Caracterização e Avaliação

## ESTRUTURA GENÉTICA E DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DE ACESSOS DE Hancornia speciosa EM BANCOS DE GERMOPLASMA

<u>Juliana Lopes Souza</u><sup>1\*</sup>; Bianca de Sousa Alcântara<sup>2</sup>; Ana Veruska Cruz da Silva<sup>1</sup>; Orzenil Bonfim da Silva Junior<sup>2</sup>; Dario Grattapaglia<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Sergipe. <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal. \*juliana\_lopes\_souza@live.com

Entre as estratégias para a conservação de recursos genéticos, destaca-se a criação de Bancos Ativos de Germoplasma (BAG). Esses bancos têm um papel crucial na conservação de espécies, além de disponibilizar germoplasma para programas de melhoramento genético. Estudos que investigam a composição genética dos BAGs fornecem informações essenciais sobre potenciais genitores, facilitando o intercâmbio de germoplasma entre pesquisadores com o intuito de explorar características de interesse comercial. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura genética e a distribuição geográfica dos acessos de Hancornia speciosa, a mangabeira, uma espécie frutífera com ampla aceitação comercial. Os acessos avaliados foram coletados do Banco Ativo de Germoplasma Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros (CPATC: 171) e da Universidade Federal de Goiás (UFG: 147). Os genótipos foram sequenciados por DArTSeq, resultando em 1292 SNPs. Foram realizadas análises de variância molecular, diversidade genética e estrutura das populações. Foram calculadas matrizes de distância genética e geográfica, e a correlação entre essas matrizes foi testada usando o teste de Mantel. As análises foram realizadas usando-se os pacotes dartR e vegan no software R. Os resultados da análise de variância molecular revelaram uma maior variação dentro (93%) das populações do que entre (7%) elas. A heterozigosidade observada foi inferior à esperada em ambas as populações (CPATC - Ho: 0,168 < He: 0,201; UFG - Ho: 0,177 < He: 0,188). A análise da estrutura de populações, conduzida com o auxílio do software Structure, identificou a existência de dois grupos genéticos. Além disso, estima-se que a distância geográfica influencia na diversidade genética dos acessos avaliados, pois foi observada uma correlação significativa (r = 0,24) entre essa e a distância genética. Os acessos de Hancornia speciosa provenientes dos Bancos Ativos de Germoplasma CPATC e UFG apresentam diversidade genética, além de estarem geograficamente distribuídos em uma ampla área. Esses acessos representam recursos para a conservação da espécie, ao mesmo tempo que oferecem potencial para futuros programas de melhoramento genético e uso sustentável.

Palavras-chave: mangabeira; conservação; SNP.

Agradecimentos: Embrapa e CNPq.















