



ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL QUANTITATIVA EM SUBPOPULAÇÕES DE *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae)

CAROLINA RIBEIRO DINIZ BOAVENTURA-NOVAES¹; ELIAS EMANUEL SILVA MOTA²; MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES³; EVANDRO NOVAES⁴; RONALDO VELOSO NAVES⁵; LÁZARO JOSÉ CHAVES⁶.

¹ Bióloga, doutoranda, Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP), Escola de Agronomia (EA), Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, GO. e-mail: cboventura@gmail.com

² Biólogo, doutorando, PGMP/EA/UFG. e-mail: elias-emanuel@hotmail.com

³ Professora, UFG, Instituto de Ciências Biológicas, Laboratório de Genética & Biodiversidade, Goiânia, GO. e-mail: tellesmpc@gmail.com

⁴ Professor, UFG, EA. e-mail: novaes@ufg.br

⁵ Professor, UFG, EA. e-mail: ronaldo@agro.ufg.br

⁶ Professor, UFG, EA. e-mail: lazaro.chaves@pq.cnpq.br

Resumo: A análise das variações fenotípicas e genotípicas pode ser utilizada para prever a melhor conduta para a manutenção dos recursos genéticos, tanto para conservação quanto para o melhoramento genético. Com o objetivo de analisar a proporção da variação genética quantitativa entre subpopulações naturais da árvore frutífera *Eugenia dysenterica* DC 25 subpopulações foram amostradas em cinco estados do Cerrado brasileiro, um dos *hotspots* para a conservação da biodiversidade mundial. Dentro de cada subpopulação, seis árvores foram amostradas e cinco frutos (irmãos maternos) de cada árvore foram coletados e as sementes estabelecidas em um teste de procedências e progênes. As estimativas de Q_{ST} foram realizadas para 18 caracteres de desenvolvimento inicial. Os resultados indicam que as subpopulações estão significativamente estruturadas quanto ao comprimento da raiz, taxas de crescimento de altura e diâmetro (0,23 e 0,20), mas não quanto aos os caracteres de biomassa e emergência das plântulas ($Q_{ST} < 0,04$).

Palavras-chave: Cagaiteira, Cerrado, Genética Quantitativa, Q_{ST} .

Apoio: CNPq (GENPAC 10 – Proc. 563727/2010-1), FAPEG, CAPES, Naturae Consultoria Ambiental LTDA e PGMP.