

Análise populacional e investigação da origem de uma erva invasora (*Senecio madagascariensis* Poir.) no Sul do Brasil

Luana Castro¹, Geraldo Mäder¹, Loreta B. de Freitas¹ Sandro L. Bonatto²

¹Laboratório de Evolução Molecular UFRGS. ²Laboratório de Biologia Genômica e Molecular PUCRS.
luanacastro1@gmail.com

Introdução

Estudos que investigam a variabilidade genética de espécies invasoras são importantes para melhor compreendermos a dinâmica das invasões biológicas. *Senecio madagascariensis* Poir. (Asteraceae) (Fig. 1) é uma espécie nativa do sul da África que foi introduzida acidentalmente na Austrália e no Havaí no início da década de 80. Nesses países, naturalizou-se e tem causado grandes problemas, pois compete fortemente com a flora nativa levando à deterioração das pastagens. Além disso, produz alcalóides que, em casos graves, podem levar o gado à morte. No Brasil, esta espécie foi encontrada pela primeira vez no Rio Grande do Sul (1995) onde tem se espalhado rapidamente nos últimos anos. O objetivo desse estudo foi investigar a estrutura genética de populações de *S. madagascariensis* usando marcadores moleculares, determinar os níveis de diversidade genética e investigar a história da introdução desta espécie no Brasil.

Materiais e Métodos

Foram coletadas de 4-30 plantas em 16 populações totalizando 336 amostras (Fig. 2A). O DNA foi extraído a partir de folhas jovens usando CTAB, sequenciado e genotipado. Foram utilizados espaçadores nucleares ITS e oito lócus de microssatélites (Le Roux & Wiczorek, 2007), além de sequências de ITS (*Genbank*) de Madagascar, África do Sul, Suazilândia e Havaí. Análise da variabilidade genética, parâmetros de estruturação populacional e fluxo gênico foram realizadas nos programas Network 4.5, Arlequin 3.5, Structure 2.3 e FSTAT 2.9.

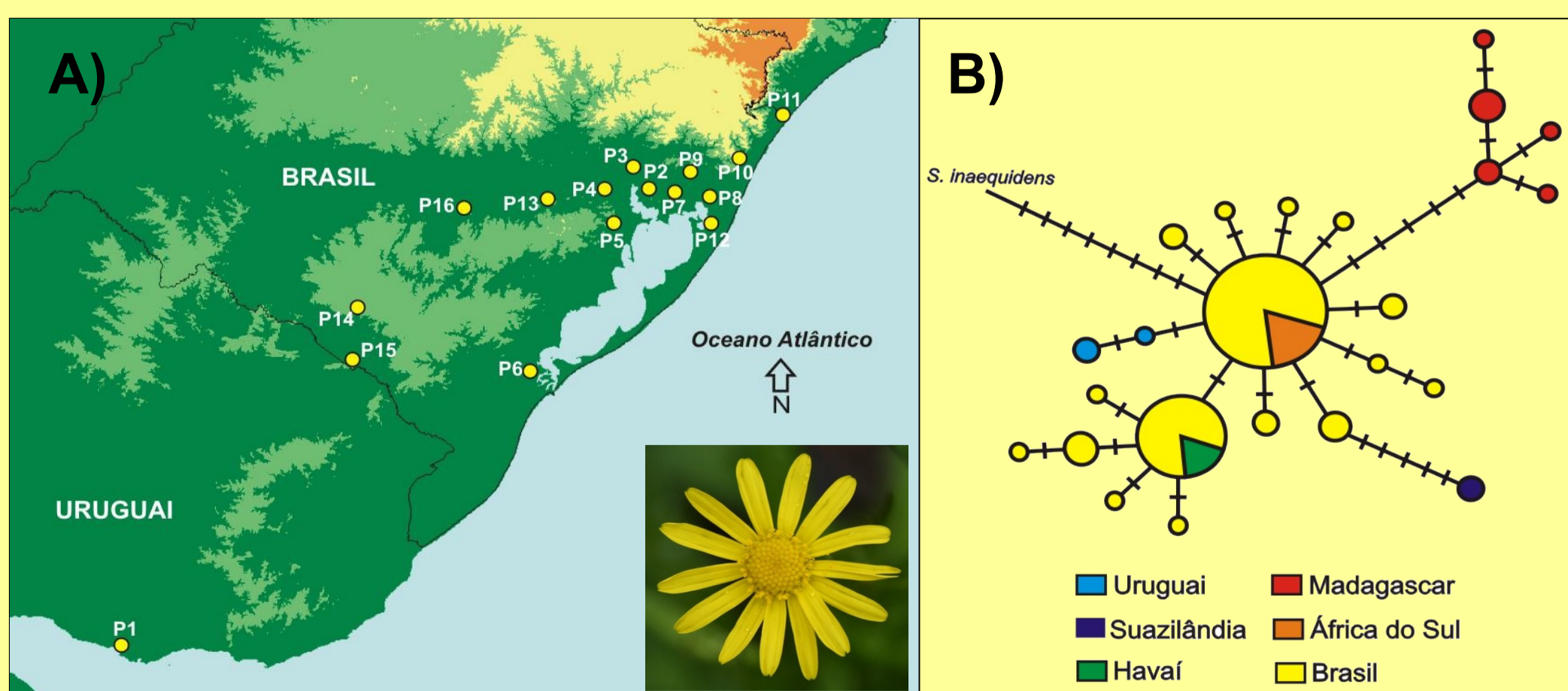


Fig.2- A) Pontos de coleta B) Relacionamento evolutivo entre as sequências de ITS obtido pelo método de *median-joining network*.

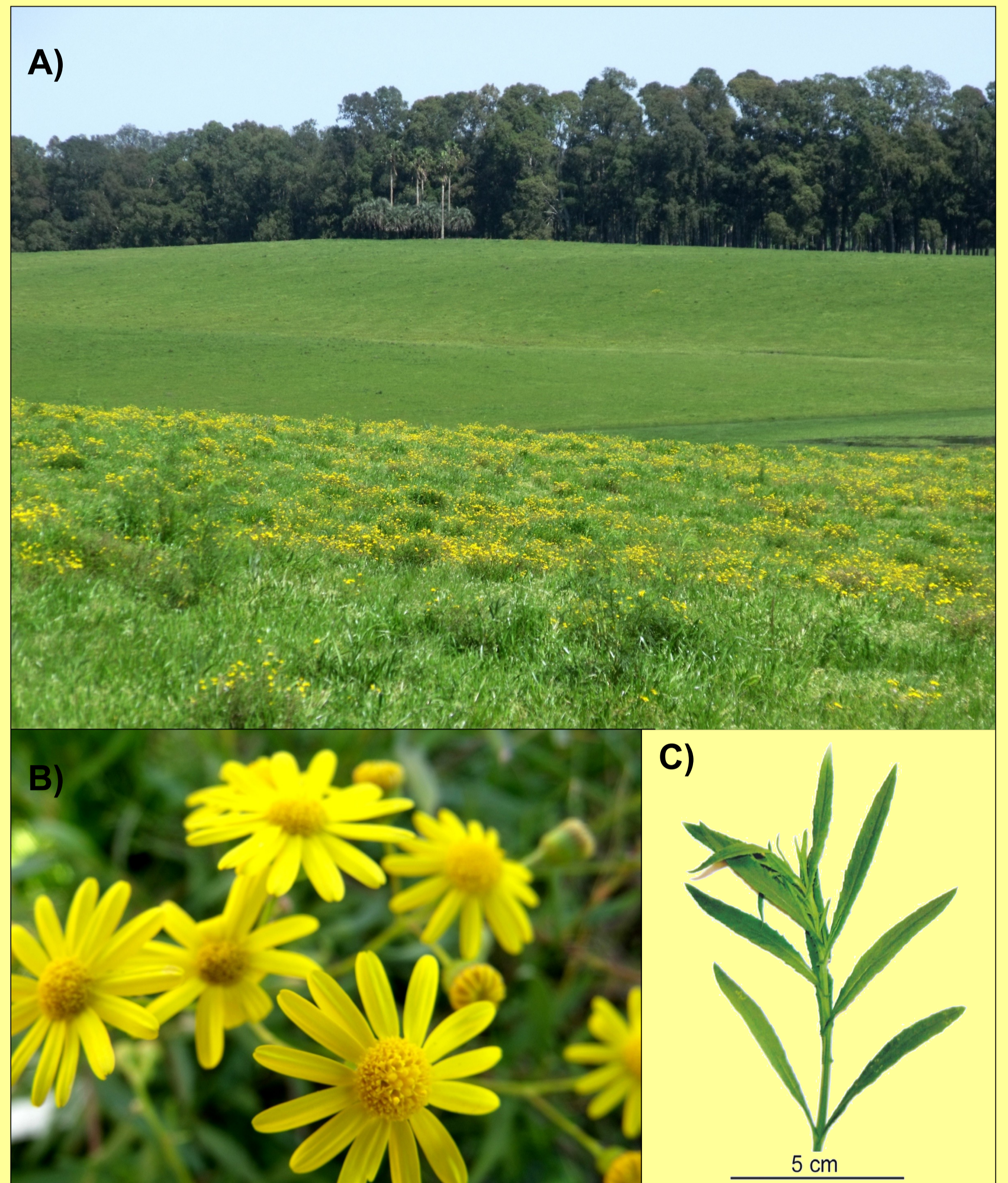


Fig.1- *Senecio madagascariensis* A) População no campo (Aceguá-RS) B) Detalhe da flor C) Ramo foliar

Resultados e Discussão

O alinhamento gerado de 148 sequências de ITS apresentou 666 pb, com 29 sítios polimórficos. A *network (median-joining)* inferida sugere que as populações de *S. madagascariensis* do Rio Grande do Sul são estreitamente relacionadas com as da África do Sul e Havaí (Fig. 2B). Análises com ITS também revelaram a existência de alta diversidade nucleotídica ($0,003 \pm 0,002$) e baixa estruturação nas populações locais ($F_{ST} = 0,15$). *Mismatch Distribution* e testes de neutralidade (D de Tajima = $-1,76$ e F_s de Fu = $-12,74$) indicaram que as populações no Brasil estão em expansão demográfica. De forma semelhante, a análise dos oito lócus de microssatélites para um total de 223 amostras indicou: baixa estruturação populacional ($F_{ST} = 0,14$), alta diversidade alélica (4-30 alelos por lócus). Estes resultados, juntamente com observações de campo sugerem que esta espécie está em expansão no sul do Brasil tornando-se uma ameaça cada vez mais significativa às espécies nativas e pecuaristas.