

DIVERSIDADE GENÉTICA ASSOCIADA À QUALIDADE DA BORRACHA NATURAL EM GENÓTIPOS ELITE DA SERINGUEIRA

Isabela de Castro Sant'Anna^{1*}; Ligia Regina Lima Gouvêa²; Maria Alice Martins³; Erivaldo José Scaloppi Junior⁴; Rogério Soares de Freitas⁴; Paulo de Souza Gonçalves⁵

¹Pesquisadora Visitante do Centro de Seringueira e Sistemas Agroflorestais, ² Doutora e Técnica do Programa Seringueira do Instituto Agronômico (IAC), ³Pesquisadora do Laboratório de Nanotecnologia para o Agronegócio – LNNA, Embrapa Instrumentação; ⁴Pesquisador do Centro de Seringueira e Sistemas Agroflorestais, ⁵Pesquisador do Programa Seringueira do Instituto Agronômico (IAC). *E-mail: isabelacsantanna@gmail.com

Identificação do evento: VII Congresso Brasileiro de Heveicultura - 10 a 12 de novembro de 2021, Piracicaba /SP.

Resumo: O trabalho teve por objetivo estudar a diversidade genética dos clones IACs registrados no MAPA (Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento) para caracteres relacionados a qualidade de borracha com o intuito de identificar as melhores combinações de genitores para o desenvolvimento de genótipos superiores. Os genótipos apresentaram alta variabilidade genética para algumas das características avaliadas. Os genótipos foram classificados em seis grupos pelo método UPGMA e os resultados foram consistentes com os resultados do Mapa auto-organizáveis de Kohonem(SOM). Os clones IAC 418 e PB 326 foram os mais divergentes, seguidos por IAC 404 e IAC 56. Esses genótipos e outros das séries IAC 500 e 400 podem ser usados para iniciar um programa de melhoramento. Essas combinações oferecem maior potencial heterótico do que as outras, o que pode ser usado para melhorar a qualidade dos componentes do látex da borracha. Portanto, é importante considerar a qualidade do látex da borracha na fase inicial dos programas de melhoramento.

Palavra chaves: borracha natural, biometria, Kohonem

Introdução

A seringueira (*Hevea brasiliensis* Willd. Ex ADR. De Juss. Müell. Arg) é nativa do vale do Amazonas. No entanto, desde a introdução do material Henry Wickham em 1876, o Sudeste Asiático se tornou o principal produtor de borracha natural (Sobha et al. 2019). A produção mundial aumentou nos últimos 30 anos como resultado do aumento da área plantada com seringueira e pelo grande aumento da produtividade, para o qual o melhoramento genético continua sendo um fator chave. Portanto, o sucesso de um melhoramento de cultura depende da extensão da diversidade genética disponível no germoplasma, bem como das informações sobre características importantes. No entanto, os esforços dos programas de melhoramento na obtenção de genótipos superiores para produção, vigor, resistência a doenças, encurtar o ciclo de melhoramento da cultura dentre outros (Priyadarshan, 2017). Além disso, sabendo que as informações sobre a qualidade da borracha determina o tipo de aplicação da borracha produzida acreditamos que essas devem ser consideradas nas fases iniciais dos programas de melhoramento.

Material e Métodos

Foram utilizados 44 genótipos elite da seringueira para análises multivariadas e técnicas de aprendizado de máquina, visando a seleção de genitores produtivos e de alta qualidade. As características analisadas relacionadas às propriedades tecnológicas ou físico-químicas do látex de borracha natural, como plasticidade Wallace (Wo), índice de retenção de plasticidade [PRI (%)], viscosidade Mooney (VR), porcentagem de cinza (C), porcentagem de extrato de acetona (EA) e porcentagem de nitrogênio (N), para estudar a diversidade genética. As análises multivariadas realizadas foram agrupamento hierárquico (UPGMA) e os mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOMs).

Resultados e Discussão

Os genótipos apresentaram alta variabilidade genética para algumas das características avaliadas. Os genótipos foram classificados em seis grupos pelo método UPGMA (Figura 1) e os resultados foram consistentes com os resultados do SOM (Figura 2). Os clones IAC 418 e PB 326 foram os mais divergentes, seguidos por IAC 404 e IAC 56. Esses genótipos e outros das séries IAC 500 e 400 podem ser usados para iniciar um programa de melhoramento. Essas combinações oferecem maior potencial heterótico do que as outras, o que pode ser usado para melhorar a qualidade dos componentes do látex da borracha. Portanto, é importante considerar a qualidade do látex da borracha na fase inicial dos programas de melhoramento.

O melhoramento genético de características importantes no melhoramento de plantas depende da diversidade genética disponível nas espécies de cultivo. Assim, a diversidade genética dos 44 clones foi estudada a partir de características relacionadas às propriedades tecnológicas do látex da borracha natural, possibilitando a formação de grupos distintos para a série IAC e para os clones asiáticos. Os genótipos com altos níveis de variação genética encontrados neste estudo são recursos benéficos para o início de um programa de melhoramento visando a melhoria da qualidade da borracha natural.

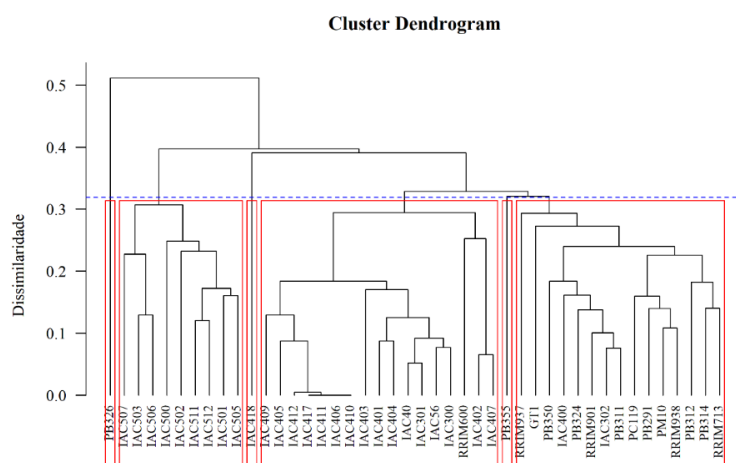


Figura 1. Análise de agrupamento UPGMA de Distâncias Euclidianas com base em dados de propriedades tecnológicas do látex da borracha natural, utilizados na avaliação dos 44 genótipos de seringueira. A linha vermelha destaca os grupos identificados por $K = 1,25$, a correlação cofenética foi de 0,77. Da esquerda para a direita, grupo I PB 326, grupo II: IAC 500 serie, grupo III IAC 418, grupo IV IAC 400 serie, IAC 300, IAC 301, IAC 40, IAC 56 e, RRIM600. No grupo V estava PB 355, grupo VI: genótipos asiáticos,

IAC 400 e IAC 302. Os percentuais de distâncias entre as cultivares foram representados no eixo Y e os 44 genótipos foram representados no eixo X.

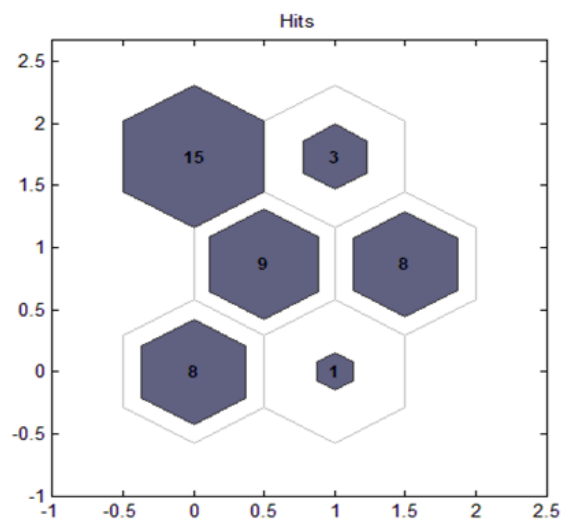


Figura 4: Para mapas auto-organizáveis (SOM), seis agrupamentos foram formados. Da esquerda para a direita e de baixo para cima, o Cluster I foi a série IAC 500, no cluster II foi PB 326, no cluster III foram IAC 507 e genótipos asiáticos (PB 291, PB 314, PB 355, PC 119, PM 10, RRIM 713, RRIM 937, RRIM 938); o cluster IV era alguns genótipos asiáticos (PB 311, PB 312, PB 324, PB 350, RRIM 901, GT1), IAC 302 e IAC 400. No cluster V estava a série IAC 400 (IAC 401, IAC403, IAC 404, IAC 405, IAC 406, IAC 409, IAC 410, IAC 411, IAC 412, IAC 417, IAC 418). No cluster VI estavam os genótipos IAC 402, IAC 407 e RRIM 600.

O número de grupos definidos mostrou concordância entre as técnicas tradicionais aplicadas para avaliação da diversidade genética (UPGMA) e a técnica de aprendizagem não supervisionada SOMs. Foi importante demonstrar a confiabilidade dos resultados aqui encontrados. Houve uma clara relação entre a alocação do cluster e a origem do genótipo, definida de acordo com os tipos de cruzamentos realizados nos programas de melhoramento que deram origem aos materiais. De acordo com os resultados da UPGMA, os clusters II, III e IV foram formados a partir de genótipos brasileiros incluídos no programa de melhoramento da seringueira do Instituto Agrônomo, selecionados em diferentes ciclos de melhoramento. O cluster II correspondeu à série IAC 500 (Gonçalves et al., 2011), o cluster III correspondeu ao genótipo IAC 418 e o cluster IV correspondeu à série IAC 300 (Gonçalves et al., 2002) e à série IAC 400 (Gonçalves et al., 2004). Os clusters I e V compreenderam PB 326 e PB 355, respectivamente. O cluster VI foi composto por genótipos asiáticos. O cluster VI era composto de genótipos selecionados em programas de melhoramento da Malásia no Rubber Research Institute of Malaysia (RRIM) e de plantações de PB; esses genótipos são descendentes de clones de Wickham (Gonçalves and Fontes 2012). Os genótipos da série IAC 400 foram obtidos por meio de polinização controlada e polinização aberta. Os clones usados como pais para a série de genótipos IAC 400 e os clones asiáticos vieram dos genitores RRIM 600, GT 711, PB 86, Tjir 1 e PB 235, entre outros. Em cenários complexos como este em que a similaridade genética entre genótipos pode ser diferente (irmãos, meios-irmãos, pais e avós), o método SOM permite a visualização de padrões de similaridade e classificação de dados com base nas distâncias entre os genótipos (Kohonen 2014). A identificação das relações genéticas

e divergência entre os recursos genéticos é útil para a seleção de genótipos parentais em programas de melhoramento(Gonçalves et al., 2004). O presente estudo foi realizado para estabelecer a diversidade genética e as relações entre genótipos de seringueira para identificar pais apropriados para híbridos.

Conclusão

A diversidade genética de genótipos de seringueira tem possibilitado a formação de grupos distintos. A maior divergência foi observada entre IAC 418 e PB326, seguido por IAC 404 e IAC 56. Esses genótipos e outros das séries IAC 500 e 400 poderiam ser usados para iniciar um programa de melhoramento. Isso indica um maior potencial heterótico dessas combinações que podem ser utilizadas para melhorar os componentes da qualidade da borracha natural. É importante incluir a avaliação da qualidade do látex da borracha na fase inicial dos programas de melhoramento.

Referências

- Cruz CD, Salgado CC, Bhering LL (2014) *Biometrics Applied to Molecular Analysis in Genetic Diversity*. Elsevier Inc.
- Gonçalves P de S, Júnior EJS, Martins MA, et al (2011) Assessment of growth and yield performance of rubber tree clones of the IAC 500 series. *Pesqui Agropecu Bras* 46:1643–1649. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011001200009>
- Gonçalves P de S, Martins ALM, Furtado EL, et al (2002) Desempenho de clones de seringueira da série IAC 300 *Material e Métodos*. *Pesqui Agropecuária Bras* 37:131–138
- Gonçalves PDS, Silva MDA, Aguiar ATDE, et al (2007) Performance of new Hevea clones from IAC 400 series. *Sci Agric* 64:241–248. <https://doi.org/10.1590/s0103-90162007000300005>
- Kohonen T (2014) *MATLAB implementations and applications of the self-organizing map*. Unigrafia Oy, Helsinki, Finl 11–23
- Priyadarshan PM (2017) Refinements to Hevea rubber breeding. *Tree Genet Genomes* 13:. <https://doi.org/10.1007/s11295-017-1101-8>
- Sobha S, Rekha K, Uthup TK (2019) *Biotechnological Advances in Rubber Tree (Hevea brasiliensis Muell. Arg.) Breeding*. In: *Advances in Plant Breeding Strategies: Industrial and* .

Agradecimentos

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo financiamento ao projeto (2018/18300-4) e a bolsa de ICS (2018/26408-0) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico (400130/2016-5).