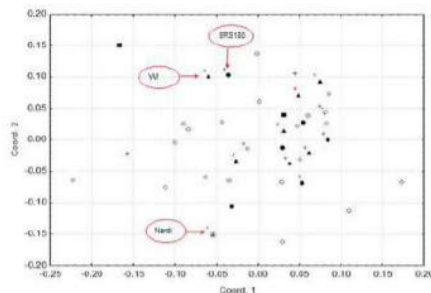


Figura 2. Dispersão gráfica de 39 acessos de cevada com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 160 marcadores RAPD. (○) Brasil; (▲) México; (■) Inglaterra; (+) Alemanha; (●) EUA e (x) Austrália. * Hexásticos

- Verifica-se, na coleção de trabalho avaliada, elevada variabilidade genética passível de ser utilizada no melhoramento genético.
- Existe estruturação genética entre os genótipos avaliados, com tendência de agrupamento entre os genótipos mexicanos e estadunidenses, tendo sido observada, igualmente, tendência de agrupamento para os materiais hexásticos.
- Acessos desenvolvidos e utilizados no Brasil e da Alemanha, Inglaterra, Austrália apresentam maior dissimilaridade genética entre si, sendo opções para a ampliação da base genética.