



INTRODUÇÃO

A castanheira-da-Amazônia ou castanheira-do-Brasil, *Bertholletia excelsa* Bonpl. (Lecythidaceae), é amplamente distribuída nas terras altas da Amazônia, está legalmente protegida desde 1980 e constitui importante fonte de renda para milhares de pessoas de comunidades locais que coletam as sementes em florestas nativas. Este trabalho amplia estudo anterior, com maior abrangência geográfica até então (Sujii *et al.*, 2015), que cobriu 9 sítios de coleta na Amazônia brasileira e usou dados de 11 marcadores microssatélites.

OBJETIVOS

Estudar a diversidade e estrutura genética de *Bertholletia excelsa* Bonpl. (Lecythidaceae) como forma de gerar subsídios para ações de conservação e melhoramento

MATERIAL E MÉTODOS

Foram amostrados 271 indivíduos em 47 locais de coleta ao longo da Amazônia brasileira e peruana, com uma média de 6 indivíduos por localidade. DNA genômico de alta qualidade foi isolado e encaminhado para serviço de genotipagem por sequenciamento (do inglês, GBS) usando a técnica NEXTRAD (SNPsaurus, EUA). A diversidade genética foi analisada a partir de dados de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) em escala genômica utilizando o pipeline BTools. SNPs foram filtrados para reter apenas marcadores dialélicos, com no máximo 15% de dados faltantes e excluídos os SNPs potencialmente sob seleção (outliers). Duas estratégias foram usadas (sNMF e TESS3) para a identificação de grupos genéticos e análise da distribuição dos indivíduos na área de estudo.

Nº 144 – ANÁLISE DA DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO DA CASTANHEIRA EM ESCALA PAN-AMAZÔNICA

MARÍLIA PAPPAS^{1*}; KARINA MARTINS²; LÚCIA HELENA WADT³; PATRICIA DA COSTA⁴

1 EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2 Univ. Federal de São Carlos. 3 EMBRAPA Rondônia. 4 Embrapa Meio Ambiente
*marilia.pappas@embrapa.br

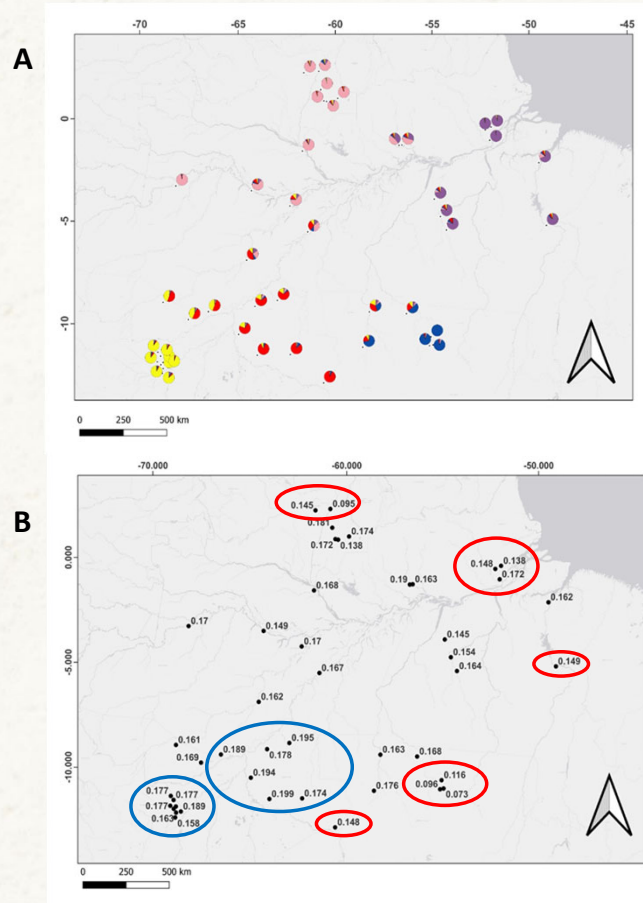


Figura 1: (A) Estruturação dos grupos genéticos representados

por cor nos 47 pontos de coleta ao longo da Amazônia brasileira e peruana (TESS3). (B) Diversidade genética expressa por H_o nos sítios de coleta. Os círculos azuis destacam dois grupos genéticos com maior diversidade e os círculos em vermelho, grupos de menor diversidade.

RESULTADOS e CONCLUSÃO

A análise de dados de 8.199 SNPs neutros revelou a existência de em 5 grupos genéticos correlacionados com a distribuição geográfica pelas duas metodologias usadas (Fig. 1A). A diversidade genética inferida pela heterozigosidade (H_o) tem média geral de 0,166, variando de 0,073 a 0,199 (IC 95% = 0,163 a 0,169) (Fig. 1B). A região mais a sudoeste da Amazônia (Rondônia, no Brasil e Madre de Dios, no Peru) apresentou elevada diversidade genética, enquanto as populações na Amazônia Sul-Oriental foram as que apresentaram menor diversidade, com as menores estimativas no Mato Grosso (Fig. 1B). Alguns pontos periféricos ao norte, destacados nos círculos em vermelho, também mostram pontos de menor diversidade.



AGRADECIMENTOS

EMBRAPA; IIAP; Bioersity International.