

Engenharia Florestal

VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE *Cordia trichotoma* VIA MARCADORES MOLECULARES

Letícia Aparecida Pereira Gomes - Bolsista Fapemig - Acadêmica do 9º módulo do curso de Engenharia Florestal, UFLA – leticia.gomes1@estudante.ufla.br

Adelson Lemes da Silva Júnior - Pós-Doutorando do Departamento de Ciências Florestais, UFLA – adelsonlms@gmail.com

Otavio Jerônimo Silva - 11º módulo de Engenharia Florestal, UFLA – otavio.silva4@estudante.ufla.br

Gabriel Henrique de Assis Bernini - 11º módulo de Engenharia Florestal, UFLA – gabriel.bernini@estudante.ufla.br

Dulcinéia de Carvalho - Professora do Departamento de Ciências Florestais, UFLA – dulce@ufla.br - Orientador(a)

Lucas Amaral de Melo - Professor do Departamento de Ciências Florestais, UFLA – lucas.amaral@ufla.br

Resumo

A espécie *Cordia trichotoma* (louro-pardo) é uma árvore nativa do Brasil que pertence à família Boraginaceae, valorizada por sua madeira de alta qualidade e seu potencial para restauração de áreas degradadas. Contudo, a falta de pesquisas sobre seu melhoramento genético limita a melhoria na produtividade florestal e a eficácia na recuperação de ecossistemas. Portanto, objetivou-se a avaliação da variabilidade genética entre e dentro de progênies de *C. trichotoma* por meio de marcadores moleculares Inter Simple Sequence Repeats (ISSR). O experimento, com 33 progênies de meios-irmãos, foi implantado na Fazenda Palmital, da Universidade Federal de Lavras, localizada em Ijaci-MG. Para a realização das análises moleculares, foram selecionados do teste de progênies, 96 indivíduos (trinta famílias com três indivíduos e três famílias com dois indivíduos) de maiores valores genéticos preditos. Foram utilizados seis primers ISSR, gerando 35 bandas, sendo 34 polimórficas (97%). O conteúdo de informação polimórfico (PIC) médio foi de 0,32, sendo considerado moderadamente informativo. Foi calculada a dissimilaridade genética dentro e entre progênies pelo índice de Jaccard. A dissimilaridade máxima entre as progênies foi para a P2 x P20 com o valor de 0,53, enquanto a mínima foi para a P32 x P33 com o valor de 0,07. Já dentro de progênies, foi para a P17-2 x P27-1 com o valor de 0,80, enquanto a mínima foi para a P10-1 x P10-2 com o valor de 0,06. O dendrograma gerado pelo método UPGMA revelou a formação de três grupos considerando as distâncias entre progênies e doze grupos dentro de progênies. Baixos valores de distâncias genéticas, principalmente dentro de uma mesma família, confirmam o grau de parentesco assumido como progênies de meios-irmãos. Além disso, foi possível perceber uma menor dissimilaridade genética entre progênies obtidas de matrizes geograficamente mais próximas. Apesar dessas observações, é confirmada uma alta variabilidade genética no teste de progênies, permitindo seu uso futuro como um pomar de sementes por mudas (PSM), por meio de cruzamentos divergentes e/ou endogâmicos, a depender da estratégia assumida por programas de melhoramento e conservação.

Palavras-Chave: Melhoramento, Louro-pardo, ISSR.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/DPXvr81saqc>