

## **Diversidade genética e potencial de seleção em genótipos de abacateiro da Grande Florianópolis**

**Loisiana F. dos Santos<sup>1</sup>; Adriano E. Tokushima<sup>1</sup>; Jonathan E. G. Mueller<sup>1</sup>; Isabele R. Schadek<sup>1</sup>; Roque J. S. Bellinaso<sup>2</sup>; Valdir M. Stefenon<sup>2</sup>; Aparecido L. da Silva<sup>2</sup>; Alberto F. Brighenti<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina (RGV-UFSC). E-mail: loisiana@gmail.com. <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias (CCA-UFSC).

A expansão da cultura do abacateiro (*Persea americana* Mill.) no Brasil e no mundo tem intensificado o interesse pela prospecção e caracterização de germoplasma adaptado a condições edafoclimáticas específicas, especialmente devido ao potencial desses materiais para ampliação da base genética utilizada em programas de melhoramento. Na região da Grande Florianópolis, Santa Catarina, ocorre ampla presença de genótipos de abacateiro originados de sementes e mantidos em quintais urbanos e áreas públicas. Estes genótipos locais apresentam elevada variabilidade fenotípica e podem constituir um importante reservatório de diversidade genética. O presente trabalho teve como objetivo investigar a diversidade genética de genótipos de abacateiro provenientes da Grande Florianópolis utilizando marcadores microssatélites (SSR), análise multivariada e PCA. Foram avaliados 55 genótipos adultos e produtivos, dos quais foram coletadas folhas jovens para extração de DNA. A genotipagem foi realizada com 12 marcadores SSR, utilizando o cultivar Hass como referência. Os dados obtidos foram empregados para estimativa de parâmetros de diversidade genética, riqueza alélica e similaridade entre acessos. As análises revelaram variabilidade genética moderada entre os genótipos avaliados, com similaridade genética média de 94,07% entre os acessos e de 86,46% em relação ao cultivar Hass. Apesar da elevada similaridade observada, verificou-se expressiva diversidade genética individual, evidenciada pela alta heterozigosidade esperada ( $H_e = 0,938$ ) e pela ampla riqueza alélica ( $A = 18,31$ ;  $A_e = 16,64$ ), padrão compatível com espécies alógamas. Os resultados indicam que, embora exista relativa proximidade genética entre os acessos avaliados, a população ainda mantém elevada capacidade de recombinação e importante variabilidade intrapopulacional. A análise multivariada dos caracteres morfométricos evidenciou ampla dispersão fenotípica entre os acessos, sem formação de agrupamentos claramente delimitados, indicando elevada heterogeneidade na coleção avaliada. Os dois primeiros componentes principais explicaram conjuntamente 53,1% da variação total observada, sendo os caracteres relacionados à qualidade e rendimento dos frutos os principais responsáveis pela discriminação dos genótipos. O genótipo Gen.32 apresentou maior proximidade genética com o cultivar Hass (97,56%), enquanto o Gen.54 foi o mais divergente (80,81%), destacando-se como material promissor para ampliação da base genética em programas de melhoramento. O teste de Mantel indicou ausência de correlação biologicamente relevante entre as matrizes de distância molecular e morfométrica, demonstrando que marcadores SSR e caracteres fenotípicos fornecem informações complementares e não redundantes sobre a diversidade dos acessos. A identificação de genótipos geneticamente divergentes pode contribuir para estratégias de conservação de germoplasma e para futuros cruzamentos direcionados, visando seleção de materiais adaptados às condições do sul do Brasil. Além disso, os resultados reforçam a relevância de quintais urbanos e áreas públicas como reservatórios não formais de recursos genéticos vegetais, frequentemente negligenciados em programas de conservação. Dessa forma, os genótipos tradicionais presentes na região da Grande Florianópolis representam uma importante fonte de variabilidade genética com potencial de utilização em programas de conservação, seleção e melhoramento genético do abacateiro.

**Palavras-chave:** *Persea americana*; SSR; recursos genéticos; germoplasma; melhoramento genético.  
**Apoio:** CAPES, bolsa de pesquisa.