

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ESPÉCIES DO CERRADO

**Mateus Neri Oliveira Reis¹; Luciana Cristina Vitorino²; Layara Alexandre Bessa²;
Daniele de Cássia Vieira de Sousa³**

¹Graduando em Engenharia Ambiental - Instituto Federal Goiano – Campus Rio Verde – GO, mateusnerioliveira@hotmail.com;

²Professor(a)/Pesquisador(a) - IFGoiano – Campus Rio Verde – GO;

³Mestranda em Ciências Agrárias - IFGoiano – Campus Rio Verde – GO.

Introdução

O Cerrado brasileiro é atualmente considerado um hotspot de biodiversidade. Acredita-se que corresponda a um terço da biodiversidade nacional e 5% flora e fauna mundiais. O fato de o Cerrado ser uma área crítica para a biodiversidade, tem relação com o alto grau de endemismo e o nível de ameaça da flora (Marinho-Filho et al., 2010). O bioma Cerrado é considerado a maior savana do mundo, tendo uma fauna diversa e abundante devido à complexidade de seus habitats e paisagens (Strassburg et al., 2017).

A diversidade genética representa um patrimônio, pois cada espécie armazena informações genéticas diferentes, que quando analisadas podem formar um "banco de dados" de valor inestimável para pesquisas em estudos genéticos e biotecnológicos. Esses estudos podem fornecer genes que tornam as plantas mais resistentes a defensivos agrícolas, pragas ou às intempéries climáticas. A variabilidade genética é a capacidade de uma espécie, população ou de uma progênie de expressar diferentes fenótipos (Ramalho et al., 2004). Assim, a variabilidade genética está diretamente relacionada às diferenças nas constituições genéticas entre as plantas envolvidas, podendo ser transmitida à descendência, sendo o fator básico para a evolução (Falconer, 1987).

Diante desse quadro, todo esforço em conservar a base biológica existente no Cerrado é pertinente, visto que o processo de desenvolvimento regional pautado na agricultura vem reduzindo os recursos genéticos das espécies nativas, acelerando o desmatamento do Cerrado e provocando alterações significativas na biodiversidade, como a perda da variabilidade genética e até mesmo ameaças de extinção de espécies endêmicas (Myers 1988, Chase et al. 1995). Desta forma, trabalhos que tenham como foco conhecer a diversidade genética presente neste bioma ameaçado devem ser incentivados e acelerados, diante do risco iminente às espécies.

Assim, este trabalho teve por objetivo, avaliar os padrões de diversidade genética obtidos para espécies do Cerrado, utilizando dados de marcadores moleculares microssatélites (SSR).

Materiais e Métodos

Os dados foram obtidos por meio de busca cienciométrica, sendo levantado dados de heterozigosidade média esperada (H_e), heterozigosidade média observada (H_o) e de riqueza alélica de espécies de plantas que ocorrem no Cerrado brasileiro. Foram utilizados os bancos de dados “Scopus”, “Web of Science” e “SciELO” utilizando-se as palavras-chaves: “Cerrado and SSR” e “Cerrado and ISSR”, sendo delimitado o período de busca para ocorrer entre 1999 e 2018. A escolha destes bancos de dados deve-se a alta demanda de publicações e qualidade das revistas científicas indexadas.

Utilizou-se somente palavras-chaves com nomes compostos porque ambos os termos “SSR”, “ISSR” e “Cerrado”, quando separados, podem indicar uma variedade de trabalhos que não se relacionam com a variabilidade genética de espécies de plantas do Cerrado brasileiro.

Foram utilizados histogramas para análise e representação dos dados quantitativos da diversidade média (heterozigosidade esperada e heterozigosidade observada) e da riqueza alélica das espécies observadas.

Resultados e Discussão

Nas populações das espécies *Copaifera langsdorffii* (Copaíba), *Driptyx alata* (Baru), *Manihot esculenta* (Mandioca), *Qualea grandiflora* (Pau-terra), *Vellozia gigantea* (Serra do cipó) e *Hancornia speciosa pubescens* (Mangaba) o valor médio observado para H_e foi maior que H_o , indicando excesso de homozigotos, em relação ao esperado. Já nas populações das espécies *Annona coriacea* (fruta-do-conde), *Camponesia adamantium* (Guabiroba), *Eugenia dysenterica* (Cagaita) e *Solanum crinitum* (Lobeira da mata) + *lyocarpum* (Fruta-de-lobo) isso não ocorre, mesmo apresentando algumas populações com a heterozigosidade esperada (H_e) maior que a observada (H_o), grande parte das populações tiveram a H_o maior que H_e , sugerindo um padrão de excesso de heterozigotos.

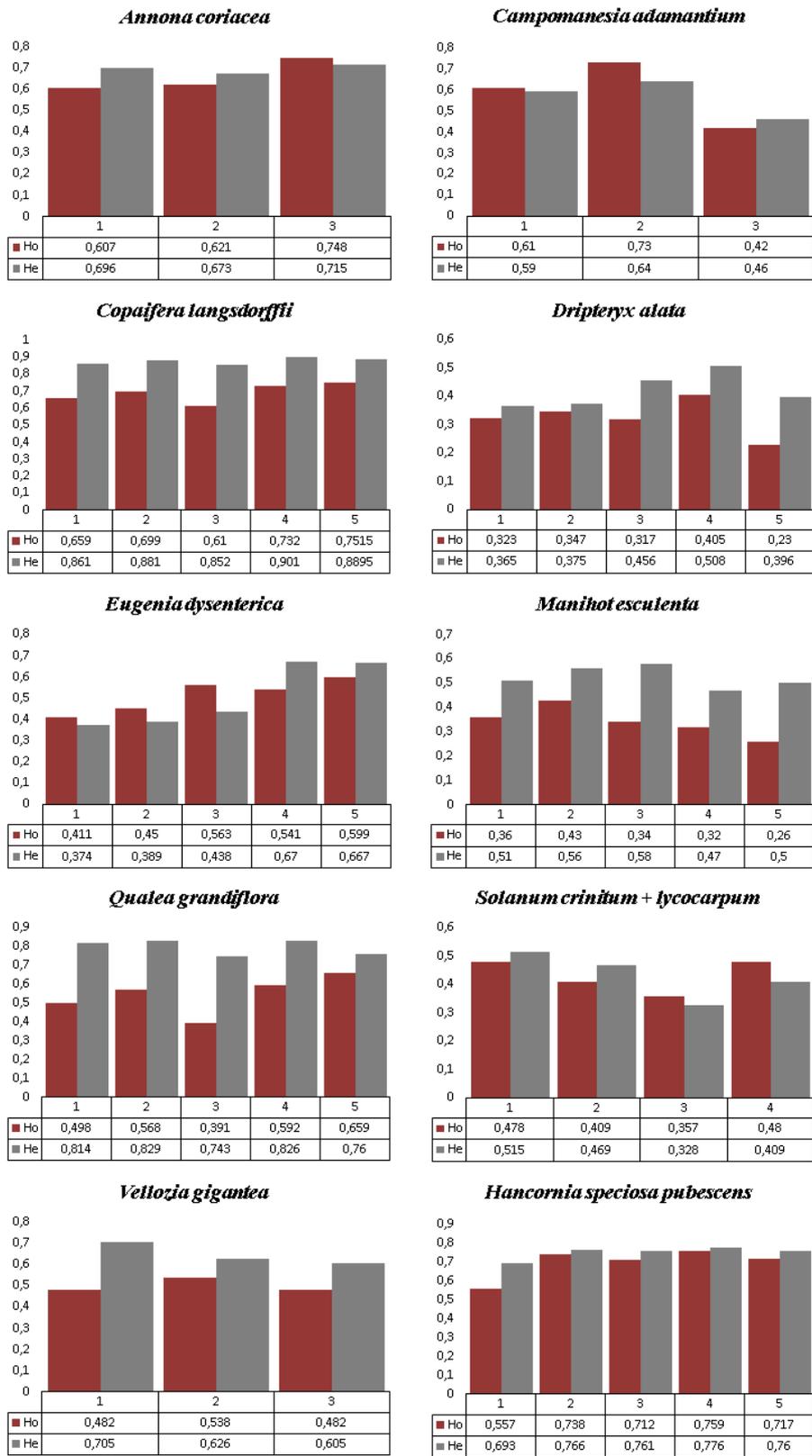


Figura 1. Heterozigossidade observada (Ho) e heterozigossidade esperada (He), estimadas para populações de plantas do Cerrado. O eixo Y indica os valores e o eixo X indica o número de populações.

Através dos histogramas podemos verificar que quanto maior a diversidade média, maior tende a ser a riqueza alélica, isso ocorreu para as espécies *A. coriacea*, *C. adamantium*,

C. langsdorffii, *D. alata*, *M. esculenta*, *Q. grandiflora* e *V. gigantea*. Este padrão só não foi observado para as espécies *H. speciosa pubescens*, *E. dysenterica* e *S. crinitum + lycocarpum*. Este padrão pode ser explicado pela alta relação entre as duas variáveis em questão, ou seja, a heterozigidade de uma população é determinada por diversos fatores, incluindo fluxo gênico e mutação, que permitem a inserção de novos alelos nas populações. Com isso, populações com alta riqueza alélica tendem a ter altas diversidades gênicas.

Os maiores valores médios de riqueza alélica foram observados em populações das espécies *C. langsdorffii* (8,503) e *A. coriacea* (7,333), enquanto os menores valores médios foram verificados em populações de *S. crinitum + lycocarpum* (1,78).

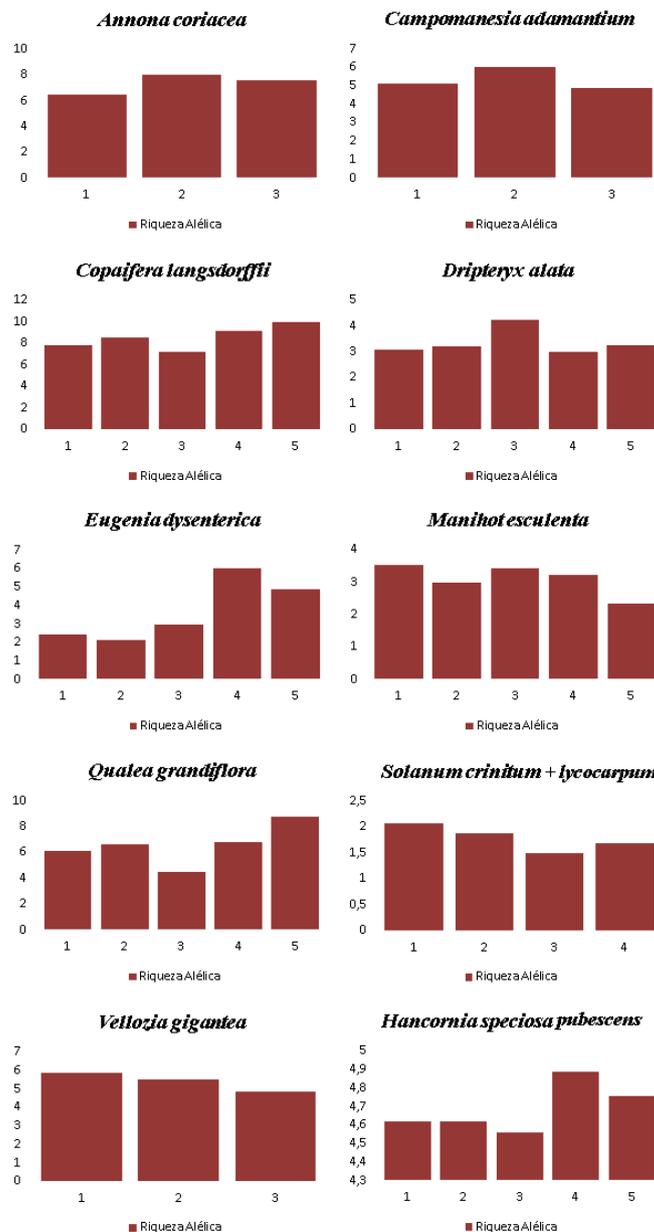


Figura 2. Riquezas alélicas estimadas para diferentes populações de plantas do Cerrado. O eixo Y indica os valores e o eixo X indica o número de populações.

Referências Bibliográficas

CHASE, M.R., BOSHIER, D.H. & BAWA, K.S. 1995. Population genetics of *Cordia alliodora* (Boraginaceae), a neotropical tree. 1. Genetic variation in natural populations. **American Journal of Botany**. 82:468-475.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução por SILVA, M. A.; SILVA, J. C. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

MARINHO-FILHO, J., MACHADO, R.B. & HENRIQUES, R.P.B. 2010. Evolução do conhecimento e da conservação do Cerrado brasileiro. **In Cerrado - conhecimento científico quantitativo como subsídio para ações de conservação. (I.R. Diniz, J. Marinho-Filho, R.B. Machado & R.B. Cavalcanti, eds.)**. Editora UnB, Brasília, p. 13-32.

MYERS, N. 1988. Threatened biota: “hotspots” in tropical forests. **Environmentalist**. 8:1-20.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2004. 472 p.

STRASSBURG, B. B. N., BROOKS, T., FELTRAN-BARBIERI, R., IRIBARREM, A., CROUZEILLES, R., LOYOLA, R., LATAWIEC, A. E., OLIVEIRA FILHO, F. J., et al. Moment of truth for the Cerrado hotspot. **Nature Ecology & Evolution**, 2017.