



I CONGRESSO REGIONAL DE PESQUISA DO ESTADO DO ACRE
XXIV SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFAC
CNPQ | UFAC | EMBRAPA | FAPAC | IEVAL

**ANÁLISE DA VARIABILIDADE MOLECULAR DE UM BANCO ATIVO DE
GERMOPLASMA DE AMENDOIM FORRAGEIRO**

Hellen Sandra Freires da Silva Azêvedo (Doutoranda da rede BIONORTE), Renata Beltrão Teixeira Yomura (Analista - Embrapa Acre), Adna Cristina Barbosa de Sousa (Docente-UFPB), Giselle Mariano Lessa de Assis (Pesquisadora - Embrapa Acre), Tatiana de Campos (Pesquisadora - Embrapa Acre)

Dentre as espécies endêmicas da flora brasileira, espécies da secção *Caulorrhizae* (*Arachis pintoi* e *Arachis repens*) vêm despertando interesse na agropecuária. Os marcadores moleculares são ferramentas utilizadas para acessar variações no genoma, possibilitando estimar diversos parâmetros genéticos. O objetivo do estudo foi avaliar a diversidade genética dos acessos de *A. pintoi* e *A. repens* do banco ativo de germoplasma da Embrapa Acre por meio de marcadores microsatélites. O estudo foi realizado com 106 acessos. Os fragmentos amplificados foram separados em gel desnaturante de poli(acrilamida) (5%). Após a corrida, foi realizada a coloração com nitrato de prata. Foram testados 17 microsatélites. As distâncias genéticas foram geradas no programa TFGA, utilizando o coeficiente de Rogers Modificado. As estimativas de heterozigosidade esperada (H_E) e observada (H_O), riqueza alélica e índice de fixação foram estimados no programa GDA. Para análise da estruturação genética sem hierarquização, foi utilizado o programa STRUCTURE. Dentre os 17 locos testados, 10 (58,8%) foram polimórficos. Foram observados 129 alelos nos acessos de *A. pintoi* e 81 em *A. repens*. Os valores de H_E foram moderadamente altas, com médias de 0,73, 0,71 para *A. pintoi* e *A. repens*, respectivamente. Os valores médios de H_O para *A. pintoi*, *A. repens* foram de 0,33 e 0,43, respectivamente. Observou-se na análise de alelos privados um total de 65 alelos. Treze alelos (20,3%) eram exclusivos de *A. pintoi*, dois alelos (3,1%) de *A. repens* e 50 alelos (78,1%) foram compartilhados entre as duas espécies. De acordo com o dendrograma obtido foi possível verificar a variabilidade entre os acessos, porém sem a estrutura de diferenciação genética que possibilite a formação de grupos. A menor distância (0,16) foi observada entre os acessos Ap109 (*A. pintoi*) e o Ar106 (*A. repens*). Por sua vez, a maior distância genética (0,96) foi observada entre os acessos Ap128 (*A. pintoi*) e Ar105 (*A. repens*). Na análise bayesiana, verificou-se que o valor de K mais provável foi K=2. Verificou-se a separação dos acessos de *A. pintoi* e *A. repens* em dois *pools* gênicos. No primeiro *pool* gênico foram alocados 44 acessos de *A. pintoi* e 18 de *A. repens*. No segundo *pool* gênico foram alocados 40 acessos de *A. pintoi* e quatro de *A. repens*. Estudo de filogenia molecular identificou a origem monofilética entre *A. pintoi* e *A. repens*. Portanto, as duas espécies apresentam similaridade, pois possuem um mesmo ancestral e a partir do mesmo *pool* genético. Os locos microsatélites foram eficientes para o estudo de caracterização do germoplasma.

Palavras-chave: *Arachis*. Diversidade genética. Leguminosa forrageira.

