

DESCRITORES MORFOLÓGICOS E VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS AMAZÔNICOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE SERINGUEIRA DA EMBRAPA CERRADOS

Wanderlei Antônio Alves de Lima¹, Josefino de Freitas Fialho², Jamile da Silva Oliveira³, Fábio Gelape Faleiro⁴, Ailton Vitor Pereira⁵

¹Eng. Agr. DSc Pesquisador da Embrapa Cerrados, Rodovia BR-020, Km 18, CEP: 73310-970 - Planaltina – DF wanderlei.lima@embrapa.br; ²Eng. Agr. MS Pesquisador da Embrapa Cerrados, josefino.fialho@embrapa.br; ³Eng. Agr. DSc Bolsista da Embrapa Cerrados, jamile.oliveira54@gamil.com; ⁴Eng. Agr. DSc Pesquisador da Embrapa Cerrados, fabio.faleiro@embrapa.br; ⁵Eng. Agr. DSc Pesquisador da Embrapa Cerrados, ailton.pereira@embrapa.br.

Identificação do evento: VI Congresso Brasileiro de Heveicultura - 22 a 24 de outubro de 2019, Belo Horizonte /MG.

Resumo: Considerando 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 dos genótipos, 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 59 acessos amazônicos do Banco de Germoplasma de Seringueira (BGHevea CPAC), por meio da análise de 22 descritores morfológicos. Foram estimadas dissimilaridades genéticas entre os acessos e realizada análises de agrupamento por meio de dendrograma e dispersão gráfica, usando o método das coordenadas principais. As análises evidenciam variabilidade entre os acessos amazônicos, indicando que tais genótipos são importantes para ações de pesquisa e desenvolvimento em programas de caracterização e uso de recursos genéticos e melhoramento genético da cultura. Os 22 descritores utilizados permitiram diferenciar os acessos, mostrando, desta forma, que tais descritores são importantes na diferenciação e caracterização dos acessos amazônicos de seringueira.

Palavras-chave: *Hevea spp.*, fenótipos, seleção, diversidade, características, recursos genéticos, melhoramento

Introdução

Programas de melhoramento genético da seringueira têm um papel importante no incremento da produção de borracha, sendo um dos principais objetivos do melhoramento dessa cultura. A crescente procura por novos clones de seringueira tem exigido pesquisas relacionadas com a caracterização de recursos genéticos, capazes de permitir aos melhoristas o uso de tais recursos no desenvolvimento de clones promissores para recomendação (AGUIAR, 2006).

No Brasil há uma rica variabilidade genética representada em seringais nativos, seringais de cultivo e Bancos Ativos de Germoplasma, que precisa ser conservada, caracterizada, documentada e utilizada na base dos programas de melhoramento genético da cultura (LIMA et al., 2017a). Parte desta variabilidade genética está sendo conservada em coleção “ex situ”, na forma de plantas vivas “in vivo” no campo de seringal adulto, no espaçamento de 16 a 20 m²/planta e de jardim clonal, no espaçamento de 1 a 2 m²/planta (BGHevea CPAC), que atualmente está composto por 822 genótipos de diferentes espécies e procedências, sendo 317 genótipos clonados e 505 pés-francos. Importantes resultados tem sido obtidos nos estudos da variabilidade e diversidade genética de parte dos acervos dessa coleção, através de descritores multicategóricos e moleculares (SOUZA et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2017; LIMA et al., 2017a; LIMA et al., 2017b e SOUZA, 2018).

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 são 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 (MAPA, 2017). Analisaram (LIMA et al, 2017a) a variabilidade genética de 111 clones em jardim clonal do BGHevea CPAC, através da utilização de 17 descritores morfológicos da estrutura foliar, sendo 14 deles publicados pelo SNPC-MAPA, e concluíram que a utilização dos descritores foi útil para a caracterização dos clones de seringueira e, também, para quantificar a variabilidade genética entre eles. Entretanto, sugeriram que outros descritores fenotípicos são necessários para a diferenciação de alguns clones e para fornecer uma visão mais ampla da diversidade genética desses clones de seringueira do BGHevea CPAC.

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 de futuras de matrizes elite.

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

Material e Métodos

Neste estudo, realizou-se a caracterização, por meio de descritores fenotípicos específicos, de 59 acessos amazônicos de pés-francos de seringueira originados de prospecção de coletas, realizadas em 1995/1996, nos Estados do Amazonas e do Pará, pertencentes ao BGHevea CPAC. A coleção de trabalho está implantada no campo experimental da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF, localizada nas coordenadas a 15°39'84" de latitude S, 47°44'41" de longitude W e 1000 m de altitude. O clima, conforme a classificação de Köppen é do tipo AW, ou seja, tropical com estação seca bem definida. Tem precipitação média anual de 1.400 mm concentrada no período de outubro a março. O período seco varia de 5 a 6 meses (abril a setembro), as médias de temperatura máxima e mínima são de 26,40 C e 15,90 C, respectivamente.

A caracterização foi baseada em 19 descritores de seringueira propostos pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC-MAPA, 2010) e outros três adicionais de acordo com a classe fenotípica dos descritores obtidos para cada acesso, segundo as características: 1) Lançamento Foliar: formato da parte superior, 2) Folha: formato do folíolo central comparado com os laterais, 3) Folha: intensidade da cor verde na parte superior, 4) Folha: brilho na parte superior, 5) Folha: textura da superfície da parte superior, 6) Folha: pubescência nos nervos da parte inferior, 7) Lâmina do folíolo: atitude em relação ao pecíolo, 8) Lâmina do folíolo: comprimento, 9) Lâmina do folíolo: posição da parte mais larga, 10) Lâmina do folíolo: eixo na seção longitudinal, 11) Lâmina do folíolo: ondulação da margem, 12) Lâmina do folíolo: formato da base, 13) Lâmina do folíolo: formato do ápice exceto a ponta, 14) Pecíolo: atitude, 15) Folha: cor do pecíolo (adicional), 16) Folha: Proximidade dos folíolos (adicional), 17) Folha (adicional): corte transversal do folíolo, 18) Tronco: curvatura do eixo, 19) Tronco: cor principal da casca, 20) Coágulo fresco: cor, 21) Copa: desfolha no inverno e 22) Copa: início da desfolha.

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, calculado com auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2013). A matriz de dissimilaridade genética entre os 59 genótipos analisados foi utilizada para realizar as análises de agrupamento por meio de dendrograma, utilizando-se como critério de agrupamento 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).

Com intuito de facilitar a visualização e apresentação dos resultados, a identificação dos 59 acessos será representada pela sua identificação no BGHevea, seguido, entre parêntese, pela identificação do seu respectivo número para a análise estáticas, assim descritos: 12 (1), 17 (2), 34 (3), 50 (4), 53 (5), 62 (6), 66 (7), 71 (8), 77 (9), 78 (10), 79 (11), 82 (12), 86 (13), 92 (14), 103 (15), 121 (16), 127 (17), 133 (18), 148 (19), 163 (20), 174 (21), 176 (22), 178 (23), 179 (24), 180 (25), 181 (26), 199 (27), 245 (28), 261 (29), 262 (30), 265 (31), 307 (32), 309 (33), 312 (34), 319 (35), 320 (36), 323 (37), 328 (38), 329 (39), 397 (40), 399 (41), 403 (42), 404 (43), 448 (44), 450 (45), 463 (46), 464 (47), 475 (48), 478 (49), 479 (50), 493 (51), 499 (52), 518 (53), 526 (54), 529 (55), 530 (56), 536 (57), 539 (58) e 544 (59).

Resultados e Discussão

Os 22 descritores utilizados permitiram diferenciar os 59 acessos de seringueira estudados, mostrando, desta forma, que as tais descritores são importantes e que existe diferenças entre todos os acessos analisados. Foi possível verificar e quantificar a variabilidade genética entre os genótipos de *Hevea ssp.* analisados, com base nos descritores de estruturas morfológicas, por meio das medidas de dissimilaridade genética entre os genótipos (dados não apresentados). A menor medida de dissimilaridade encontrada foi de 0,045 obtida entre os acessos BGHevea 174 (21) e BGHevea 176 (22). Os acessos BGHevea 529 (55) e BGHevea 536 (57) foram os que apresentaram os maiores valores de dissimilaridade, sendo, portanto, os que apresentaram maior diversidade genética em relação aos demais genótipos.

As análises de agrupamento e dispersão gráfica evidenciam variabilidade entre os acessos amazônicos, indicando que tais genótipos são importantes para ações de pesquisa e desenvolvimento em programas de caracterização e uso de recursos genéticos e melhoramento genético da cultura (Figuras 1 e 2). No dendrograma (Figura 1), adotando-se como ponto de corte o índice de dissimilaridade médio de 0,39 verifica-se a formação de nove grupos de similaridade. O grupo 1 foi formado por maior número de acessos (43), podendo ser subdivido em 3 subgrupos com 5, 9 e 29 acessos. Outros de similaridade 2, 3, 4, 5 e 6 foram formados por 2, 3, 3, 3 e 2 acessos, respectivamente. Os grupos 7, 8 e 9 foram representados pelos acessos BGHevea 493 (51), BGHevea 536 (57) e BGHevea 529 (55), respectivamente.

Esta variabilidade genética observada no dendrograma também é evidenciada na dispersão gráfica dos genótipos (Figura 2), com destaque para os acessos BGHevea 55 e BGHevea 57 que ocuparam posições extremas no gráfico, evidenciando uma alta variabilidade desses acessos em relação aos demais.

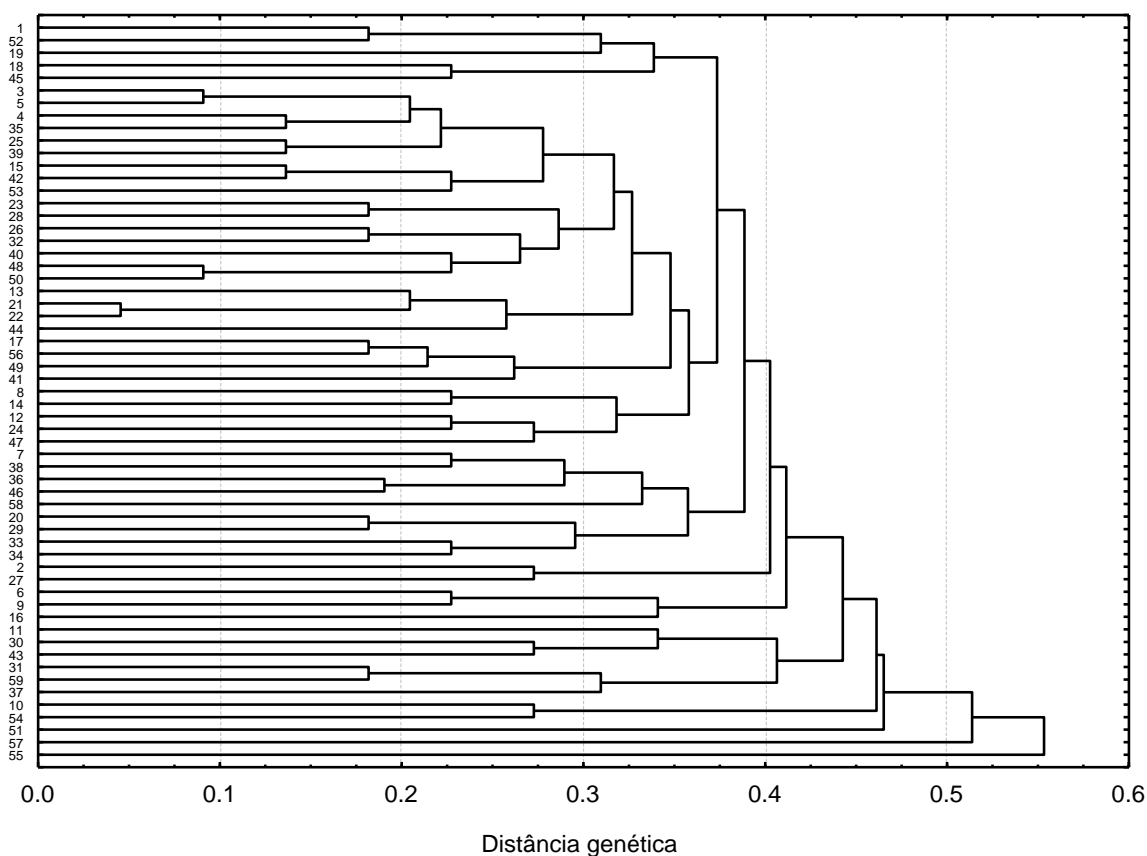


Figura 1. Análise de agrupamento de 59 acessos amazônicos de seringueira, com base na matriz de dissimilaridade genética calculada utilizando-se 22 descritores multicategóricos. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,78. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2019. Os números no dendrograma correspondem aos seus respectivos acessos de identificação no BGHevea CPAC.

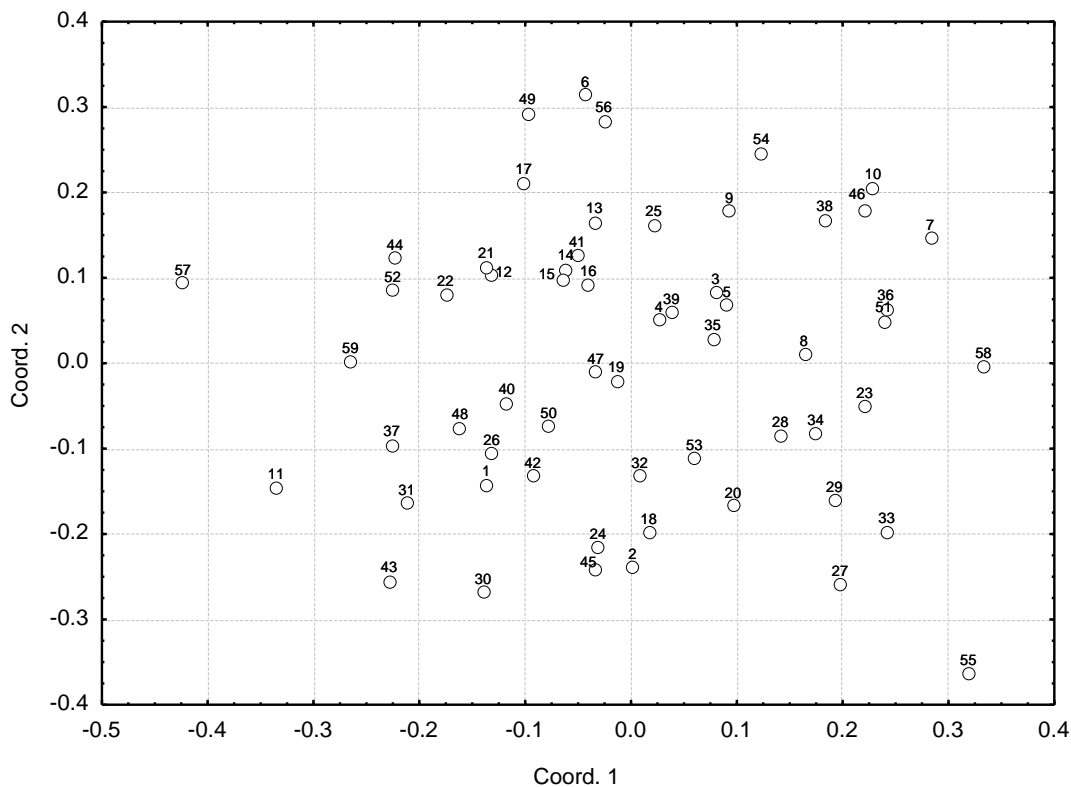


Figura 2. Dispersão gráfica de 59 acessos amazônicos de seringueira, com base na matriz de dissimilaridade genética calculada utilizando-se 22 descritores multicategóricos, utilizando o método das coordenadas principais. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2019. Os números no gráfico de dispersão correspondem aos seus respectivos acessos de identificação no BGHevea CPAC.

De maneira geral, entende-se que os descritores baseados nas características das estruturas foliares, do tronco, copa e látex de seringueira contribuem para a caracterização e diferenciação dos acessos analisados. A exploração adequada dessa variabilidade existente no BGHevea CPAC, por meio da identificação de parentais produtivos e da realização de hibridações controladas entre acessos com divergência genética satisfatória, poderá ser usada para aumentar a eficiência do melhoramento genético para a obtenção de novos cultivares ou híbridos de seringueira.

Conclusão

Os 22 descritores morfológicos utilizados permitiram caracterizar e diferenciar todos acessos amazônicos de seringueira avaliados no trabalho, mostrando a importância destes descritores. Foi possível analisar e quantificar a variabilidade genética entre os acessos amazônicos de seringueira do BGHevea CPAC, evidenciando as diferenças entre os acessos e as perspectivas de uso no programa de melhoramento genético.

Referências

- AGUIAR, A. T. E.; GONÇALVES, P. S. Diversidade genética em genótipos de Hevea de origens amazônica e asiática. *Ceres*, v. 53, n. 307, p. 285-291, 2006.
- 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.
- LIMA, W. A. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; PEREIRA, A.V.; VEIGA, A. D.; BRAGA, M. F.; JUNQUEIRA, N. T. V.; OLIVEIRA, J. S. Descritores foliares e diversidade de genótipos de seringueira. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE HEVEICULTURA, 5., 2017, Goiânia. Anais.. Jaboticabal: Fundação de Apoio a Pesquisa, Ensino e Extensão, 2017a. p. 49-53.
- LIMA, W. A. A.; FIALHO, J. F.; CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S. DA; PEREIRA, A.V.; BRAGA, M. F.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; VEIGA, A. D. Repetibilidade de produção de borracha e ganhos de seleção em genótipos de pé franco de seringueira em solo do cerrado. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE HEVEICULTURA, 5., 2017, Goiânia. Anais..Jaboticabal: Fundação de Apoio a Pesquisa, Ensino e Extensão, 2017b. p. 54-58.
- 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: <https://sogi8.sogi.com.br/Arquivo/Modulo113.MRID109/Registro149883/e5d05353b69b4fe0734026b000d3a0c8.pdf>. Consultado dia 17 de setembro de 2019.
- OLIVEIRA, J. da S.; FALEIRO, F. G.; LIMA, W. A. A. de; FIALHO, J. de F.; VEIGA, A. D.; BRAGA, M. F.; PEREIRA, A.V. Variabilidade genética entre clones elite de seringueira com base em marcadores moleculares ISSR. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE HEVEICULTURA, 5., 2017, Goiânia. Anais... Jaboticabal: Fundação de Apoio a Pesquisa, Ensino e Extensão, 2017a. p. 64-68.
- SAS INSTITUTE. *SAS/STAT* user's guide. Version 6, 4th. Ed. Cary. North Caroline, 1989, 846 p.
- SOUZA, L. M.; LE GUEN, V. ; CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; SILVA, C. C. ; MANTELLO, C. C.; CONSON, A. R.O.; VIANNA, J. P. G.; ZUCCHI, M. I.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; FIALHO, J. F.; DE MORAES, M. L. T.; GONÇALVES, P. S. ; SOUZA, A. P. Genetic Diversity Strategy for the Management and Use of Rubber Genetic Resources: More than 1,000 Wild and Cultivated Accessions in a 100-Genotype Core Collection. *Plos One*, v. 10, p. 1-20, 2015
- SOUZA, C. S. Caracterização da diversidade genética de acessos do banco de germoplasma de seringueira. 2018. 64 p. Tese (Doutorado), Universidade Federal do Acre, Rio Branco-AC.