



*o equilíbrio  
entre o passado  
e o futuro*

RESUMO  
PREMIADO

06 a 07 de dezembro de 2018 – Brasília/DF

## **Análise do parentesco e identidade genética entre clones de seringueira baseada em caracterização morfológica e molecular**

**Ailton Vitor Pereira<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>, Adriano Delly Veiga<sup>1</sup>, Marcelo Fideles Braga<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), [adriano.veiga@embrapa.br](mailto:adriano.veiga@embrapa.br), [marcelo.fideles@embrapa.br](mailto:marcelo.fideles@embrapa.br), [ailton.pereira@embrapa.br](mailto:ailton.pereira@embrapa.br)

### **RESUMO**

Os marcadores moleculares podem revelar polimorfismos entre genótipos muito próximos geneticamente e descritores morfoagronômicos apresentam algumas vantagens e são utilizados nos processos de proteção de cultivares. Neste estudo, objetivou-se estabelecer o possível grau de parentesco, semelhança genética e confirmar a identidade entre dois clones de seringueira. Foram analisados os clones: CPAC 01 e PB 235. Os marcadores ISSR e RAPD gerados foram convertidos em matriz de dados binários e calculadas as distâncias. Para caracterização morfoagronômica foram utilizados 17 descritores de folhas e as distâncias foram calculadas. A análise dos clones usando oito *primers* ISSR, gerou um total de 39 marcadores ISSR, perfazendo uma média de 6,5 marcadores por *primer*. Enquanto os três *primers* RAPD geram um total de 18 marcadores, perfazendo uma média de 6 marcadores por *primer*. A elevada porcentagem de marcadores monomórficos e a média de marcadores por iniciador demonstrou a baixa variabilidade entre os clones. Esse resultado pode ser explicado por um possível parentesco entre os clones, sustentando a hipótese de que o clone PB 235 seja possivelmente genitor do CPAC 01. Dos 17 descritores, 15 foram idênticos para os dois clones e dois dos descritores diferiram, sendo eles o comprimento do folíolo central da folha madura e a atitude dos folíolos da folha madura, com relação à proximidade entre eles. Esses dois descritores foram bastante efetivos na diferenciação dos dois clones elite de seringueira. As estimativas da distância genética entre os dois clones de seringueira com base nos marcadores moleculares ISSR e RAPD foram de 0,08 e 0,06, respectivamente. A estimativa da distância genética com base nos descritores morfoagronômicos relacionados as características de folha, foi de 0,12. Com base em marcadores moleculares ISSR e RAPD e descritores das folhas, pode-se concluir que os clones CPAC 01 e PB 235 não são idênticos, mas apresentam uma alta similaridade genética.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Hevea* spp., caracterização morfológica, caracterização molecular.

Patrocínio



Promoção



Organização



FAV/UnB

