

## ESTUDO GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE *Arachis villosa* BENTH. (FABACEAE) NO URUGUAI

Claudia Da Luz-Graña<sup>1,2\*</sup>; Ignacio Naya<sup>2</sup>; Magdalena Vaio<sup>2</sup>; Rafael Vidal<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>Estudante de Doutorado PEDECIBA Biología. <sup>2</sup>Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. cdaluz@fagro.edu.uy

*Arachis villosa* é fonte de diversidade para o melhoramento do amendoim (*Arachis hypogaea* L.). As duas espécies compartilham o subgenoma “A” e podem ser cruzadas. *A. villosa* é uma espécie autógama nativa, atualmente com 25 populações, localizadas: 20 populações no Uruguai, duas no Brasil e três na Argentina. Nenhuma dessas populações tem antecedentes de estudos moleculares da diversidade. *Arachis villosa* foi incluída na lista vermelha das espécies ameaçadas no Brasil. A espécie é encontrada nas margens do rio Uruguay e rio de la Plata em áreas muito afetadas pela construção de barragens, ocupação imobiliária ou implantação de espécies exóticas. Visando desenhar planos de conservação é necessário conhecer a diversidade das populações. Neste trabalho o objetivo foi determinar a variabilidade genética das populações de *Arachis villosa* em duas áreas no Uruguai. As áreas selecionadas foram Puerto Viejo (PV) na costa do rio Uruguai, na área protegida *Esteros de Farrapos e Islas del rio Uruguay* e a outra nas margens do rio de la Plata em Boca de Maurício (BM). Em cada área foram marcados quadrados de 4 m<sup>2</sup>. Em cada quadrado foi escolhido um indivíduo o até completar 31. O DNA foi extraído de folhas frescas segundo o protocolo CTAB com modificações. As amostras de DNA foram genotipadas utilizando o *array* de ThermoFisher 'Axiom\_arachis2' de 48k. Foram obtidos 47.837 SNPs, e logo filtrados resultando em 1282 SNPs Poly High Resolution (PHR). Foram calculadas: a heterozigosidade observada ( $H_o$ ), a heterozigosidade esperada ( $H_s$ ) e o estatístico  $F$  ( $F_{ST}$ ). O valor  $H_o$  foi similar em ambas as áreas com um valor de 0.032 em BM y 0.036 em PV. Porém, a diversidade intra-população foi menor em BM com  $H_s= 0.033$  que em PV com  $H_s=0.081$ . O valor de  $F_{ST}$  entre as áreas foi de 0.63, indicando que há maior diversidade entre as áreas do que dentro de cada uma. Este fato demonstra a importância das duas áreas estudadas para a conservação da diversidade da espécie *A. villosa*.

**Palavras-chave:** Diversidade genética; SNPs; parentes silvestres; amendoim

**Agradecimentos:** Agência Nacional de Pesquisa e Inovação (ANII), Programa de Desenvolvimento das Ciências Básicas (PEDECIBA), Universidad de la República (Uruguai).