



III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

18 a 21 de novembro de 2014 Santos-SP

ISBN - 978-85-66836-07-3

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA PARA SISTEMAS IRRIGADOS NO CERRADO COM BASE EM MARCADORES RAPD

RENATO FERNANDO AMABILE¹; FÁBIO GELAPE FALEIRO²; FLÁVIO CAPETTINI³; WALTER QUADROS RIBEIRO JÚNIOR⁴; JOSÉ RICARDO PEIXOTO⁵; BERNARDO ALMEIDA⁶

¹ Pesquisador- Embrapa Cerrados, Planaltina - DF, e-mail: renato.amabile@embrapa.br

² Pesquisador- Embrapa Cerrados, Planaltina - DF, e-mail: fabio.faleiro@embrapa.br

³ Pesquisador- Field Crop Development Centre, Canadá, e-mail: flavio.capettini@gov.ab.ca

⁴ Pesquisador- Embrapa Cerrados, Planaltina - DF, e-mail: walter.quadros@embrapa.br

⁵ Professor - UnB, Brasília - DF, e-mail: peixoto@unb.br

⁶ Agrônomo - UFT, Palmas - TO, e-mail: bc_almeid@yahoo.com.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 39 acessos de cevada elite da coleção de trabalho de cevada da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares RAPD. Foram usados 15 iniciadores decâmeros para a obtenção dos marcadores RAPD, que foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os diferentes acessos e realizadas análises de agrupamento. Foram obtidos 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) foram polimórficos. As dissimilaridades genéticas variaram de 0,049 a 0,337, entre os acessos de cevada. Os genótipos PFC 2004033 e Prestige mostraram maior dissimilaridade genética que os demais genótipos. A análise de agrupamento e de dispersão gráfica mostrou uma tendência de agrupamento entre os genótipos mexicanos e americanos. Outra tendência de agrupamento também foi encontrada entre os genótipos de seis fileiras de grãos. Acessos desenvolvidos e utilizados no Brasil e também os genótipos provenientes da Alemanha, Inglaterra e Austrália têm demonstrado a maior divergência genética entre si, sendo considerados opções interessantes para aumentar a base genética dos programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Hordeum vulgare* L.; diversidade genética; marcador molecular.