

DESCRITORES FOLIARES E DIVERSIDADE DE GENÓTIPOS DE SERINGUEIRA

Wanderlei Antônio Alves de Lima ⁽¹⁾, Josefino de Freitas Fialho ⁽¹⁾, Fábio Gelape Faleiro ⁽¹⁾, Ailton Vitor Pereira ⁽²⁾, Adriano Delly Veiga ⁽¹⁾, Marcelo Fideles Braga ⁽¹⁾, Nilton Tadeu Vilela Jungueira ⁽¹⁾, Jamile da Silva Oliveira ⁽¹⁾

(1) Embrapa Cerrados-CPAC. wanderlei.lima@embrapa.br, josefino.fialho@embrapa.br, fabio.faleiro@embrapa.br, ailton.pereira@embrapa.br, adriano.veiga@embrapa.br, marcelo.fideles@embrapa.br, nilton.junqueira@embrapa.br, jamile.oliveira54@gmail.com

(2) Embrapa Produtos e Mercado, ailton.pereira@embrapa.br

Palavras-chave: *Hevea spp.*, fenótipos, seleção, diversidade genética, parâmetros genéticos,

INTRODUÇÃO

O uso de cultivares melhoradas, adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas, produtivas e resistentes a insetos-pragas e doenças é fundamental para o desenvolvimento econômico e sustentável da heveicultura nacional. Atualmente, os sistemas de produção no Brasil são extremamente dependentes de poucos clones importados, principalmente do sudeste asiático. No Brasil, há uma rica variabilidade genética que precisa ser caracterizada e utilizada na base dos programas de melhoramento genético. No caso da seringueira, que é uma planta alógama, torna-se imperativo para a pesquisa, a caracterização de forma prática deste material pela vasta segregação genética de indivíduos resultante da germinação de suas sementes, quer seja em seringais nativos ou em Banco Ativos de Germoplasma (BAGs).

Os descritores morfológicos botânicos são importantes para a caracterização de espécies, além de serem requisitos básicos para o registro e proteção de cultivares no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). O Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC-MAPA) publicou em 2010, uma lista de 27 descritores para cultivares seringueira (*Hevea* Aubl.), sendo que 14 destes relacionadas à estrutura foliar da seringueira e os demais ao tronco, à árvore em si (formato, densidade de folhagem e desfolha), ao coágulo e à semente.

Ao se considerar a importância dos recursos genéticos de seringueira para o sucesso do programa de melhoramento, manejo e/ou exploração comercial da seringueira, é de suma importância o estabelecimento de diretrizes, não só para avaliar a distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade (DHE) dos clones dos jardins clonais, das plantações comerciais e dos seringais nativos, mas também para tomada de decisão a respeito de seleção futuras de matrizes elite.

Neste trabalho, objetivou-se realizar a caracterização morfológica e analisar a variabilidade genética de genótipos do Banco de Germoplasma de Seringueira (BGHevea) da Embrapa Cerrados, por meio de descritores de estrutura foliar.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo realizou-se a caracterização morfológica das folhas de 111 genótipos seringueira em condição de jardim clonal, pertencente ao BGHevea da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF, localizado a 15°39'84" de latitude S, 47°44'41" de longitude W e 1.000 m de altitude. Os genótipos avaliados foram os seguintes, identificados pelos respectivos números no BGHevea: 567, 571, 572, 573, 574, 575, 576, 577, 578, 579, 580, 636, 639, 645, 648, 656, 664, 666, 668, 715, 716, 717, 718, 720, 723, 724, 726, 728, 729, 731, 733, 734, 735, 736, 737, 738, 739, 740, 741, 742, 743, 745, 750, 751, 753, 755, 756, 758, 759, 760, 761, 762, 763, 764, 765, 767, 768, 769, 770, 771, 772, 773, 776, 785, 786, 787, 788, 792, 793, 795, 796, 809, 810, 811, 812, 814, 815, 816, 817, 818, 819, 820, 821, 822, 824, 831, 835, 836, 838, 839, 840, 841, 842, 843, 844, 845, 846, 847, 848, 849, 850, 851, 853, 854, 855, 856, 857, 858, 859, 860 e 863.

A caracterização foi baseada nos 14 descritores morfológicos de estruturas foliares propostos pelo Serviço Nacional de Proteção de cultivares (SNPC-MAPA, 2010) e outros três adicionais. A mensuração das características quantitativas foi realizada com o auxílio de uma régua graduada e uma lupa de bolso e, em seguida, atribuídos códigos sequenciais numéricos de acordo com a classe fenotípica dos descritores obtidos para cada genótipo, conforme demonstrado na Tabela 1.

A partir da matriz de descritores multicategóricos de cada material, estimou-se a dissimilaridade genética entre os acessos analisados, considerando a análise de correspondência simples que permite



explorar um conjunto de dados multivariados de “n” indivíduos avaliados em “p” descritores categóricos. A matriz de dissimilaridade genética entre os 111 genótipos analisados foi utilizada para realizar as análises de agrupamento por meio de dendrogramas, utilizando-se como critério o método do UPGMA (*Unweighted pair-group method arithmetic average*). Foram também realizadas análises de dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS Institute Inc.,1989). As demais análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

Tabela 1. Tabela de descritores de estruturas foliares de seringueira (*Hevea* Aubl.) do SNPC-MAPA publicado em dezembro de 2010, exceto os itens 15,16 e 17.

Característica	Identificação da Característica	Código de cada descrição
1. Lançamento Foliar: Formato da parte superior	Agudo	1
	Obtuso	2
	Redondo	3
	Achatado	4
2. Folha: Formato do folíolo central comparado com os laterais	Similar ou ligeiramente diferente	1
	Moderadamente diferente	2
	Muito diferente	3
3. Folha: intensidade da cor verde na parte superior	Clara	3
	Média	5
	Escura	7
4. Folha: brilho na parte superior	Ausente ou fraco	1
	Médio	2
	Forte	3
5. Folha: textura da superfície da parte superior	Lisa ou ligeiramente rugosa	1
	Moderadamente rugosa	2
	Muito rugosa	3
6. Folha: pubescência nos nervos da parte inferior (pubescência na face inferior dos folíolos)	Ausente	1
	Presente	2
7. Lâmina do folíolo: atitude em relação ao pecíolo (Inclinação do folíolo em relação ao pecíolo)	Semi-ereto	1
	Horizontal	2
	Semi-inclinado	3
8. Lâmina do folíolo: comprimento	Curto	3
	Médio	5
	Longo	7
9. Lâmina do folíolo: posição da parte mais larga	Em direção a base	1
	No meio	2
	Em direção ao ápice	3
10. Lâmina do folíolo: eixo na seção longitudinal (corte longitudinal do folíolo)	Reto	1
	Convexo	2
	Sigmoide	3
11. Lâmina do folíolo: ondulação da margem	Ausente ou fraca	1
	Média	2
	Forte	3
12. Lâmina do folíolo: formato da base (folha: forma da parte basal do folíolo)	Afilada	1
	Cuneiforme	2
	Obtusa	3
13. Lâmina do folíolo: formato do ápice exceto a ponta.	Agudo	1
	Obtuso	2

(folha: forma da parte apical do folíolo exceto a ponta)	Arredondada	3
14. Pecíolo: atitude (Inclinação do pecíolo em relação ao caule)	Semi-ereto	1
	Horizontal	2
	Semi-inclinado	3
15. Folha: cor do pecíolo	Verde totalmente	1
	Verde amarelado	2
	Verde amarronzado	3
	Marrom esverdeado	4
	Verde arroxeado	5
	Roxo esverdeado	6
	Marrom ou roxo	7
16. Folha: Proximidade dos folíolos	Predominantemente separados	1
	Próximo e ligeiramente separados	2
	Próximos e ligeiramente trespassados	3
	Predominantemente trespassados	4
17. Folha: corte transversal do folíolo	Plano	1
	Ligeiramente côncavo ou em V bem aberto	2
	Muito Côncavo ou em V mais fechado	3

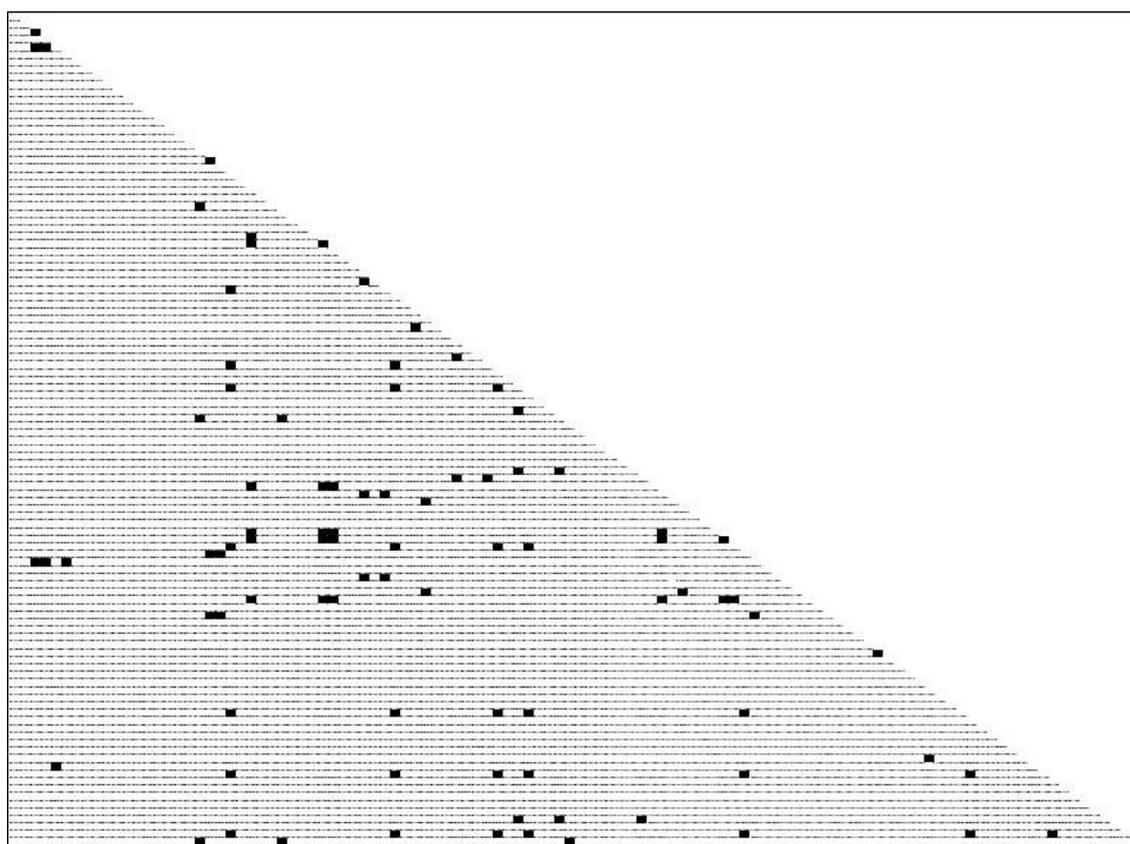
RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi possível verificar e quantificar a variabilidade genética entre os genótipos de *Hevea ssp.* analisados, com base nos descritores de estruturas foliares, por meio das medidas de dissimilaridade genética entre os genótipos (Figura 1). As maiores medidas de dissimilaridade genética encontradas de 0,588 e 0,529 foram obtidas entre 24 combinações: (639:648), (639:759), (579:768), (755:792) e (759:846) com medida de dissimilaridade genética de 0,588 e (567:639), (567:648), (567:666), (567:728), (639:728), (648:729), (666:729), (648:731), (724:729), (639:755), (579:759), (728:771), (567:792), (718:792), (729:759), (729:792), (745:792), (755:792), (759:847) e (771:792) com medida de dissimilaridade genética de 0,529. Os genótipos 759, 648, 755 e 639 apresentaram as maiores dissimilaridades genéticas médias de 0,418; 0,377; 0,361 e 0,360, respectivamente, sendo, portanto, os que apresentaram maior diversidade genética em relação aos demais genótipos.

Ainda na Figura 1, é possível verificar também que as medidas de dissimilaridade genética entre 86 combinações de genótipos foi 0 (zero), ou seja, não foi possível a diferenciação desses genótipos por meio dos descritores de estruturas foliares. Possivelmente, a inclusão de novos descritores do tronco, da árvore, do coágulo e da semente pode permitir a diferenciação fenotípica desses genótipos analisados. Outra possibilidade para aumentar o poder de diferenciação dos genótipos analisados é usar marcadores moleculares do DNA (FALEIRO, 2007).

As análises de agrupamento e dispersão gráfica dos genótipos com base na matriz de dissimilaridade genética (Figura 1) evidenciam a variabilidade genética entre os genótipos. Entretanto, muitos deles foram muito próximos entre si. No dendrograma (Figura 2A), adotando-se como ponto de corte o índice de dissimilaridade médio (0,21), pode-se verificar a formação de 15 grupos de similaridade. Os grupos 1 e 2 foram os maiores em número de genótipos com 61 e 27 genótipos, respectivamente. Os demais 13 grupos de similaridade apresentaram apenas um, dois ou três genótipos. Dez grupos de similaridade foram formados por apenas um genótipo cada. Estes 10 genótipos mais diversos foram 567, 729, 666, 755, 768, 579, 728, 648, 639 e 759. Os genótipos desses grupos merecem atenção especial nas próximas etapas de avaliação fenotípica devido à maior variabilidade que apresentaram entre si. Esta variabilidade não ficou tão evidenciada na dispersão gráfica dos genótipos (Figura 2B), onde houve a formação de praticamente um único grande grupo de similaridade.

Figura 1. Matriz de dissimilaridade genética entre 111 genótipos do BGHevea da Embrapa Cerrados, calculada com base no índice de coincidência simples, utilizando-se 17 descritores foliares multicategóricos, Planaltina DF, 2017.



■ = Dissimilaridade genética = 0

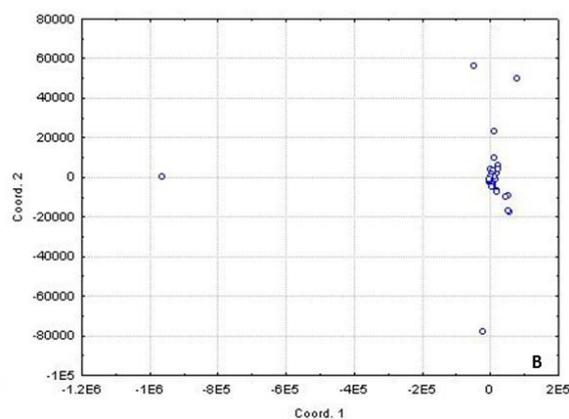
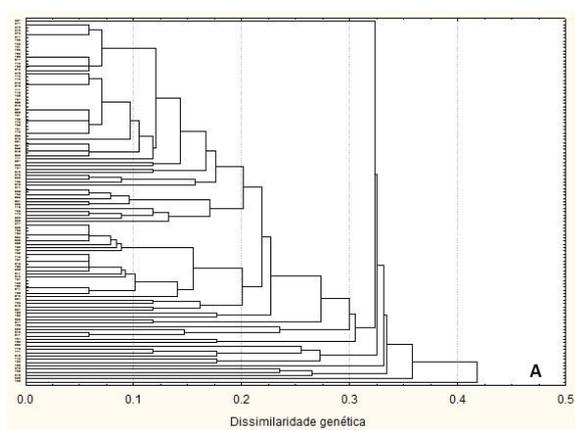


Figura 2. Análise de agrupamento (A) e dispersão gráfica (B) de 111 genótipos do BGHevea da Embrapa Cerrados, com base na matriz de distâncias genéticas calculadas, utilizando-se 17 descritores foliares. O método UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento.

De maneira geral, entende-se que os descritores baseados em estruturas foliares de seringueira contribuem para a caracterização e diferenciação dos genótipos, entretanto, a associação destes descritores com descritores de outras estruturas da planta vai ser importante para auxiliar e complementar a distinção desses materiais. Além disso, características relacionadas à produtividade e resistência à doenças também vão contribuir para a diferenciação de genótipos e subsidiar futuros trabalhos de seleção e recombinação.

CONCLUSÕES

A utilização de descritores de estrutura foliar é útil para a caracterização de genótipos de seringueira e também para quantificar a variabilidade genética entre eles. Entretanto, outros descritores são necessários para a diferenciação de alguns genótipos e para fornecer uma visão mais ampla da diversidade genética desses clones de seringueira do BAG da Embrapa Cerrados.

REFERÊNCIAS

CRUZ, C.D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

FALEIRO, F.G. *Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos*. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102p.

MAPA. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de seringueira (*Hevea Aubl.*). Publicado no DOU nº251, 31/12/2010, seção 1, p.35. Proteção de cultivares. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/protecao-cultivares/formularios-protecao-cultivares>. Consultado dia 09 de janeiro de 2017.

SAS INSTITUTE. *SAS/STAT user's guide*. Version 6, 4th. Ed. Cary. North Caroline, 1989, 846 p.

