

## ANÁLISE DA DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO DA CASTANHEIRA EM ESCALA PAN-AMAZÔNICA

Marília Pappas<sup>1\*</sup>; Karina Martins<sup>2</sup>; Lúcia Helena Wadt<sup>3</sup>; Patricia da Costa<sup>4</sup>

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

*Bertholletia excelsa* Bonpl. (Lecythidaceae), popularmente conhecida como castanheira-da-Amazônia ou castanheira-do-Brasil, é uma espécie amplamente distribuída nas terras altas da Amazônia, cujas sementes são quase exclusivamente coletadas em florestas nativas por comunidades locais. A castanha-da-Amazônia é comercializada nos mercados nacional e internacional constituindo importante fonte de renda para milhares de pessoas. A forte pressão extrativista a coloca com espécie vulnerável nas listas vermelhas do Centro Nacional de Conservação da Flora (CNCFlora) e da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN), apesar de legalmente protegida desde 1980. Um expressivo e contínuo declínio na extensão e qualidade do habitat da espécie tem sido observado, devido à expansão de atividades agropecuárias. A rede de pesquisa Kamukaia, criada em 2005, tem foco em ecologia e manejo de espécies florestais amazônicas de uso não madeireiro e tem estudado a castanheira em diversas áreas de pesquisa, incluindo genética de populações. Como parte do projeto “Ecologia e Conservação da Castanheira”, financiado pela Embrapa, está sendo realizado estudo de diversidade e estrutura genética da espécie com o objetivo de gerar subsídios para ações de conservação e melhoramento. Este trabalho amplia um estudo de 2015, de maior abrangência até então, que havia estudado nove locais de coleta. Em um esforço de dezenas de colaboradores e participantes do projeto, foram amostrados 271 indivíduos em 47 locais ao longo da Amazônia brasileira e peruana. DNA genômico de alta qualidade de cada indivíduo foi isolado e encaminhado para serviço de genotipagem por sequenciamento (do inglês, GBS) usando a técnica NEXTRAD, na empresa SNPsaurus (EUA). A estrutura da diversidade genética foi analisada a partir de dados de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) em escala genômica. Foi utilizada a pipeline BTools para identificação dos SNPs, que foram filtrados para reter apenas marcadores dialélicos, com no máximo 15% de dados faltantes. Foram ainda excluídos os SNPs potencialmente sob seleção (outliers). A análise de dados de 8.199 SNPs revelou a existência de cinco grupos genéticos correlacionados com a distribuição geográfica, com heterozigosidade ( $H_o$ ) variando de 0,163 a 0,169 (IC 95%). A região mais a sudoeste da Amazônia (Rondônia, no Brasil e Madre de Dios, no Peru) apresentaram elevada diversidade genética, enquanto as populações na Amazônia Sul-Oriental foram as que apresentaram menor diversidade, com as menores estimativas no estado de Mato Grosso.

**Palavras-chave:** *Bertholletia excelsa*, SNP, diversidade genética.

**Agradecimentos:** EMBRAPA; IIAP; Bioversity International.