



ANAIS - II CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

11-SESSÃO PÔSTER 01

25/09/2012 17:30-18:30

CAMAROTE A/B

[Trabalho 45]

 **Clique para abrir o Artigo Completo/Click to open the paper**

VEGETAL

ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL DE BACURIZEIROS NA REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL.

ISIS GOMES DE BRITO SOUZA¹; PAULO SARMANHO DA COSTA LIMA²;

1. UFPI - UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 2. EMBRAPA MEIO NORTE, TERESINA, PI, BRASIL;

isisgomesmd@hotmail.com

Resumo:

Resumo: A região Meio-Norte caracteriza-se pela sua biodiversidade, com destaque para espécies frutíferas nativas, como, por exemplo, o bacurizeiro, cujos frutos são apreciados na alimentação pelas populações locais. A fragmentação e/ou desmatamento que ocorre nessa área causa danos para populações de plantas, afetando a estrutura genética destas. Assim esse estudo verificou a estruturação genética em cinco populações de bacurizeiro dos Estados do Maranhão e Piauí por meio de marcadores entre simples sequências repetidas (ISSR) e da análise de variância molecular. Da diversidade genética total, 28,88% foi dividido entre as populações e 77,16% dentro das populações, portanto há estruturação significativa entre as populações.



ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL DE BACURIZEIROS NA REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL.

Resumo: A região Meio-Norte caracteriza-se pela sua biodiversidade, com destaque para espécies frutíferas nativas, como, por exemplo, o bacurizeiro, cujos frutos são apreciados na alimentação pelas populações locais. A fragmentação e/ou desmatamento que ocorre nessa área causa danos para populações de plantas, afetando a estrutura genética destas. Assim esse estudo verificou a estruturação genética em cinco populações de bacurizeiro dos Estados do Maranhão e Piauí por meio de marcadores entre simples sequências repetidas (ISSR) e da análise de variância molecular. Da diversidade genética total, 28,88% foi dividido entre as populações e 77,16% dentro das populações, portanto há estruturação significativa entre as populações.

Palavras-chave: AMOVA, bacuri, frutífera

Introdução

O bacuri (*Platonia insignis* Mart.) é um fruto muito apreciado na região Meio-Norte do Brasil (LORENZI, 1992) e pode expandir essa demanda para outros estados, especialmente com subprodutos de alto valor agregado. Sua exploração é essencialmente extrativista onde prevalecem plantas de ocorrência natural. O desmatamento ou fragmentação dessas áreas nativas pode reduzir a variabilidade das populações nativas, afetando sua estrutura genética. Esta é determinada principalmente pelo sistema reprodutivo da espécie, pois é o movimento de genes, via pólen e/ou sementes, que determina a estrutura genética das populações. Portanto, para que os fragmentos de vegetações naturais não sejam comprometidos, em espécies alógamas, é necessário que haja troca de genes entre tais fragmentos. Se isto não ocorrer, as populações podem entrar em depressão por endogamia, o que resultará na perda de vigor das gerações seguintes, comprometendo a existência da espécie naquela localidade. Assim, o objetivo desse estudo foi verificar a estruturação genética em cinco populações de bacurizeiro dos Estados do Maranhão e Piauí por meio de marcadores ISSR.

Material e Métodos

Cinco populações de bacurizeiros (Barras e Palmeiras no Piauí; Carolina, Caxias e Santa Quitéria no Maranhão) foram submetidas às análises de dezoito marcadores ISSR. A variação genética



dentro e entre populações foi estimada pela análise de variância molecular (AMOVA), as quais foram utilizadas para a determinação do Φ_{ST} (análogo ao F_{ST} do WRIGHT, 1965) com auxílio do programa ARLEQUIN versão 3.1 (EXCOFFIER et al., 2006). A AMOVA foi conduzida com todos os locos obtidos para verificar a ocorrência de estruturação genética entre todas as cinco localidades e estas foram incluídas em um mesmo grupo e as diferenças entre as populações (Φ_{ST}) foram estimadas.

Os valores das distâncias Φ_{ST} *pairwise* (entre cada par de populações) foram examinados em uma matriz. A significância dos componentes da variação e estatísticas Φ foi avaliada usando 1000 permutações em cada análise.

Resultados e Discussão

Os dezoito marcadores geraram 236 locos ISSR os quais foram utilizados para a AMOVA. De acordo com essa análise, houve diferenciação genética significativa ($\Phi_{ST} = 0,22$, $P < 0,001$) entre as cinco populações de bacurizeiro. Da diversidade genética total, 28,88% foi dividido entre as populações e 77,16% dentro das populações, portanto há estruturação significativa entre as populações (Tabela 1). As espécies perenes e alógamas, geralmente apresentam maiores níveis de diversidade genética dentro das populações do que entre, indicando a influência de suas características biológicas sobre esses parâmetros (LOVELESS; HAMRICK, 1984; NAS et al., 2011).

O valor do Φ_{ST} *pairwise* indicou um nível significativo de diferenciação entre as populações de bacurizeiro. A análise mostra que a distância entre as populações de Palmeirais e Barras foi menor (0,13776), e a distância entre as populações de Palmeirais e Santa Quitéria foi a maior (0,4740) (Tabela 2). A análise estatística dos valores do Φ_{ST} *pairwise* foram todas significativas, indicando que todas as populações diferiram entre si geneticamente. Estes resultados são semelhantes aos obtidos com outras populações de frutíferas quando usado outros marcadores, como os microssatélites (NAS et al., 2011).



Tabela 1: Análise de variância molecular (AMOVA) obtidas para cinco populações de bacurizeiros, com base em marcadores ISSR.

Fonte de variação	Grau de liberdade	Variância	Variância (%)	Índice de fixação
Entre populações	4	9,72	22,84	$\Phi_{ST} = 0,22^{**}$
Dentro das populações	46	32,84	77,16	
Total	50	42,56		

** significativo a 1%

Tabela 2: Matriz de distância genética (valor Φ_{ST} pairwise) entre as cinco populações de bacurizeiro.

POPULAÇÃO	PALMEIRAIS-PI	BARRAS-PI	CAROLINA-MA	CAXIAS-MA
BARRAS-PI	0,1377			
CAROLINA-PI	0,3766	0,1456		
CAXIAS-MA	0,3776	0,1937	0,2634	
SANTA QUITÉRIA-MA	0,4740	0,2500	0,3078	0,3789

Conclusão

Há ainda uma grande estruturação genética entre as cinco populações de bacurizeiros.

Os marcadores ISSR podem ser utilizados como uma ferramenta precisa para estudo de estruturação genética de populações de bacurizeiro.

Referências Bibliográficas

- EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. Arlequin ver. 3.1: An integrated software package for population genetics data analysis. **Evol. Bioinform.** Online v.1, p.47-50, 2006.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras:** manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. São Paulo. Nova Odessa: Editora Plantarum, 1992. 384p.
- LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annu. Rev. Ecol. Syst.** v.15, p.65-95, 1984.
- NAS, M.N.; BOLEK, Y.; BARDAK, A.. Genetic diversity and phylogenetic relationships of *Prunus microcarpa* C.A. Mey. *subsp. tortusa* analyzed by simple sequence repeats (SSRs). **Sci. Horticult.** v.127, p.220-227, 2011.
- WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution**, v.19, p.395-420, 1965.