

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SERINGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS MULTICATEGÓRICAS

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

⁽¹⁾ Embrapa Cerrados, jamile.oliveira54@gmail.com, fabio.faleiro@embrapa.br, wanderlei.lima@embrapa.br, josefinno.fialho@embrapa.br, adriano.veiga@embrapa.br, marcelo.fideles@embrapa.br. ⁽²⁾ Embrapa Produtos e Mercado, ailton.pereira@embrapa.br

Palavras-chave: Euphorbiaceae, *Hevea*, caracterização morfológica, diversidade genética

INTRODUÇÃO

A seringueira é uma espécie típica de matas úmidas, várzeas e matas ciliares, podendo ocorrer também em matas de terra firme. Seu principal hábito é arbóreo, que pode variar de altura de mediana (entre 7 e 10 m) a muito grande, atingindo 15 a 50 m de altura. As folhas são trifolioladas, com pecíolo longo; a base engrossada no pulvino pode exibir até três glândulas na junção dos peciólulos. O folíolo central é um pouco diferente dos laterais, comumente um pouco maior e com base um pouco mais estreita (SECCO, 2008), sendo as diferenças na morfologia foliar importantes na diferenciação inter e intra-específica.

Programas de melhoramento genético da seringueira têm um papel importante no incremento da produção de borracha. Os objetivos dos programas de melhoramento da seringueira variam de acordo com as necessidades específicas de cada região. Mas de forma geral, tem sido fundamentado na obtenção de clones com alto potencial de produção, seguido de outros caracteres secundários desejáveis que contribuem para a aumento da produtividade. A técnica usual para melhorar esses caracteres tem sido a seleção fenotípica dos genitores, a hibridização e finalmente, a seleção clonal. Para subsidiar esses trabalhos de seleção e recombinação, estudos sobre a variabilidade genética são de grande importância. Neste trabalho, objetivou-se quantificar a variabilidade genética entre genótipos promissores e outros acessos do banco de germoplasma de seringueira da Embrapa Cerrados com base em características morfológicas multicategóricas de folhas e analisar a importância destas características na diferenciação dos genótipos.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na área experimental da Embrapa Cerrados, localizada em Planaltina, DF, a 15°39'84" de latitude S, 47°44'41" de longitude W e 1000 m de altitude. Foram caracterizados 29 genótipos do banco de germoplasma de seringueira da Embrapa Cerrados: 745, 759, 762, 763, 764, 765, 766, 768, 769, 770, 776, 840, 850, 859, 860, 863, 648, 831, 778, 749, 639, 638, 746, SPR, 635, 752, 676, 677 e 771. Para caracterização dos genótipos, utilizaram-se 17 descritores multicategóricos de folhas preconizados pelo SNP-C-MAPA (Tabela 1).

As distâncias genéticas entre os 29 genótipos de seringueira foram calculadas com base em análises multivariadas, considerando todos os 17 descritores morfoagronômicos das folhas. As estimativas foram baseadas no complemento do índice de coincidência simples, calculado com auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2013). Com base nas matrizes de distâncias genéticas foram realizadas análises de agrupamento dos genótipos via dendrograma, utilizando como critério de agrupamento o método da ligação média entre grupos não ponderados, UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*). Foi realizada também a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio dos Programas SAS (SAS INSTITUTE INC., 2008) e Statistica (STATSOFT INC., 2005).



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

Características	Descrição	Código
1 - Lançamento Foliar: Formato da parte superior	Agudo	1
	Obtudo	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 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. (folha: forma da parte apical do folíolo exceto a ponta)	Agudo	1
	Obtuso	2
	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 (pecíolo novo)	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

Pela matriz de dissimilaridade genética (Tabela 2), observou-se que a maior distância genética (0,7) foi apresentada entre os genótipos 2 (759) e 23 (746), sendo os que mais diferiram entre si. Dos 17 descritores avaliados, esses dois genótipos diferiram em 12 descritores, sendo similares apenas nos descritores 2, 5, 6, 14 e 15 (Tabela 1). Muitos genótipos apresentaram distância genética de 0,1 entre si. Certamente, esta distância seria maior se fossem analisados descritores morfoagronômicos de outras estruturas da planta, que contemplem um maior número de características, como por exemplo, descritores do tronco, da árvore, do coágulo e da semente, permitindo uma maior diferenciação fenotípica dos genótipos analisados. Outra possibilidade para aumentar o poder de diferenciação dos genótipos analisados consiste no uso marcadores moleculares do DNA (Faleiro, 2007).

Pela análise de agrupamento e dispersão gráfica dos genótipos com base na matriz de dissimilaridade genética (Figura 1), evidencia-se a variabilidade genética entre eles. Adotando-se como ponto de corte o índice de dissimilaridade médio (0,3), pode-se verificar a formação de seis grupos de similaridade. O grupo um, contempla o maior número de genótipos (19), sendo que o 766 e o Spr são os mais divergentes deste grupo. Foram verificados cinco genótipos no grupo dois, sendo que os genótipos 735 e 863 não diferiram entre si com base nas 17 características das folhas. Para certificar a identidade genética dos clones 735 e 863 outras características morfológicas e marcadores moleculares do DNA seriam necessários. O grupo seis foi formado por 2 genótipos e os outros grupos (três, quatro e cinco) foram formados apenas por um genótipo cada.

Tabela 2. Matriz de dissimilaridade genética entre 29 genótipos de seringueira calculadas com base no complemento do índice de coincidência simples utilizando 17 descritores multicategóricos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2017.

Genótipo	Nº	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29			
745	1	0,3	0,4	0,2	0,2	0,4	0,2	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,4	0,3	0,2	0,1	0,2	0,4	0,3	0,4	0,3	0,4	0,3	0,4	0,3	0,4	0,4	0,2	
759	2		0,4	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4	0,4	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4	0,3	0,6	0,4	0,7	0,5	0,4	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4	0,4		
762	3			0,2	0,2	0,1	0,5	0,3	0,1	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,1	0,5	0,2	0,4	0,3	0,4	0,3	0,5	0,4	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,4		
763	4				0,2	0,3	0,3	0,3	0,2	0,2	0,1	0,1	0,1	0,1	0,2	0,3	0,4	0,1	0,2	0,2	0,4	0,2	0,4	0,3	0,3	0,2	0,4	0,4	0,2	0,4		
764	5					0,2	0,2	0,3	0,1	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,2	0,4	0,1	0,1	0,2	0,3	0,1	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4	0,3	0,3	0,3		
765	6						0,4	0,4	0,2	0,3	0,2	0,2	0,3	0,3	0,2	0,0	0,4	0,2	0,3	0,4	0,4	0,2	0,5	0,4	0,2	0,2	0,2	0,2	0,1	0,4		
766	7							0,4	0,4	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,4	0,3	0,2	0,1	0,3	0,5	0,2	0,5	0,4	0,3	0,4	0,5	0,5	0,4	0,4		
768	8								0,2	0,3	0,3	0,4	0,2	0,4	0,2	0,4	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4	0,4	0,3	0,5	0,5	0,3	0,3		
769	9									0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,5	0,3	0,3	0,1	0,4	0,3	0,3	0,3		
770	10										0,1	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,4	0,2	0,1	0,4	0,4	0,2	0,5	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,4	0,1		
776	11											0,2	0,2	0,1	0,1	0,2	0,4	0,1	0,2	0,2	0,3	0,1	0,4	0,3	0,2	0,2	0,4	0,3	0,2	0,2		
840	12												0,1	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,2	0,3	0,4	0,3		
850	13													0,2	0,1	0,3	0,4	0,1	0,2	0,2	0,4	0,2	0,4	0,3	0,3	0,2	0,4	0,4	0,4	0,2		
859	14														0,2	0,3	0,3	0,1	0,2	0,2	0,4	0,2	0,4	0,2	0,2	0,4	0,3	0,4	0,4	0,2		
860	15															0,2	0,4	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,4	0,3	0,2	0,2	0,4	0,3	0,3	0,3		
863	16																0,4	0,2	0,3	0,4	0,4	0,2	0,5	0,4	0,2	0,2	0,2	0,2	0,1	0,4		
648	17																	0,4	0,2	0,4	0,6	0,4	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4	0,5	0,4	0,4		
831	18																		0,1	0,3	0,4	0,2	0,4	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,3	0,3		
778	19																			0,3	0,4	0,2	0,4	0,2	0,3	0,3	0,4	0,4	0,2	0,2		
749	20																				0,4	0,1	0,5	0,3	0,1	0,2	0,5	0,4	0,3	0,3		
639	21																					0,4	0,2	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4	0,5	0,4	0,5	
638	22																						0,4	0,3	0,1	0,2	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	
746	23																							0,3	0,4	0,5	0,5	0,4	0,5	0,4	0,5	
Spr	24																								0,3	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	
635	25																									0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	
752	26																										0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	
676	27																												0,2	0,4	0,4	
677	28																													0,5	0,5	
771	29																														-	-



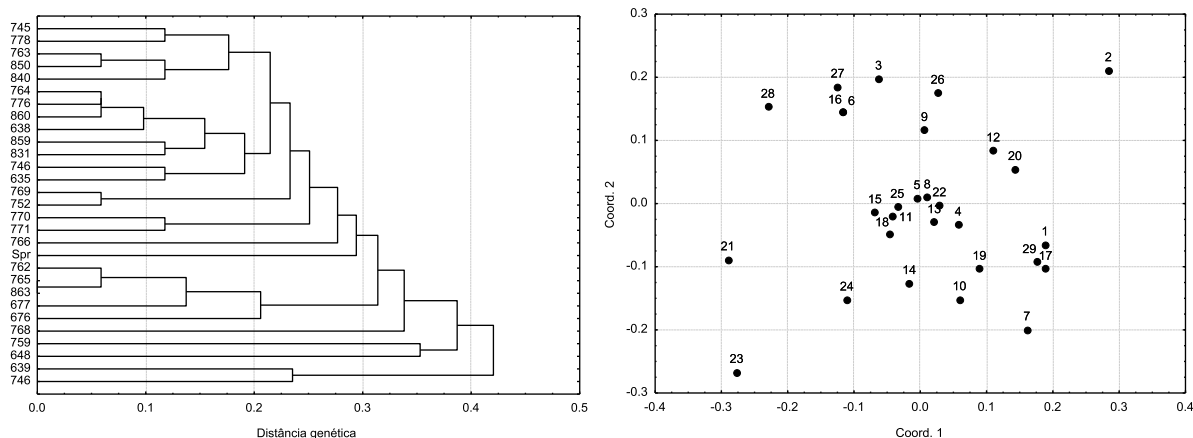


Figura 1. Análise de agrupamento e dispersão gráfica de 29 genótipos de seringueira, com base na matriz de dissimilaridade genética calculada utilizando-se 17 descritores multicategóricos. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento. O método das coordenadas principais foi utilizado na análise de dispersão gráfica. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,85. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2017. Os números no gráfico de dispersão correspondem aos genótipos relacionados na Tabela 2.

A distribuição dos genótipos no gráfico de dispersão seguiu o mesmo padrão da formação dos grupos na análise de agrupamento. Merecem destaque, no gráfico de dispersão, os genótipos mais divergentes com base nas características das folhas: 23 (756), 21 (639), 28 (677), 24 (Spr) e 2 (759). Pode-se verificar que os genótipos promissores e os demais do BAG foram divergentes quanto aos descritores multicategóricos de folhas, embora muitos deles apresentem características comuns o que implica em baixos valores de dissimilaridade genética entre eles.

CONCLUSÃO

Genótipos promissores de seringueira e os demais acessos do BAG foram divergentes quanto a características multicategóricas de folhas. A análise e quantificação da variabilidade genética dos genótipos de seringueira com base nas características de folhas revelaram a formação de diferentes grupos de similaridade. A diferenciação entre os genótipos evidencia a importância deste grupo de descritores nos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade, exigidos nos processos de proteção de cultivares.

REFERÊNCIAS

- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- FALEIRO, F. **Marcadores moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.
- SAS INSTITUTE. **SAS user's guide**: statistic: version 9.1.3. Cary: SAS Institute, 2008. 846 p.
- SECCO, R.S. A botânica da seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A.D. Juss.) Muell. Arg.]. In: ALVARENGA, A. P.; CARMO, C. A. F. S. (Ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2008. p. 01-24.
- STATSOFT, Inc. Statistica for Windows (data analysis software system), version 7.1. **Statsoft**, Tulsa, Oklahoma (USA), 2007.