

Análise da estrutura da população de *Bromus auleticus*

Luciana Gillman¹; Federico Condón²; Mercedes Rivas^{1,3}

¹Centro Universitario Regional del Este- Udelar. ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. ³Facultad de Agronomía- Udelar. *E-mail: lucianagillman@gmail.com

Bromus auleticus é uma forrageira, perene, invernal do sul do Brasil, norte de Argentina e Uruguai. O sector produtivo tem expectativas no seu desenvolvimento pela sua adaptação às condições ambientais do nosso território, por suas características produtivas e digestibilidade para o gado. O objetivo deste trabalho foi analisar a diversidade genética de *B. auleticus* com metodologias genômicas em cinco acessos fenotipicamente bem contrastantes. Para isso, 60 plantas do cada acesso foram submetidas à genotipagem por sequenciamento com a metodologia DArTseq. Os dados obtidos em o genotipagem foram filtrados permitindo até um 2% de dados perdidos e uma frequência alélica mínima de 0.05. Com a função “gl.report.heterozygosity” do pacote de R “dartR” foram calculadas a heterozigose observada (H_o), heterozigose esperada (H_e) e a endogamia (F_{is}). O teste do Hardy-Weinberg foi executado com o comando “gl.diagnostics.hwe” do pacote de R “dartR”. Por outro lado, o AMOVA foi realizado com a função “poppr.amova” do pacote de R “poppr”. Por último, a análises do structure foi feito com o pacote “dartR” com a função “gl.run.structure”. Se obteve informação de 298 amostras com 370 sítios polimórficos. Os cinco acessos possuem uma H_o em torno a 0,239-0,287, uma H_e de 0,200 – 0,241 e um F_{is} de -0,187 a - 0,141. O número de loci que se desviam do equilíbrio do Hardy-Weinberg toma valores que vão desde 69 até 102, enquanto a maioria deles o fazem por excesso do heterozigose. O AMOVA evidenciou que a maior quantidade da variação se explica pela diferencia entre indivíduos, em menor medida pelas variações entre acessões e dentro de cada acesso no há estrutura. A exame do structure revelou quatro populações, três estão constituídas principalmente por um acesso e uma quarta população conformada por dois acessos. Se evidencia em poucos indivíduos mescla de populações. Em conclusão as análises mostram que todos os acessos têm heterozigose moderadas e que o F_{is} indica um leve excesso de heterozigose. A diversidade genética se explica principalmente pela comparação entre indivíduos y a análises de structure mostra um bom número de populações.

Palavras-chave: GBS, diversidade.

Agradecimentos: ANII, CURE e INIA.