

ANAIIS do



73º Congresso Nacional de Botânica

A Botânica no Brasil:
desafios interdisciplinares e interculturais

29 de outubro a 04 de novembro de 2023
Belém, Pará, Amazônia, Brasil



ESTRUTURA E DIVERSIDADE GENÉTICA DE *BERTHOLLETIA EXCELSA* (HUMB. & BONPL.)

A Castanha-da-Amazônia (*Bertholletia excelsa* Humb. & Bonpl.) é encontrada principalmente em solos pobres em nutrientes, bem estruturados e bem drenados. A espécie possui uma importância significativa para as comunidades extrativistas, uma vez que suas castanhas são altamente valorizadas tanto no mercado nacional como internacional. O objetivo deste estudo consistiu em estimar a estrutura e a diversidade genética dessa espécie em populações naturais. Foram amostrados 271 indivíduos adultos de 47 localidades, incluindo seis estados brasileiros e o Peru. A partir das amostras, extraiu-se o DNA para sequenciamento e genotipagem utilizando a técnica de NEXTRAD pela empresa SNPsaurus (EUA). A identificação de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) foi realizada utilizando o pipeline BBTools, tendo o rascunho do genoma de *B. excelsa* como referência. O conjunto inicial de SNPs foi filtrado, retraindo apenas marcadores bialélicos com até 15% de dados faltantes. A identificação de grupos genéticos e a avaliação da diversidade foram realizadas utilizando duas estratégias, sNMF e TESS3. As duas estratégias, bem como o programa PCadapt, foram empregadas para a detecção e remoção de marcadores potencialmente sob seleção. Por fim, foi feita uma AMOVA entre os grupos genéticos utilizando o programa Arlequin v3.5. O conjunto de dados filtrado foi composto por 8.199 SNPs de alta qualidade. Com base nesse conjunto de marcadores, foram identificados cinco grupos genéticos geograficamente estruturados. A maior parte da variação, observando os cinco grupos, foi identificada entre indivíduos (55%), e entre indivíduos dentro das populações (19,2%). A variação entre os cinco grupos genéticos foi de 16,8%, evidenciando a baixa diferença entre os grupos. Os dois grupos da região sudoeste da Amazônia apresentaram maior média de heterozigosidade observada (0,177 e 0,176), enquanto que as populações a leste e a sul, apresentaram as menores estimativas (0,155 e 0,134, respectivamente). Foi observada uma menor diversidade genética em regiões periféricas quando comparadas às regiões centrais da distribuição de *B. excelsa*. Estudos envolvendo espécies da família Caryophyllaceae também demonstraram que populações periféricas são menos diversas. Nossos resultados indicam uma maior estruturação e uma menor diversidade genética entre os indivíduos localizados nas margens da distribuição de *B. excelsa*.

Autor: Lucas Donizetti Vieira - lucas.vieira@pq.itv.org

Co-Autores: Carolina S Carvalho - carolina.carvalho2@itv.org - Instituto Tecnológico Vale, Lucia H. Wadt - lucia.wadt@embrapa.br - Embrapa, Marília C. R. Pappas - marilia.pappas@embrapa.br - Embrapa, Patrícia Costa - patricia.da-costa@embrapa.br - Embrapa, Evert Thomas - e.thomas@cgiar.org - Biodiversity International, Karina Martins - kmartins@ufscar.br - UFSCar

Apoio: Bioversity International, Embrapa, IIAP, Instituto Tecnológico Vale, UFSCar.

Palavras-chave: Castanha-da-Amazônia, SNP, genética de populações.