

Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais  
Programa de Pós-graduação em Biologia de Vertebrados

**Genética populacional e história demográfica de *Salminus franciscanus*  
LIMA & BRITKSI, 2007: uma espécie de peixe endêmica da bacia do rio São Francisco**

Aluna: Sarah Garcez Biondo  
Orientador: Prof. Dr. Daniel Cardoso de Carvalho

Belo Horizonte  
2018

Sarah Garcez Biondo

**Genética populacional e história demográfica de *Salminus franciscanus*  
LIMA & BRITSKI, 2007: uma espécie de peixe endêmica da bacia do rio São Francisco**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-graduação  
em Biologia de Vertebrados da Pontifícia Universidade Católica de  
Minas Gerais como requisito parcial para obtenção do título de  
Mestre em Biologia de Vertebrados.

Orientador: Prof. Dr. Daniel Cardoso de Carvalho

Belo Horizonte

2018

“Genética Populacional e História Demográfica de *Salminus franciscanus* (LIMA & BRITKSI, 2017): uma Espécie de Peixe Endêmica da Bacia do Rio São Francisco”

**Sarah Garcez Biondo**

Defesa de Dissertação em 20/03/2018

Resultado: APROVADA

Banca Examinadora:



---

Prof. Dr. Jorge Abdala Dergam dos Santos (UFV)



---

Prof. Dr. Gabriel de Menezes Yasbeck (UFSJ)



---

Prof. Dr. Daniel Cardoso de Carvalho (Orientador PUC Minas)

**Um passarinho  
Quando aprende a voar  
Sabe mais sobre coragem  
Que de voo.  
Lucão**

## AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Sônia e Sergio, pelo amor e apoio incondicional. Não tenho palavras para expressar minha gratidão a vocês, por tudo o que fizeram e abdicaram por mim durante toda a minha vida!

Ao meu irmão Samuel, minha avó Vera, padrinhos e primos queridos: obrigada por todo incentivo, presença e carinho. À minha prima Larissa, em especial, pela sintonia e por sua doçura.

Às minhas amigas de Cuiabá, em especial Anna e Lara, por essa irmandade que não tem fim!

Ao meu querido Ringo, meu companheiro, por me cercar do amor mais puro do mundo!

Ao meu orientador, professor Daniel Cardoso de Carvalho, pelos inúmeros ensinamentos e por confiar no meu trabalho (e respeitar meu ritmo).

Ao Laboratório de Genética da Conservação e os melhores companheiros que eu poderia pedir. Um agradecimento mais que especial para Bela, Laís e Teixeira, meus veteranos, meus exemplos, vocês são incíveis! Obrigada por estarem ao meu lado, e me ajudarem com as questões complexas e também as mais bobas (do mestrado e da vida)!

À Núbia e Cris, pela amizade preciosa que cultivamos durante a convivência diária. Eu admiro demais vocês! Bruno, Camilinha, Gabi, Rosi, Aninha, Bruna, David e Pam, meus colegas de laboratório mais incríveis, obrigada por deixarem meus dias mais leves e divertidos!

Aos melhores amigos de turma que eu poderia querer, um imenso agradecimento! Por tudo o que compartilhamos, por todas as trocas, risos, abraços, desabafos e “ei, tá tudo bem, eu estou aqui!”. Sinto um carinho especial por cada um e espero que essa conexão não termine nunca!

Aos meus colegas da graduação ainda tão presentes na minha vida, em particular à Camila, que deu ao mundo a Alicinha, por todos esses anos de companheirismo e amizade!

À todos que de alguma forma fizeram/fazem parte da minha vida e me ensinaram um tanto! Minhas hermanas do coração e também à Gabi, Iza, Fabi, Rodolfo e Roberto. Muita gratidão por vocês!

Ao Programa de Pós-graduação em Biologia dos Vertebrados, pela oportunidade de aprender e crescer profissionalmente. À todos os professores, pela dedicação e pelos ensinamentos dentro e fora de sala de aula. Aos professores Enemir e Sônia: nunca esquecerei da compreensão que me mostraram nos momentos difíceis.

Aos funcionários do mestrado, em especial à Cledma, por me lembrar de fazer a matrícula todas as vezes e, portanto, uma das principais responsáveis por este momento!

Aos membros da banca, Jorge Dergam, Gabriel Yazbeck e Júnio Damasceno, agradeço muito pela disponibilidade e contribuições valiosas!

À CAPES, pela bolsa concedida. Ao Fábio Arantes pelas amostras coletadas e pelos relatos.

Ao Laboratório de Biodiversidade Molecular e Conservação da UFSCar, pela recepção gentil e troca de experiências. Ao professor Pedro Galetti Jr. e à Carolina Machado, pelo grande apoio e incontáveis conhecimentos (e e-mails!) compartilhados!

Ao dourado, essa criatura magnífica, por existir e persistir.

À Deus, ao universo, ao meu avô Juraci, obrigada!

## RESUMO

*Salminus franciscanus* é a espécie de dourado endêmica da bacia do rio São Francisco. Essa espécie é um predador de topo de cadeia, um dos principais alvos da pesca esportiva e fonte de renda de centenas de ribeirinhos, uma vez que a carne desse peixe também é muito apreciada na gastronomia. Diante das consequências econômicas, sociais e ambientais que seriam causadas pelo declínio populacional de *S. franciscanus*, torna-se necessário compreender como suas populações se distribuem pela bacia e qual a influência de certos fatores (como, por exemplo, a fragmentação de seu habitat pela barragem de Três Marias no canal principal do rio São Francisco) sobre a viabilidade dessas populações. Nesse trabalho, foram investigadas a diversidade genética, estrutura populacional e a história demográfica da espécie *S. franciscanus* através da Região Controle (ou D-loop) do DNA mitocondrial, a fim de fornecer subsídios para o delineamento de estratégias adequadas de manejo e conservação. Foram coletados e analisados 76 amostras de dourados do alto e médio rio São Francisco. As sequências de DNA da Região Controle obtidas revelaram 18 haplótipos, alta diversidade haplotípica ( $Hd = 0,876 - 0,906$ ) e moderada diversidade nucleotídica ( $\pi = 0,00603 - 0,00708$ ). Além disso, foi detectada uma ausência de estruturação genética, tanto entre as populações a jusante e a montante da barragem de Três Marias, quanto entre os segmentos alto e médio da bacia do São Francisco ( $Fst = -0,0117 - 0,0235$ ,  $p > 0,05$ ). O teste de Mantel resultou em um valor não-significativo para isolamento por distância ( $r = -0,45$ ,  $p > 0,05$ ). As inferências sobre a história demográfica de *S. franciscanus*, feitas através das abordagens ABC (*Approximate Bayesian Computation*) e BSP (*Bayesian Skyline Plot*), detectaram um sinal de expansão populacional há 17.580 anos atrás, durante o último período interglacial do Pleistoceno. A elevada diversidade genética encontrada para o dourado, proveniente do sinal de expansão demográfica histórica, indica manutenção de potencial evolutivo para a espécie. A ausência de estruturação observada entre as populações a jusante e a montante da barragem de Três Marias sugere que o trecho a montante apresenta um ecossistema com boa capacidade de suporte e que as estratégias de repovoamento estão sendo bem-sucedidas, dispensando a necessidade da construção de um mecanismo de transposição.

**Palavras-chave:** diversidade genética, estrutura populacional, história demográfica, D-loop.

## ABSTRACT

*Salminus franciscanus* is an endemic fish species of the São Francisco river basin known as “dourado”. This species is a top-chain predator, one of the main targets of sport fishing and income source of several riverine communities, since the meat of this fish is also appreciated in gastronomy. In view of the economic, social and environmental consequences that would be caused by the decline of the dourado populations, it is necessary to understand how their populations are distributed in the basin and what is influence of certain factors (such as the fragmentation of their habitat by the Três Marias dam in the main channel of the São Francisco river) on the viability of these populations. In this work, we investigated the genetic diversity, population structure and demographic history of the *S. franciscanus* species using the mitochondrial DNA’s Control Region (or D-loop), in order to provide subsidies for the design of appropriate management and conservation strategies. Seventy six sequences from the Control Region were obtained, which demonstrated eighteen haplotypes, high haplotypic diversity ( $Hd = 0.876 - 0.906$ ) and moderate to high nucleotide diversity ( $\pi = 0.00603 - 0.00708$ ). In addition, an absence of genetic structuring was detected between the populations downstream and upstream of the Três Marias dam, as well as between the upper and middle segments of the São Francisco basin. The Mantel test resulted in a non-significant value for isolation by distance ( $r = -0.45$ ,  $p > 0.05$ ), corroborating with the fixation index ( $F_{st} = -0.0117 - 0.0235$ ,  $p > 0.05$ ). The inferences about the demographic history of *S. franciscanus* were made using both ABC (*Approximate Bayesian Computation*) and BSP (*Bayesian Skyline Plot*) approaches, which detected a sign of population expansion during the last Pleistocene interglacial period, 17.580 years ago. The high levels of genetic diversity found for the dourado, descendant from the signal of historical demographic expansion, indicates maintenance of the evolutionary potential for the species. The lack of genetic structuring observed among the populations isolated by the Três Marias dam suggests that the the upstream region presents an ecosystem with good support capacity and that the repopulation strategies are successful, without the need for the implementation of transposition mechanisms.

**Key words:** genetic diversity, population structure, demographic history, D-loop.

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Mapa da bacia do rio São Francisco com representação dos locais amostrados a montante e a jusante da barragem de Três Marias..... 15
- Figura 2 - Representação dos cinco cenários demográficos testados no *software* DIYABC ..... 20
- Figura 3 - Rede haplotípica elaborada a partir de sequências da região D-loop de acordo com: (A) Agrupamento 1 e (B) Agrupamento 2 ..... 23
- Figura 4 - Resultado da análise *Clustering of groups of individuals*. ABA = rio Abaeté, CUR = rio Curimataí, PAO = rio Paraopeba, PAN = rio Pandeiros, PRE = rio Preto, TRM = barragem de Três Marias, URU = rio Urucuaia, PIU = rio São Francisco (Piumhi), PIR = rio São Francisco (Pirapora), GUA = rio São Francisco (Barra do Gaucuí), IBI = rio São Francisco (Ibiaí), PAR = rio Paracatu, COR = rio Corrente..... 24
- Figura 5 - Resultado da análise do tamanho populacional efetivo utilizando o *Bayesian skyline plot* (BSP) para *S. franciscanus*. Eixo Y: tamanho populacional efetivo versus tempo de gerações (indicado em milhões de anos). Eixo X: tempo (indicado em milhares de anos)..... 25
- Figura 6 - Resultado da computação da probabilidade de cenários através da análise de *Logistic regression*..... 26
- Figura 7 - Resultado da análise de verificação do modelo para o Cenário 2..... 26

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Localidade amostrada, seu número amostral, segmento da bacia da qual faz parte, porção relativa à barragem Três Marias (TRM) e coordenadas geográficas .....	14
Tabela 2 - <i>Primers</i> para a região D-loop utilizado na PCR .....	16
Tabela 3 - Resultado das análises de diversidade genética de <i>S. franciscanus</i> para a região D-loop, de acordo com: (A) Agrupamento 1 e (B) Agrupamento 2. N = Número amostral, H = Número de haplótipos, Hd = Diversidade haplotípica e $\pi$ = Diversidade nucleotídica.....	21
Tabela 4 - Cálculo do AMOVA de <i>S. franciscanus</i> para a região D-loop, considerando: (A) Agrupamento 1 e (B) Agrupamento 2 .....	22

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	9
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	12
<b>2.1. Objetivo geral</b> .....	12
<b>2.1. Objetivos específicos</b> .....	13
<b>3. MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	13
<b>3.1. Área de estudo</b> .....	13
<b>3.2. Amostragem</b> .....	13
<b>3.3. Extração do DNA genômico, amplificação da região D-loop, reação de sequenciamento e sequenciamento do DNA</b> .....	15
<b>3.4. Análise de dados</b> .....	16
<b>3.4.1. Análises de genética populacional</b> .....	17
<b>3.4.1.1. Diversidade genética</b> .....	17
<b>3.4.1.2. Estrutura populacional</b> .....	17
<b>3.4.1.3. Análise de isolamento por distância (IBD)</b> .....	18
<b>3.4.2. História demográfica</b> .....	18
<b>4. RESULTADOS</b> .....	20
<b>4.1. Genética populacional</b> .....	20
<b>4.1.1. Diversidade genética</b> .....	20
<b>4.1.2. Estrutura populacional</b> .....	21
<b>4.1.3. Isolamento por distância (IBD)</b> .....	24
<b>4.2. Demografia histórica</b> .....	24
<b>5. DISCUSSÃO</b> .....	27
<b>5.1. Genética populacional</b> .....	27
<b>5.1.1. Diversidade genética</b> .....	27
<b>5.1.2. Estrutura populacional e isolamento por distância</b> .....	28
<b>5.1.3. Demografia histórica</b> .....	30
<b>6. CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	31
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	33