

DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE *HEVEA* DE ORIGENS AMAZÔNICA E ASIÁTICA

Adriano Tosoni da Eira Aguiar¹
Paulo de Souza Gonçalves²

RESUMO

A crescente procura por novos clones de seringueira tem exigido pesquisas relacionadas com material da Coleção de Clones, capazes de permitir aos melhoristas o desenvolvimento de clones promissores para recomendação. Neste estudo, foram avaliados 44 genótipos de seringueira de origens amazônica e asiática, em relação aos caracteres perímetro do caule, produção de borracha e incremento do caule. Foram estimadas suas divergências genéticas por meio de técnicas multivariadas, visando a identificação de genótipos parentais superiores para uso no programa seringueira do Instituto Agrônomo (IAC). O agrupamento pelo método de Tocher, realizado a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis, possibilitou agrupar os genótipos em dez grupos. Com base na divergência genética e nos caracteres morfo-agronômicos analisados, são recomendados os cruzamentos entre o genótipo RRIM 626 com os genótipos AVROS 1328, C 259 e RRIM 527. Verificou-se também que, com relação aos genótipos analisados, a diversidade genética não está ligada diretamente à diversidade geográfica.

Palavras-chave: *Hevea brasiliensis*, variabilidade genética, germoplasma e melhoramento genético.

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY IN *HEVEA* GENOTYPES FROM AMAZONIAN AND ASIAN ORIGINS

The growing demand for new rubber tree cultivars has required research on the use of materials stored at the Collection of Clones, capable of allowing breeders to develop potential cultivars for recommendation. In the present study, 44 rubber tree genotypes from Amazonian and Asian origins were evaluated in relation to girth growth, rubber yield and girth increment characters. Their genetic divergence was estimated using multivariate methods, in order to identify superior parental genotypes to be used in the rubber tree breeding program of the Instituto Agrônomo de Campinas/SP. The grouping by the Tocher method, based on Mahalanobis generalized distances, made it possible to organize the genotypes into ten groups. Based on the genetic divergence and on morpho-agronomic characters, it is suggested to cross RRIM 626 with AVROS 1328, C 259 and RRIM 527 genotypes. It was also verified in the analysed genotypes that genetic diversity of the species is not directly related with geographical diversity.

Key words: *Hevea brasiliensis*, genetic variability, germplasm, breeding.

¹ Instituto Agrônomo de Campinas, IAC/APTA, Caixa Postal 28, 13001-970 Campinas, SP. E-mail: aguiar@iac.sp.gov.br

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Programa Integrado EMBRAPA-IAC. E-mail: paulog@iac.sp.gov.br

INTRODUÇÃO

A borracha natural é o produto do látex obtido por sangria de seringueira e que combina elasticidade, plasticidade, resistência à fricção e impermeabilidade de líquidos e gases (Gonçalves *et al.*, 1989). Ainda que a borracha sintética apresente certas vantagens, a natural é uma matéria-prima mundial, com probabilidade de aumento de demanda por vários consumidores, mas principalmente pela indústria de pneumáticos, que atualmente consome 75% do total produzido (Martins *et al.*, 2000).

Espécies do gênero *Hevea* ocorrem naturalmente em uma área que inicia na bacia Amazônica e estende-se ao sul, em direção ao Mato Grosso, e ao norte, em direção à parte alta da bacia do Orinoco e uma parte das Guianas, totalizando uma grande superfície que cobre partes do Brasil, Bolívia, Peru, Colômbia, Equador, Venezuela, Guiana Francesa, Suriname e Guiana (Gonçalves *et al.*, 1997).

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.) Muell.-Arg.] é a espécie mais importante do gênero e a única plantada comercialmente entre as onze conhecidas. É uma planta alógama, diplóide, com $2n = 36$ cromossomos e que se multiplica predominantemente pela ação de ventos e insetos (Webster & Paardekooper, 1989).

A população dessa espécie apresenta grande variabilidade genética em relação a diversos caracteres, como: altura e arquitetura da planta; estrutura e espessura da casca; número de anéis consecutivos de vasos laticíferos e distância média entre eles; densidade e diâmetro de vasos laticíferos; tamanho das folhas; dimensão dos frutos; comprimento e largura de sementes; resistência ao vento; resistência ao cancro-do-tronco, ao oídio, à antracnose e ao mal-das-folhas; propriedades físicas e químicas do látex; e produção de borracha (Gonçalves *et al.*, 1990).

A exploração adequada dessa variabilidade, por meio da identificação de parentais produtivos e da realização de hibridações controladas entre genótipos com divergência genética satisfatória, aumentaria a eficiência do melhoramento genético para a obtenção de novos cultivares.

A borracha natural é o produto do látex obtido por sangria de seringueira e que combina elasticidade, plasticidade, resistência à fricção e impermeabilidade de líquidos e gases (Gonçalves *et al.*, 1989). Ainda que a A

borracha natural é o produto do látex obtido por sangria de seringueira e que combina elasticidade, plasticidade, resistência à fricção e impermeabilidade de líquidos e gases (Gonçalves *et al.*, 1989). Ainda que a borracha sintética apresente certas vantagens, a natural é uma matéria-prima mundial, com probabilidade de aumento de demanda por vários consumidores, mas principalmente pela indústria de pneumáticos, que atualmente consome 75% do total produzido (Martins *et al.*, 2000).

Espécies do gênero *Hevea* ocorrem naturalmente em uma área que inicia na bacia Amazônica e estende-se ao sul, em direção ao Mato Grosso, e ao norte, em direção à parte alta da bacia do Orinoco e uma parte das Guianas, totalizando uma grande superfície que cobre partes do Brasil, Bolívia, Peru, Colômbia, Equador, Venezuela, Guiana Francesa, Suriname e Guiana (Gonçalves *et al.*, 1997).

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss.) Muell.-Arg.] é a espécie mais importante do gênero e a única plantada comercialmente entre as onze conhecidas. É uma planta alógama, diplóide, com $2n = 36$ cromossomos e que se multiplica predominantemente pela ação de ventos e insetos (Webster & Paardekooper, 1989).

A população dessa espécie apresenta grande variabilidade genética em relação a diversos caracteres, como: altura e arquitetura da planta; estrutura e espessura da casca; número de anéis consecutivos de vasos laticíferos e distância média entre eles; densidade e diâmetro de vasos laticíferos; tamanho das folhas; dimensão dos frutos; comprimento e largura de sementes; resistência ao vento; resistência ao cancro-do-tronco, ao oídio, à antracnose e ao mal-das-folhas; propriedades físicas e químicas do látex; e produção de borracha (Gonçalves *et al.*, 1990).

A exploração adequada dessa variabilidade, por meio da identificação de parentais produtivos e da realização de hibridações controladas entre genótipos com divergência genética satisfatória, aumentaria a eficiência do melhoramento genético para a obtenção de novos cultivares. A exploração adequada dessa variabilidade, por meio da identificação de parentais produtivos e da realização de hibridações controladas entre genótipos com divergência genética satisfatória, aumentaria a eficiência do melhoramento genético para a obtenção de novos cultivares.

Alguns dos critérios utilizados em estudos de divergência genética de seringueiras relacionam-se aos caracteres morfológicos e agrônômicos, às técnicas citológicas e ao perfil molecular (Mydin *et al.*, 1992; Paiva, 1994; Cuco, 1997; Omokhafa & Alika, 2003; Gonçalves *et al.*, 1997).

No Brasil, o melhoramento da cultura iniciou-se em 1937, após surtos do fungo *Microcyclus ulei* nos plantios da Ford no Estado do Pará. Entretanto, o programa de melhoramento genético da seringueira no âmbito do Instituto Agrônômico (IAC) teve início em 1960 (Gonçalves *et al.*, 2001). Considerando-se que o Estado de São Paulo possui duas regiões ecologicamente aptas ao cultivo da cultura, ou seja, Planalto Paulista e região Litorânea, torna-se necessária a obtenção de novos clones com alto potencial de produção e tolerância às principais doenças, uma vez que a implantação de uma heveicultura baseada no emprego de uma base genética restrita a torna vulnerável ao ataque de pragas e doenças de forma endêmica.

Este trabalho teve por objetivo avaliar a diversidade genética entre 44 genótipos de origem amazônica e asiática da Coleção de Clones de Seringueira do Instituto Agrônômico de Campinas/SP (IAC), mediante a utilização das principais variáveis agrônômicas, tendo em vista a identificação de genótipos parentais superiores para uso em programas de melhoramento genético da seringueira.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado utilizando-se a Coleção de Clones de Seringueira do Centro Experimental Central (IAC), em Campinas, São Paulo. Os dados foram coletados em 44 genótipos de uma coleção de seringueira de origens amazônica e asiática, introduzida em 1958, locais onde realiza-se parte das polinizações controladas. (Tabela 1). O CEC está localizado a uma latitude de 22°54'S, longitude 47°05'W e numa altitude de 669 m acima do nível do mar; tipo climático Cwa da classificação de Köppen (clima subtropical úmido com inverno seco), caracterizado por apresentar temperatura média do mês mais frio nunca inferior a 12°C.

O delineamento adotado foi o de blocos ao acaso com cinco repetições, sendo cada repetição constituída por seis plantas. A divergência genética foi estimada por análise de agrupamento, em que a medida da dissimilaridade utilizada foi a distância generalizada de Mahalanobis, e o método de agrupamento, o de otimização de Tocher, com o programa estatístico GENES (Cruz, 2001). Posteriormente, realizou-se a análise da variância, e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade (Banzatto & Kronka, 1995).

Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações adotadas para a cultura (Gonçalves *et al.*, 2001).

Os caracteres utilizados para o cálculo da divergência genética foram o perímetro do caule (PC), a de 1,30m de altura do solo; o incremento médio anual do caule (IC), em cm, realizado na fase adulta dos genótipos, calculado pela diferença entre o valor do perímetro do caule em dezembro e janeiro do mesmo ano, no primeiro ano de sangria; e a produção de borracha (PB), obtida pelo sistema de sangria S/2 d/2, ou seja, sangria em meio espiral, realizada em intervalos de dois dias (d/2), totalizando 130 sangrias/ano. O registro da produção foi efetuado pelo volume do látex coletado nas tijelas e medido em cilindro graduado. Para o volume total mensal foi determinado o DRC (*dry rubber content*) e transformado em borracha seca. O peso total mensal de borracha por genótipo foi dividido pelo número de sangrias (que variou de 10 a 15) por mês durante os doze meses do ano, sendo o resultado expresso em gramas/genótipo/sangria.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se que houve variações significativas em todos os caracteres dos genótipos da população (perímetro do caule, produção de borracha e incremento do caule) analisados (Tabela 1). Essa variabilidade deve-se, em grande parte, às diferenças genéticas entre eles. Na análise das médias, destacam-se como superiores os genótipos Tjir 1 x Tjir 16, AVROS 363 e AVROS 255, com valores de 65,3; 65,1; e 62,3 cm, respectivamente para o perímetro do caule, RRIM 626 e BAS 20 com 19,1 e 19,0 gramas/genótipo/sangria, respectivamente, para a produção de borracha e AVROS 49, AVROS 363, PB 49 e PB 5/63 com 8,5; 6,6; 6,6 e 6,2 cm, respectivamente para incremento do caule (Tabela 1).

Os genótipos C 256 e Tjir 16 apresentaram produção de borracha de 18,3 e 12,4 gramas/genótipo/sangria, não diferindo estatisticamente do clone mais produtivo e, por outro lado, mostraram os menores incrementos do caule, com 2,2 e 1,5 cm, respectivamente.

A análise dos componentes principais mostrou que os dois primeiros (perímetro do caule e produção de borracha) foram suficientes para explicar 91,7% da variação observada nos genótipos (Tabela 2). Esses resultados concordam com os valores relatados na literatura (Mydin *et al.*, 1992; Paiva, 1994). Valores acima de 80% para os dois primeiros componentes da análise

são considerados satisfatórios (Cruz, 1990). Estudando a divergência genética em genótipos provenientes dos Estados do Acre, Rondônia e Mato Grosso, encontrou-se valor de 83,3% para os caracteres altura de planta e diâmetro do caule em plantas de um ano de idade (Paiva, 1994). Os resultados deste trabalho demonstram a importância da utilização dos caracteres analisados, (i) perímetro do caule e (ii) produção de borracha, em estudos de diversidade da seringueira, uma vez que o perímetro do caule está inteiramente correlacionado ao vigor das plantas, e a produção de borracha às características anatômicas da casca (densidade e número

de anéis de vasos laticíferos).

As estimativas das distâncias genéticas dos 44 genótipos de seringueira analisados permitiram detectar que o AVROS 49 e o C 256 (62,68) foram os mais distantes geneticamente, enquanto o IAN 2752 e o IAN 2812 (0,01) classificaram-se como os menos divergentes (Tabela 3). A técnica de agrupamento utilizada neste estudo foi satisfatória, uma vez que classificou tanto a divergência quanto a similaridade dos genótipos corretamente nos devidos grupos. Por exemplo, AVROS 49 e o C 256 nos grupos 9 e 7 (distância de 55,3), respectivamente, e IAN 2752 e IAN 2812 no grupo 1 (Tabela 4).

Tabela 1. Identificação dos 44 genótipos de seringueira, seus respectivos parentais, origens e médias do perímetro do caule (PC) em cm, produção de borracha (PB) em gramas/genótipo/sangria; e incremento do caule (IC) em cm

| Genótipos | Parentais | Origem | PC ¹ | PB ¹ | IC ¹ |
|------------------|--------------------------------------|---------|-----------------|-----------------|-----------------|
| AVROS 1279 | AVROS 256 x AVROS 374 | Sumatra | 52,2 b-e | 8,1 c-j | 3,6 b-g |
| AVROS 1328 | AVROS 214 x AVROS 256 | Sumatra | 59,0 a-d | 15,0 abc | 5,5 a-e |
| AVROS 255 | AVROS 36 ill. | Sumatra | 62,3 ab | 4,7 f-j | 5,4 a-e |
| AVROS 352 | AVROS 164 x AVROS 160 | Sumatra | 58,6 a-d | 10,1 c-h | 5,8 a-d |
| AVROS 363 | - | Sumatra | 65,1 a | 6,5 d-j | 6,6 ab |
| AVROS 49 | Clone primário | Sumatra | 58,8 a-d | 4,0 g-j | 8,5 a |
| B 3363 | - | Brasil | 59,2 a-d | 5,8 d-j | 6,0 abc |
| BAS 20 | Clone primário | Brasil | 58,8 a-d | 19,0 a | 4,0 b-g |
| C 256 | - | Libéria | 52,7 b-e | 18,3 ab | 2,2 efg |
| C 259 | - | Libéria | 51,6 b-e | 12,5 a-f | 4,8 b-g |
| C 297 | - | Libéria | 52,9 b-e | 12,9 a-e | 2,3 efg |
| Fx 25 | F 351 x AVROS 49 | Brasil | 52,3 b-e | 2,4 hij | 3,8 b-g |
| Fx 2784 | F 4542 x AVROS 363 | Brasil | 51,1 b-e | 4,0 g-j | 5,4 a-e |
| Fx 3899 | F 4542 x AVROS 363 | Brasil | 49,1 de | 5,1 e-j | 3,8 b-g |
| Fx 505 | F 4542 x AVROS 363 | Brasil | 55,9 a-e | 6,4 d-j | 5,3 a-e |
| Fx 652 | F 4542 x Tjir 1 | Brasil | 57,1 a-e | 4,7 f-j | 4,2 b-g |
| GT 127 | Clone primário | Java | 57,1 a-e | 3,0 g-j | 4,6 b-g |
| GT 711 | Clone primário | Java | 48,2 de | 6,9 d-j | 2,4 d-g |
| LCB 510 | Clone primário | Java | 48,5 de | 9,4 c-i | 3,4 b-g |
| IAN 2325 | PB 86 x Fx 3993 (F 4542 x AVROS 363) | Brasil | 50,9 cde | 9,2 c-l | 3,8 b-g |
| IAN 2327 | PB 86 x Fx 3993 (F 4542 x AVROS 363) | Brasil | 48,8 de | 3,8 g-j | 6,0 abc |
| IAN 2652 | Fx 4069 (F 4542 x PB 86) x Tjir 1 | Brasil | 52,3 b-e | 0,8 j | 5,8 a-d |
| IAN 2749 | Fx 4068 (F 4542 x PB 86) x Tjir 1 | Brasil | 51,9 b-e | 3,5 g-j | 3,8 b-g |
| IAN 2752 | Fx 4068 (F 4542 x PB 86) x Tjir 1 | Brasil | 53,8 b-e | 4,5 f-j | 5,6 a-e |
| IAN 2812 | Fx 516 (F 4542 x AVROS 363) x PB 86 | Brasil | 53,8 b-e | 4,8 f-j | 5,6 a-e |
| IAN 2814 | Fx 516 (F 4542 x AVROS 363) x PB 86 | Brasil | 48,3 de | 1,4 ij | 4,6 b-g |
| PB 5/63 | PB 56 x PB 24 | Malásia | 58,7 a-d | 4,2 g-j | 6,2 ab |
| PB 49 | Clone primário | Malásia | 58,9 a-d | 10,6 b-g | 6,6 ab |
| PB 86 | Clone primário | Malásia | 49,5 de | 6,3 d-j | 5,0 b-f |
| RRIM 509 | Pil 44 x Lun N | Malásia | 46,4 e | 6,9 d-j | 1,8 fg |
| RRIM 511 | Pil A 44 x Pil B 16 | Malásia | 53,5 b-e | 4,6 f-j | 3,5 b-g |
| RRIM 512 | Pil B 84 x Pil A 44 | Malásia | 55,2 a-e | 4,8 f-j | 4,4 b-g |
| RRIM 527 | Pil B 50 x Pil B 84 | Malásia | 53,8 b-e | 10,7 b-g | 4,3 b-g |
| RRIM 600 | Tjir x PB 86 | Malásia | 54,9 a-e | 8,6 c-j | 4,6 b-g |
| RRIM 602 | Tjir 1 x G1 1 | Malásia | 55,7 a-e | 8,8 c-i | 4,6 b-g |
| RRIM 605 | Tjir 1 x PB 49 | Malásia | 52,8 b-e | 7,8 c-j | 4,0 b-g |
| RRIM 606 | Tjir 1 x PB 49 | Malásia | 50,5 cde | 5,9 d-j | 4,6 b-g |
| RRIM 608 | AVROS 33 x Tjir 1 | Malásia | 50,4 cde | 6,1 d-j | 3,3 b-g |
| RRIM 613 | Tjir x RRIM 509 | Malásia | 46,5 e | 4,1 g-j | 2,5 d-g |
| RRIM 614 | Tjir 1 x RRIM 509 | Malásia | 53,6 b-e | 9,5 c-h | 5,2 a-e |
| RRIM 625 | Tjir x RRIM 526 | Malásia | 61,4 abc | 13,4 a-d | 4,3 b-g |
| RRIM 626 | Tjir 1 x RRIM 500 | Malásia | 59,1 a-d | 19,1 a | 2,6 c-g |
| Tjir 16 | Clone primário | Java | 54,5 a-e | 12,4 a-f | 1,5 g |
| Tjir 1 x Tjir 16 | Clone secundário | Java | 65,3 a | 13,1 a-d | 5,0 b-f |
| C.V. % | | | 8,3 | 30,8 | 20,6 |

¹ Médias seguidas da mesma letra não diferem a 5% de probabilidade pelo teste Tukey.

Tabela 2. Valores característicos (λ_i) e porcentagem acumulada da variância dos componentes principais (%) dos caracteres perímetro do caule, produção de borracha e incremento do caule nos 44 genótipos de seringueira avaliados

| Componentes | λ_i | % |
|-------------|-------------|-------|
| 1 | 1,48 | 49,2 |
| 2 | 1,28 | 91,7 |
| 3 | 0,25 | 100,0 |

Tabela 3. Resumo das estimativas das distâncias genéticas, com base na distância genética de Mahalanobis, entre os 44 genótipos de seringueira avaliados, para os caracteres perímetro do caule (PC), em cm, produção de borracha (PB), em gramas/genótipo/sangria, e incremento do caule (IC), em cm

| Distância genética de Mahalanobis | Estimativa | Genótipos |
|-----------------------------------|------------|---------------------|
| Máxima | 62,68 | AVROS 49 e C 256 |
| Mínima | 0,01 | IAN 2752 e IAN 2812 |
| Soma das estimativas | 8824,34 | |
| Soma de quadrados das estimativas | 161288,56 | |
| Média das estimativas | 9,32 | |

Tabela 4. Grupos de genótipos de seringueira estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância genética de Mahalanobis

| Grupo | Genótipos |
|-------|--|
| 1 | Demais genótipos |
| 2 | B 3363, PB 5/63, AVROS 255 e AVROS 363 |
| 3 | GT 711, RRIM 509, RRIM 613, LCB 510, IAN 2325 e RRIM 527 |
| 4 | AVROS 352, PB 49 e RRIM 614 |
| 5 | C 297 e Tjir 16 |
| 6 | RRIM 625, Tjir 1 x Tjir 16 e AVROS 1328 |
| 7 | BAS 20, RRIM 626 e C 256 |
| 8 | IAN 2327 e IAN 2652 |
| 9 | AVROS 49 |
| 10 | C 259 |

O agrupamento de Tocher obtido mediante a utilização dos valores das distâncias genéticas entre os diferentes genótipos da população permitiu a formação de dez grupos (Tabela 4). O grupo 1 conteve 19 genótipos, correspondendo a 43% do total estudado; o grupo 2 apresentou quatro genótipos; o grupo 3 ficou com seis genótipos; os grupos 4, 6 e 7 foram formados por três genótipos cada um; os grupos 5 e 8 com dois genótipos cada; e os grupos 9 e 10 apenas com um genótipo. Esses resultados sugerem que a divergência genética entre os materiais utilizados neste estudo é bastante ampla, pois os nove grupos, com exceção do grupo 1, foram representados por 57% do total de genótipos.

Observa-se, pelos grupos estabelecidos, que a diversidade geográfica não está relacionada com a diversidade genética da população, o que é confirmado pelos genótipos de origens geográficas distintas

classificados no mesmo grupo de divergência genética, e genótipos da mesma origem geográfica classificados em grupos distintos, como aqueles provenientes da Malásia (série RRIM) e de Sumatra (série AVROS), concordando com os referidos estudos (Mydin *et al.*, 1992; Paiva, 1994). No entanto, uma das razões desse resultado é que a maioria dos clones “amazônicos” na verdade são descendentes de clones orientais da coleção. Assim, os clones da série Fx e IAN possuem como ascendentes os clones AVROS 363, Tjir 1 e PB 86. Não há, pois, diversidade entre os materiais, como teoricamente seria esperado, por se tratar de genótipos aparentados. Um resultado que corrobora essa conclusão é que a maior distância genética foi obtida entre os clones AVROS 49 e C 259, que são clones primários e, aparentemente, sem relação de parentesco.

A utilização de parentais superiores com maior divergência genética vem sendo recomendada por

diversos autores devido à possibilidade de ampliação da heterose manifestada nos híbridos, da ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e também do aumento da base genética da espécie (Destro, 1991).

Os resultados apresentados (Tabela 4) devem ser considerados em esquemas de cruzamentos dentro do programa de melhoramento da seringueira do IAC, uma vez que genótipos do mesmo grupo apresentam alto grau de similaridade, devendo-se assim, priorizar cruzamentos entre os melhores de grupos distintos. Para programas de melhoramento genético que visam aumentar a produtividade é necessário que os genótipos parentais tenham alta produtividade *per se* e apresentem ampla diversidade genética entre si (Paiva, 1994).

Tomando como base os resultados que apresentaram a maior divergência genética (grupos 7 e 9

com distância de 55,3) e a menor divergência (grupos 4 e 6 com distância de 3,8), recomendam-se os cruzamentos entre genótipos que reúnem alta média dos parentais para os caracteres produção de borracha e incremento do caule com considerável divergência genética, a saber: RRIM 626 (grupo 7) com AVROS 1328 (grupo 6), C 259 (grupo 10) e RRIM 527 (grupo 3), com distâncias de 9,9; 7,7 e 5,4, respectivamente (Tabela 5). Porém, deve-se evitar o cruzamento do RRIM 626 com os genótipos que apresentam características morfo-agronômicas indesejáveis.

No tocante às distâncias genéticas obtidas dentro dos grupos estabelecidos (distâncias intragrupos), merecem destaque os grupos 4 (clones AVROS 352, PB 49 e RRIM 614) e 8 (clones IAN 2327 e IAN 2652), que apresentaram o menor e o maior valor intragrupal, com 0,4 e 2,6 respectivamente (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativa das distâncias genéticas intra e intergrupos dos principais grupos estabelecidos pelo agrupamento de Tocher

| Grupos | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 |
|--------|-----|-----|------|-----|------|------|------|------|------|------|
| 1 | 2,4 | 6,8 | 5,4 | 4,7 | 13,1 | 9,9 | 24,8 | 4,8 | 12,8 | 7,7 |
| 2 | | 1,3 | 17,3 | 5,0 | 25,8 | 11,6 | 37,7 | 7,2 | 5,2 | 18,4 |
| 3 | | | 2,1 | 9,1 | 5,3 | 10,6 | 14,5 | 12,1 | 27,4 | 3,9 |
| 4 | | | | 0,4 | 13,7 | 3,8 | 19,2 | 8,2 | 9,7 | 5,6 |
| 5 | | | | | 0,6 | 8,1 | 4,7 | 26,7 | 43,2 | 5,9 |
| 6 | | | | | | 2,3 | 10,4 | 19,3 | 22,9 | 6,5 |
| 7 | | | | | | | 2,2 | 41,3 | 55,3 | 8,9 |
| 8 | | | | | | | | 2,6 | 6,5 | 14,6 |
| 9 | | | | | | | | | 0,0 | 25,5 |
| 10 | | | | | | | | | | 0,0 |

CONCLUSÕES

Há divergência genética entre os genótipos apresentados.

O genótipo RRIM 626 é recomendado para a obtenção de genótipos segregantes a partir de cruzamentos com os genótipos classificados em diferentes grupos: AVROS 1328, C 259 e RRIM 527.

É possível dividir os 44 genótipos em dez grupos.

A diversidade genética não está diretamente relacionada com a diversidade geográfica dos genótipos analisados.

REFERÊNCIAS

- Banzatto DA & Kronka SN (1995) Experimentação agrícola, 3ª ed. Jaboticabal, Funep. 247p.
- Cruz CD (1990) Aplicações de algumas técnicas multivariada no melhoramento de plantas. Tese de doutorado. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". 188 p.
- Cruz CD (2001) Programa Genes: versão Windows Aplicativo computacional em genética e estatística, 2ª ed. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 641p.

- Cuco SM (1997) Caracterização citomorfológica da seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. Ex ADR. de Juss.) Muell. Arg.]. Tese de doutorado. Piracicaba, Escola Sup. de Agric. "Luiz de Queiroz". 136 p.
- Destro D (1991) Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriados para consumo humano. Tese de doutorado. Piracicaba, Escola Sup. de Agric. "Luiz de Queiroz". 158 p.
- Gonçalves PS, Bataglia OC, Ortolani AA & Fonseca FS (2001) Manual de Heveicultura para o Estado de São Paulo. Campinas, Instituto Agronômico. 78p. (Boletim técnico IAC 189).
- Gonçalves PS, Cardoso M, Boaventura MAM, Martins ALM & Lavoretti C (1989) Biologia, citogenética e ploidia de espécies do gênero *Hevea*. O Agrônomo 41:40-64.
- Gonçalves PS, Cardoso M & Ortolani AA (1990) Origem, variabilidade e domesticação da *Hevea*: Uma revisão. Pesquisa Agropecuária Brasileira 25:135-56.
- Gonçalves PS, Ortolani AA & Cardoso M (1997) Melhoramento genético da seringueira: uma revisão. Campinas, Instituto Agronômico. 55p.
- Lekawipat N, Teerawatanasuk K, Rodier-Goud M, Seguin M, Vanavichit A, Toojinda T & Tragoonrung S (2003) Genetic diversity analysis of wild germoplasm and cultivated clones of *Hevea brasiliensis* Mueller. Argoviensis by using microsatellite markers. Journal of Rubber Research 6: 36-47.
- Martins ALM, Ramos NP, Gonçalves PS & Val KSD (2000) Influência de porta-enxertos no crescimento de clones de seringueira no Estado de São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira 35:1743-1750.
- Mydin KK, Nair G, Sethuraj MR, Saraswathy P & Panikkar AON (1992) Genetic divergence in *Hevea brasiliensis*. Indian Journal of Natural Rubber Research 5:120-126.
- Omokhafa KO & Alike JE (2003) Phenetic relationship of rubber tree clones. Biologia Plantarum 46:217-222.
- Paiva JR (1994) Divergência genética entre clones primários de seringueira. Pesquisa Agropecuária Brasileira 29:607-615.
- Webster CC & Paardekooper EC (1989) The botany of the rubber tree. In: Webster CC & Baukwill WJ (Eds.) Rubber. London, Longman Scientific & Technical. p.57-84.

Aceito para publicação em 29/06/2006