

NÍVEIS HIERÁRQUICOS E ANCESTRALIDADE EM POPULAÇÕES DE *Eucalyptus urophylla* EM ILHAS DA INDONÉSIA

Evandro Vagner Tambarussi*¹; Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva¹; João Ricardo Bachega Feijó Rosa², Izabel Christina Gava de Souza³; Maria Paula Barion Alves Nunes¹; Shinitiro Oda³

¹Faculdade de Ciências Agrônômicas (FCA/Unesp), Botucatu, SP. *e-mail: evandro.tambarussi@unesp.br, ² RB Genetics & Statistics Consulting, ³ Suzano S.A.

Eucalyptus urophylla é a segunda espécie florestal de maior interesse econômico no Brasil. A compreensão genética a nível populacional, bem como da ancestralidade da espécie, é essencial para a gestão e utilização sustentável e eficiente dos recursos genéticos. Assim, com esta pesquisa, investigamos a diversidade genética e o número de populações ancestrais existentes em uma população base de *E. urophylla*. Cento e trinta e dois indivíduos adultos foram genotipados e 50 marcadores SNP foram utilizados para as análises. Os indivíduos são oriundos de sementes de polinização aberta coletadas em seis populações localizadas nas ilhas de Wetar e Adonara, na Indonésia, sendo três populações/ilha. Análises de diversidade e os níveis hierárquicos populacionais (

F_{ST} , F_{IT} e F_{IS}) foram estimados usando os pacotes adegenet e hierfstat do software

R. O

número de populações ancestrais e grupos genéticos foram analisados com base na estimativa dos coeficientes de ancestralidade individual usando a fatoração de matriz não negativa esparsa (*snnmf*), algoritmo implementado no pacote LEA. O número ideal de populações ancestrais (*k*) foi definido pelo critério de entropia cruzada com 50 execuções independentes e valor de *k* variando de 1 a 10. As estimativas de diversidade genética foram

moderadas, com a heterozigosidade observada ($H_o = 0.72$) maior do que a esperada ($H_e = 0.51$).

Pequena diferença genética entre as ilhas ($F_{ST} = 0.03$) e dentro das ilhas, entre origens ($F_{ST-Wetar} = 0.001$ a 0.005 e $F_{ST-Adonara} = 0.01$ a 0.02) foram observadas.

Os subníveis F_{ST} e F_{IT} negativos, variando de -0.35 a -0.41, indicam alta proporção de indivíduos heterozigotos nas populações e uma correlação intraclasse negativa, ou seja, os alelos estão mais relacionados entre as populações do que dentro delas. Cada ilha possui sua população ancestral, sendo detectados três grupos genéticos distintos: um para a ilha de Wetar e dois para Adonara. Em Adonara, os indivíduos da subpopulação de Kawella ficaram mais isolados dos demais. As populações apresentam pequena diferenciação genética entre si, havendo indicativos de que processos evolutivos ocorridos no passado, além da seleção artificial realizada durante o desbaste podem ter contribuído para a elevação da diversidade genética nas ilhas.

Palavras-chave: Genética populacional, F's de Wright, Conservação

Genética Agradecimentos: Capes, CNPQ (303789/2022-0) e Suzano S.A.