

ANÁLISE GENÉTICA DE TRÊS COLEÇÕES DE GERMOPLASMA DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* Gomes) POR GENOTIPAGEM DE SNPs COM DArTSeq

Bianca S. Alcântara¹; Lorena R da Mata¹; Fernando S. Rocha²; Lázaro Chaves³; Mariana P. C. Teles³; Josué Francisco da Silva Jr.⁴; Ana Veruska C. Silva⁴; Orzenil B. Silva-Junior¹; Dario Grattapaglia¹.

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Embrapa Cerrados; ³Universidade Federal de Goiás; ⁴Embrapa Tabuleiros Costeiros. *E-mail autor apresentador: biah_alcantara@hotmail.com

Bancos ativos de germoplasma (BAGs) são estratégias-chave para a conservação e uso efetivo da diversidade genética. Dentre as frutíferas brasileiras com potencial de utilização destaca-se a mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). Sua exploração nas áreas de ocorrência natural é baseada quase exclusivamente no extrativismo. Tendo em vista que os BAGs são essencialmente inexplorados, a proposição de coleções nucleares com máxima diversidade é um passo importante para otimizar as atividades complexas e caras de caracterização fenotípica visando assim a utilização direcionada do germoplasma no melhoramento. Marcadores moleculares permitem estudar a estrutura genética de BAGs e propor coleções nucleares com máxima diversidade. Neste trabalho foram realizadas análises de diversidade genética com dados de genotipagem de SNPs identificados pela técnica DArTseq. Foram analisadas 510 plantas de mangabeira de três BAGs mantidos na Embrapa Cerrados, CPAC (n=191), na Universidade Federal do Goiás, UFG (n=147) e na Embrapa Tabuleiros Costeiros, CPATC (n=172). Os acessos do CPATC são predominantemente oriundos dos estados de CE, PE, SE, AL, PB e BA enquanto os da UFG se concentram em GO, TO, MT, MS, MG e BA. A coleção do CPAC tem origem provável em GO. Utilizando genotipagem por sequenciamento DArTSeq, 3391 SNPs com proporção de chamada de genótipos (*call rate*) $\geq 90\%$, dos quais 561 mais informativos (MAF, *minor allele frequency* $\geq 0,05$) foram utilizados. Uma análise de variância molecular revelou que 34% da variabilidade genética é encontrada entre os BAGs e 66% dentro deles. Os BAGs da UFG e CPATC apresentaram a maior diferenciação genética ($F_{st} = 0,271$) consistente com a origem geograficamente distinta dos acessos, enquanto a do CPAC é geneticamente próxima à da UFG ($F_{st} = 0,041$). Heterozigosidade observada (H_o) e %SNP polimórficos resultaram, respectivamente, em 0,141;97,2% (UFG), 0,137;85,7% (CPAC), e 0,110;83,2% (CPATC). Os três BAGs apresentaram uma redução significativa de heterozigosidade ($F_{is} = 0,28$ a $0,39$). Considerando o hábito alógamo da espécie, e a composição heterogênea de cada BAGs, esta redução é explicada pela existência de forte subdivisão populacional dentro de cada BAG (efeito Wahlund). Análises adicionais estão em andamento dentro de cada BAG separadamente integrando informações de localização de coleta dos acessos e classificação das variedades botânicas visando à proposição de coleções nucleares.

Palavras-chave: mangaba; germoplasma; SNPs.

Agradecimentos: Projeto NEXTRUT, FAP-DF.