

C. Ciências Biológicas - 8. Genética - 6. Genética

ANÁLISE ESTATÍSTICA DE POLIMORFISMO MOLECULAR EM SEQUÊNCIA DE DNA EM *Eucalyptus* spp.

Leila Andrade Bastos ¹

Ricardo Franco Cunha Moreira ²

Simone Alves Silva ²

Angelo Gallotti Prazeres ³

1. Discente em Ciências Biológicas pelo CCAAB-UFRB. leilynhabastos@hotmail.com

2. Orientador, Professor Adjunto do CCAAB-UFRB

3. Estudante de Doutorado do CCAAB-UFRB

INTRODUÇÃO:

O melhoramento de plantas visa à exploração da variabilidade das espécies para a seleção dos melhores genótipos aumentando a frequência de alelos favoráveis. O uso da biotecnologia no melhoramento de plantas, mais precisamente os marcadores moleculares, vem trazendo resultados promissores. Estudo de evolução molecular em populações naturais e antropizadas envolve a descrição dos padrões de polimorfismo molecular nas seqüências de DNA e a inferência das causas em termos de mecanismos e forças evolutivas. Diante deste fato, objetivou-se neste trabalho, analisar, interpretar e comparar dados moleculares simulados com base em marcadores dominantes e co-dominantes oriundos de populações de *Eucalyptus* spp.

METODOLOGIA:

Foram estudadas populações naturais de *Eucalyptus* spp totalizando 150 indivíduos de cinco regiões diferentes do Estado da Bahia: Itamaraju, Eunápolis, Teixeira de Freitas, Canavieiras e Ubaitaba. Os marcadores simulados foram do tipo RAPD e SSR. A partir desses dados foram montados os arquivos de entrada de cada software utilizado no trabalho por meio do programa Excel. Foram calculadas as frequências alélicas a partir da interpretação do padrão de bandas nos géis. Estimaram-se os parâmetros de diversidade genética, tais como número médio de alelos por loco (A), heterozigosidade média observada (Ho), diversidade gênica (He), estimativas das estatísticas F de Wright (FIS, FST, FIT), através do programa Genetix (Ver.4.05.2; Belkhir et al., 1999). Um dendrograma foi obtido a partir de distâncias genéticas de Nei (1978), utilizando o método aglomerativo UPGMA (Unweighted pair group method of arithmetic averages), foi utilizado o programa MEGA5 (Tamura et al., 2007).

RESULTADOS:

O número de alelos por loco, utilizando os marcadores SSR, variou de dois a seis, sendo a média de 3,8 alelos por loco para as cinco populações. Altos foram os valores de heterozigosidade observados em relação aos valores de heterozigosidade esperados em cada loco. As populações apresentaram valores entre 0,0000 e 0,3614 (média de 0,1338) para heterozigosidade observada e entre 0,0190 e 0,3793 (média de 0,2409) para a diversidade gênica. O elevado coeficiente de endogamia total (FIT= 0,65736) detectado nas populações do estudo indica que o efeito preponderante foi gerado pelo sistema reprodutivo (FIS= 0,29681), o que contribuiu para a diferenciação intrapopulacional. O nível de subdivisão interpopulacional (FST= 0,51274) também contribuiu para a endogamia total, mas em menor grau. A análise de agrupamento realizada por marcadores moleculares do tipo RAPD gerada com base nas distâncias genéticas de Nei (1978) permitiu visualizar a separação em grupos (Figura 1), porém outras análises particionadas (por região, por população) devem ser conduzidas a fim de se identificar com maior exatidão os genótipos de cada grupo.

CONCLUSÃO:

As técnicas de RAPD e SSR mostraram-se eficientes na detecção de polimorfismos nas populações de *Eucalyptus* spp e permitiu a estruturação genética das mesmas.

Instituição de Fomento: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Palavras-chave: eucalipto, estrutura genética, simulação.