

Tamanho da fonte:

Caracterização da diversidade e estrutura genética de populações de *Bertholletia excelsa* na Amazônia brasileira.

Laura Luciana de Melo Moreira Silva, Patricia da Costa, Lúcia Helena de Oliveira Wadt, Marília de Castro Rodrigues Pappas, Tatiana de Campos, Marcelino Guedes Carneiro, Kátia Emídio da Silva, Eulalia S.S. Hoogerheide, Aisy Botega Baldoni Tardin, Ricard Scoles, Lucieta Guerreiro Martorano, Evert Thomas, Renato Kenji Kimura, Karina Martins

Última alteração: 2019-10-01

Resumo

Popularmente conhecida como castanheira-da-Amazônia ou castanheira-do-Brasil, a *Bertholletia excelsa* Bonpl. (Lecythidaceae) é uma espécie arbórea de ampla distribuição ao longo de toda a Floresta Amazônica e endêmica das matas de terra firme. Apesar de protegida por lei, encontra-se nas listas vermelhas do Centro Nacional de Conservação da Flora (CNCFlora) e da União internacional para a conservação da natureza (IUCN), classificada como espécie vulnerável. Possui grande valor produtivo, sendo um dos produtos florestais não madeireiros mais exportados da Amazônia. Vastamente estudada quanto a sua estrutura populacional e sustentabilidade da exploração extrativista em populações locais, porém com poucas referências em relação a sua estrutura genética com amostragem abrangente ao longo da Floresta Amazônica. Nesse quesito, as discussões não são conclusivas, visto que a distribuição geográfica da variabilidade genética pode ter sido influenciada por muitos fatores ao longo de sua história evolutiva, inclusive da ação da ocupação humana na Floresta Amazônica. O estudo de estrutura genética com amostragem mais ampla (Sujii et al., 2015) aponta que as inconsistências quanto à estrutura genética populacional podem ainda ser devidas as poucas populações estudadas e a baixa cobertura genômica dos marcadores microssatélites utilizados. Faz-se, então, necessária a caracterização da estrutura e diversidade genética da espécie em suas populações naturais para subsidiar estratégias e áreas prioritárias para sua conservação. Neste trabalho foram analisados dados de 87 indivíduos em 13 populações naturais, totalizando sete populações do estado de Rondônia, duas de Roraima e quatro do Pará, variando entre cinco e nove indivíduos por população. Foram utilizadas amostras de folhas secas em sílica ou câmbio caulinar armazenado em microtubo com tampão de transporte, bem como algumas de DNA já extraído. O DNA das amostras de folha e câmbio foram extraídos utilizando o protocolo Inglis et al. (2016), e as quantificações realizadas com comparação entre DNA λ padrão após eletroforese em gel de agarose a 1%. A quantificação por fluorometria também foi utilizada, com uso do equipamento Qubit (Thermo Fisher, Waltham, EUA), visando obter ao menos a quantidade mínima de DNA exigido pela empresa de sequenciamento (200 ng). As bibliotecas genômicas NextRAD e o sequenciamento Illumina foram realizados pela empresa SNPsaurus LLC., que fez também a identificação de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) com uso da abordagem *de novo*. O sequenciamento resultou na identificação de ~17.000 locos SNPs. Filtros foram aplicados e os locos com frequência alélica mínima inferior a 0,05 foram excluídos, mantidos apenas os que tinham ao menos 90% dos locos presentes e dialélicos. Com os 6817 locos resultantes, foram estimados parâmetros de diversidade e estrutura genética, bem como a correlação entre distâncias genéticas e geográficas. A heterozigotidade esperada média foi $H_E=0.22$. Não foi observada endogamia nas populações ($F_{IS}=0$). A divergência entre populações foi relativamente alta ($F_{IS}=0,20$), e a correlação entre distâncias genéticas e geográficas foi significativa ($r=0,767$; MantelZ = 50,03, $p=0,01$), mostrando que há isolamento por distância.

Palavras-chave

SNPs; genômica; conservação genética