



# DEFINIÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *FICUS BONIJESULAPENSIS* (MORACEAE) POR MÉTODO DE AGRUPAMENTO BAYESIANO

Jaqueline Fidelis Duarte

Sheila Valéria Álvares Carvalho; Murilo Malveira Brandão; Dulcinéia de Carvalho

Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, MG. jaquelfdbio@hotmail.com.

Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, MG.

Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Setor de Ecologia Aplicada, Lavras, MG.

Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, MG.

## INTRODUÇÃO

*Ficus bonijesulapensis* R.M. Castro (Moraceae) é uma espécie considerada rara e endêmica de Florestas Estacionais Deciduais (FED's) sobre afloramentos calcários. As espécies que ocorrem nestas áreas são capazes de sobreviverem às condições climáticas extremas e condições edáficas particulares, sendo assim considerados como centros de diversidade. As FED's sobre afloramentos de calcário, que ocorrem em manchas por todo o território brasileiro, estão submetidas à pressão antrópica, sendo degradadas devido à exploração por fábricas de cimento, extrativismo madeireiro e expansão de áreas agrícolas. Assim, é importante a realização de estudos nestes ambientes e a necessidade de adoção de políticas conservacionistas para essas áreas.

A conservação da diversidade genética permite a manutenção da viabilidade das populações em longo prazo e também da capacidade evolutiva de uma espécie em responder às mudanças ambientais. Desta forma, a identificação e delimitação de populações com base no conjunto alélico que os indivíduos de uma espécie compartilham, são importantes para se determinar quais áreas seriam prioritárias para a conservação.

## OBJETIVOS

Identificar e definir o número de populações por meio do modelo de agrupamento bayesiano com base no con-

junto de dados genéticos de indivíduos de *F. bonijesulapensis* e detectar possíveis barreiras ao fluxo alélico entre as populações no espaço geográfico.

## MATERIAL E MÉTODOS

A amostragem foi realizada em áreas de Floresta Estacional Decidua sobre afloramentos de calcário. Coletou-se 189 indivíduos arbóreos de *F. bonijesulapensis*, distribuídos em quatro Estados do Brasil, no total de 15 áreas: São Raimundo Nonato (Piauí); Bom Jesus da Lapa, Gruta Lapa Doce, BR - 242, Mocambo, Morro do Chapéu, São Desidério e São Félix do Coribe (Bahia); Nova Roma e Vila Propício (Goiás); Januária, Juvenília, Lassance, Matozinhos e Santo Hipólito (Minas Gerais).

Para as análises genéticas foi realizada a extração do DNA de amostras foliares pelo método adaptado por Vieira *et al.*, (2010). Após extração, seguiu-se a amplificação dos fragmentos de DNA, utilizando *primers* ISSR; eletroforese em gel de agarose e visualização das bandas em transluminador UV. As análises genéticas partiram da observação dos marcadores dominantes quando sua ausência (0) e presença (1) para construção da matriz binária. A análise de estrutura genética populacional foi fundamentada no modelo de agrupamento bayesiano com o auxílio do programa STRUCTURE v.2.3 (Pritchard *et al.*, 000). Além da estruturação, o modelo é capaz de identificar a proporção de genoma proveniente de outros grupos. O con-

junto de parâmetros assumiu o modelo ‘*admixture*’ com frequências de alelos correlacionadas, e as simulações foram executadas em *burn-in* de 50.000 e 100.000 repetições, com valores de *k* variando de 1 a 15 populações. O número de populações foi identificado de acordo com o modelo *k* que apresentou o maior valor LnP(D) resultante das simulações.

Para identificar a descontinuidade dos dados genéticos no espaço geográfico foi utilizado o programa BARRIER (Manni *et al.*, 004). As localidades amostradas foram conectadas pelo método de triangulação de *Delaunay* de acordo com suas coordenadas geográficas e as barreiras foram identificadas a partir do algoritmo de Monmonier (Manni *et al.*, 004).

## RESULTADOS

Os nove *primers* ISSR amplificaram 75 fragmentos polimórficos de DNA para a espécie *F. bonijesulapensis*. O melhor modelo obtido para representar a estrutura genética foi o *k* = 6, ou seja, os genótipos mais próximos dentre os 189 indivíduos foram agrupados em 6 conjuntos. Este modelo foi escolhido porque apresentou o maior valor de probabilidade média, Ln P(D), dentro dos valores simulados para cada *k* em 15 simulações. Deste modo, a análise bayesiana permitiu determinar *a priori* as prováveis populações de *F. bonijesulapensis*. O agrupamento em 6 populações foi diferente do proposto inicialmente de 15 populações, demonstrando que algumas destas áreas possuem um maior fluxo alélico, compartilhando um grande número de alelos entre si, e por isso foram agrupadas.

O mapeamento da distância genética entre as localidades, por meio da triangulação de *Delaunay*, detectou seis descontinuidades genéticas (barreiras). Assim, as seguintes localidades foram agrupadas: (1) São Raimundo Nonato e Morro do Chapéu; (2) BR - 242 e Gruta Lapa Doce; (3) Mocambo e Bom Jesus da Lapa; (4) São Desidério e São Félix do Coribe; (5) Juvenília, Januária e Nova Roma; (6) Vila Propício e Lassance e (7) Santo Hipólito e Matozinhos. Com estes resultados é possível perceber que a determinação de uma população baseada somente na origem geográfica das

amostras nem sempre reflete a sua estrutura genética. Muitas vezes grupos de indivíduos de diferentes localizações geográficas não são necessariamente diferentes geneticamente (Evanno *et al.*, 005).

Os estudos de conservação genética visam à identificação de barreiras ao fluxo alélico entre áreas pré-determinadas (Pritchard *et al.*, 000), isto pode ser uma maneira falha de delimitação de populações. Assim, o uso de ferramentas capazes de detectar estas barreiras e agrupar os indivíduos de acordo com seu conjunto genético demonstra ser de crescente importância em estudos de conservação genética.

## CONCLUSÃO

Com base nos métodos de análise bayesiana utilizados foi observado que a identificação das seis populações de *F. bonijesulapensis* coincidiu em parte com a detecção das descontinuidades genéticas existentes entre algumas das áreas amostradas. A identificação destas populações pode ajudar na manutenção da variabilidade genética por meio do delineamento de áreas para conservação efetiva da espécie. (Agradecimento: FAPEMIG).

## REFERÊNCIAS

- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, v. 14, p. 2611-2620.
- MANNI, F. *et al.*, Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: How barriers can be detected by using Monmonier’s algorithm. *Human Biology*, Detroit, v. 76, n. 2, p. 173 - 190, 2004.
- PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, v. 155, n. 2, p. 945 - 959.
- VIEIRA, F. de A. *et al.*, 2010. DNA extraction protocols and cpDNA *primers* to *Ficus bonijesulapensis* (MORACEAE). *Revista Caatinga*, v. 23, n. 4, p. 69 - 74.