



**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Bertholletia excelsa* Humb. & BONPL. (LECYTHIDACEAE) NA MESORREGIÃO DO NORTE MATO-GROSSENSE**

DANIEL A. VIEIRA<sup>1</sup>; LORENA R. DA MATA<sup>2</sup>; AISY B. B. TARDIN<sup>3</sup>; EVANDRO NOVAES<sup>4</sup>; VÂNIA C. RENNÓ AZEVEDO<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Engenheiro Florestal, Universidade de Goiás, Goiânia - GO, e-mail: danielvieira1989@gmail.com

<sup>2</sup>Farmacêutica - EMBRAPA, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: lorena.mata@embrapa.br

<sup>3</sup>Pesquisadora - EMBRAPA, Embrapa Agrossilvopastoril, e-mail: aisy.baldoni@embrapa.br

<sup>4</sup>Professor – Setor de Melhoramento de Plantas, Universidade de Goiás, Goiânia - GO, e-mail: novaes@ufg.br

<sup>5</sup> Pesquisadora - EMBRAPA, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: vania.azevedo@embrapa.br

**Resumo:** Este trabalho propõe caracterizar a diversidade de cinco populações de *Bertholletia excelsa* na região do Norte Mato-Grossense e verificar a estruturação da diversidade nessas populações. Foram coletadas amostras de pelo menos 40 indivíduos adultos em cada população (Itaúba, Cotriguaçu, Juína e Alta Floresta). Em Alta Floresta foram coletadas amostras de dois fragmentos. Os DNAs das amostras foram analisados com sete locos SSR previamente desenvolvidos para a espécie. O número de alelos por locus (A) variou de 5,28 a 7,71. Itaúba demonstrou a maior taxa de cruzamento aparente, indicando maior ocorrência de reprodução cruzada entre as árvores dessa região. Apesar disso, a heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) são, respectivamente, igual e menor que a média das populações. A análise de variância molecular (AMOVA) indicou que a maior parte da diversidade encontrada está dentro de cada população (86,8%), o que é comum em estudos de diversidade genética com SSR em espécies arbóreas tropicais. As estimativas de divergência genética ( $\theta_{ST}$ ) entre os pares de populações variaram de 0,09 a 0,23, enquanto que para o conjunto de todas as populações estudadas, o valor de  $\theta_{ST}$  foi 0,166. Foi observada estruturação nas populações, com divergências genéticas moderadas até mesmo em populações geograficamente próximas, possivelmente devido a ruptura na continuidade florestal.

**Palavras-chave:** Castanha do Brasil, SSR, conservação genética.