

## GENÔMICA DA CONSERVAÇÃO EM GAROUPA<sup>1</sup>

Isis Ferreira Silveira de Souza<sup>2</sup>, Miklos Maximiliano Bajay<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Vinculado ao projeto “Diversidade genômica e estrutura genética de peixes teleósteos para o desenvolvimento de estratégias de conservação de recursos pesqueiros associados a pesca artesanal”

<sup>2</sup> Acadêmico (a) do Curso de Ciências Biológicas - CERES – Bolsista PROBIC

<sup>3</sup> Orientador, Departamento de Engenharia de Pesca e Ciências Biológicas – CERES – miklos.bajay@udesc.br

O presente estudo foca em duas espécies de garoupas de grande importância comercial sob intensa pressão de pesca no litoral brasileiro. *Epinephelus marginatus* (garoupa-verdadeira) é encontrada, no continente sul-americano, do sul da Bahia até a Argentina. *Epinephelus morio* (garoupa-vermelha) tem ocorrência mais comum nos estados da Bahia e Espírito Santo. A pesca predatória a longo prazo levou as garoupas a um estado de conservação preocupante, ameaçadas de extinção, assim como ocorre com outras espécies da mesma família. A fim de propor estratégias de conservação, manejo e exploração das espécies, é útil a detecção e caracterização de padrões populacionais de diversidade genômica, já que a pesca artesanal pode impactar populações naturais com estoques reduzidos através do endocruzamento e deriva genética.

Desde o início da década de 90, marcadores neutros como os microsatélites, por exemplo, foram uma das principais escolhas entre estudos moleculares de ecologia e evolução, mas não possibilitam o estudo das adaptações resultantes do processo evolutivo através da seleção natural. Uma alternativa mais recente seria o uso de Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs), marcadores que consistem na substituição de um único nucleotídeo em uma posição específica do genoma, cuja popularidade crescente se deve à sua eficácia em pesquisas de genética populacional. Se comparados aos microsatélites, SNPs são muito mais numerosos e difundidos nos genomas de muitas espécies, além de evoluírem de forma simples e bem descrita por modelos mutacionais, como o modelo de alelos infinitos (IAM).

Este estudo teve por objetivo a análise da estrutura populacional e da diversidade genética das amostras de duas espécies de garoupas (*E. marginatus* e *E. morio*), assim como a investigação dos níveis de endocruzamento e da possibilidade de hibridização entre ambas. Além disso, foram feitas análises para detecção de outliers, caracterizados por alelos candidatos à seleção característica de cada uma das espécies. Foram amostrados 61 indivíduos de *E. marginatus* e 13 indivíduos de *E. morio*.

O pacote ADEGENET v.2.1.3 (Jombart, 2008) foi utilizado para importação do conjunto de dados para o software R v.3.4.4. A análise de componentes principais (PCA) foi realizada com o pacote ADE4 v.1.7-16 (Dray *et al.*, 2007) e o pacote GGLOT2 v.3.3.3 (Ginestet, 2011) foi utilizado para construção dos *plots*. O pacote diveRcity (Keenan *et al.*, 2007) foi usado para as estimativas de riqueza alélica,  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  e heterozigosidades esperada e observada. As análises de *outliers* foram feitas através do Arlequin.

A PCA demonstrou que o primeiro componente principal explica 55.19% da variação, que mostra a organização dos *pools* de alelos de cada espécie de forma distinta e sem conexão entre as duas espécies, enquanto o segundo componente explica 1.35%. A análise discriminante

(DAPC) sugere dois *clusters* ( $K = 2$ ) como função dos valores de BIC (critério de informação bayesiana), associados às duas espécies amostradas. Não foram observados indivíduos que apresentem compartilhamento de alelos entre as duas espécies, sugerindo que não há indícios de híbridos. Nenhuma das análises detectou evidências de migração interespecífica.

As análises de diversidade genética sugerem que a população de *E. marginatus* é geneticamente mais diversa que a população de *E. morio*, levando em consideração os parâmetros de riqueza alélica ( $A_R = 1.35$  e  $A_R = 1.17$ , respectivamente) e heterozigosidade esperada ( $H_E = 0.09$  e  $H_E = 0.08$ ). Os valores desses parâmetros são muito mais baixos em comparação ao estudo de Priolli *et al.* (2016), que apresentou riqueza alélica média de  $5.34 \pm 0.18$  e heterozigosidade esperada de 0.605 e 0.655 para Paraty e Rio de Janeiro, respectivamente.

O coeficiente de endogamia ( $F_{IS}$ ) demonstrou desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) para as populações das duas espécies amostradas, sugerindo que em ambos os casos a heterozigosidade observada é menor do que o esperado sob EHW, o que demonstra declínio de diversidade genética provocado por endogamia. A análise sugere que a população de *E. morio* ( $F_{IS} = 0.3984$ ) ainda apresenta endogamia mais intensa que *E. marginatus* ( $F_{IS} = 0.1985$ ), levando em consideração que não há sobreposição dos intervalos de confiança das duas espécies.

A análise através do NeEstimator ( $MAF = 0,01$ ) revelou tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) estimado de 646.6 para *E. marginatus* e 469.8 para *E. morio*. Devido à diferença do número de amostras para cada espécie, era esperado maior  $N_e$  de *E. marginatus* em relação à *E. morio*, resultado que foi confirmado pela análise. Entretanto, a análise retornou valores de tamanho efetivo populacional maiores que os valores de tamanho amostral médio, devido ao fato de muitos dos SNPs estarem em desequilíbrio de ligação, o que interferiu na eficiência da análise, demonstrando que o algoritmo não é adequado para estudos genômicos com SNPs em garoupas pois seria necessário remover os SNPs sob efeito de seleção e utilizar na análise apenas um SNP em cada bloco haplotípico.

O índice de fixação ( $F_{ST}$ ) = 0.8626, demonstra estruturação genética mais intensa que o esperado para espécies do mesmo gênero. O Arlequin detectou um total de 2949 SNPs não neutros (*outliers*) entre os 7352 totais, caracterizando uma proporção acima do esperado.

Para esclarecimento do efeito dos *outliers* sobre os resultados do índice de fixação, é necessário testar novas análises a partir da remoção desses valores, buscando a obtenção de um  $F_{ST}$  mais informativo e preciso. O coeficiente de endogamia ( $F_{IS}$ ), que sugere heterozigosidade observada menor do que o esperado sob EHW, demonstra perda de diversidade genética provocada por declínio populacional e consequente endogamia, gerando a necessidade de reforçar as estratégias de conservação para *Epinephelus marginatus* e *Epinephelus morio*. A distinção clara entre as duas espécies, demonstrada pela PCA, e as diferenças significativas de diversidade genética sugerem a necessidade de propor estratégias de conservação dedicadas às particularidades de cada uma.

**Palavras-chave:** Genética da conservação. Peixes teleósteos. SNPs.