

Filogeografia do Palmiteiro (*Euterpe edulis*) na Mata Atlântica Brasileira

Nicolle da Cunha Carvalho, Nelson Jurandi Rosa Fagundes
Instituto de Biociências - Departamento de Genética, UFRGS
nicolle_carvalho@live.com



pro pesq
Pró-Reitoria de Pesquisa - UFRGS

Introdução

A Mata Atlântica é um dos biomas brasileiros mais ricos em termos de biodiversidade, e forma um mosaico constituído de diversos tipos de vegetação e ecossistemas ao longo da costa litorânea. A palmeira *Euterpe edulis* Mart. (Arecaceae) (Figura 1) é endêmica deste bioma ocorrendo desde o estado do Rio Grande do Norte até o Rio Grande do Sul. A espécie é comum, conhecida popularmente como palmito-juçara, e se encontra ameaçada pelo extrativismo ilegal devido ao seu alto valor comercial, além da fragmentação de seu habitat. Estudos recentes sobre a origem e evolução desse bioma sugerem a hipótese de que algumas áreas da Mata Atlântica podem ter servido como refúgios durante os períodos glaciais do Pleistoceno. Estudos filogeográficos podem ser úteis já que podem desvendar alguns padrões evolutivos e históricos.



Figura 1 – A) Foto da palmeira *Euterpe edulis* adulta. B) Foto de uma plântula de *E. edulis*

O presente estudo tem como objetivo investigar a filogeografia de *E. edulis* baseando-se no polimorfismo de regiões do DNA de cloroplasto e do DNA nuclear para avaliar se há evidências da importância de refúgios da Mata Atlântica além de caracterizar a variabilidade genética de populações naturais a fim de gerar novas propostas de conservação.

Material e Métodos

Estão sendo analisados indivíduos de 16 populações que ocorrem desde a Bahia até o Rio Grande do Sul (Figura 2). As sequências dos marcadores sendo analisados foram amplificadas através da técnica de PCR ("Polimerase Chain Reaction"), em termocicladores automáticos e foram utilizados "primers" e protocolos específicos descritos na literatura para cada um dos marcadores. As reações de PCR foram verificadas através de eletroforese horizontal em gel de agarose 1%, corado com GelRed, e os produtos de PCR foram purificados com enzimas ExoI/SAP e submetidos para sequenciamento em empresa terceirizada.

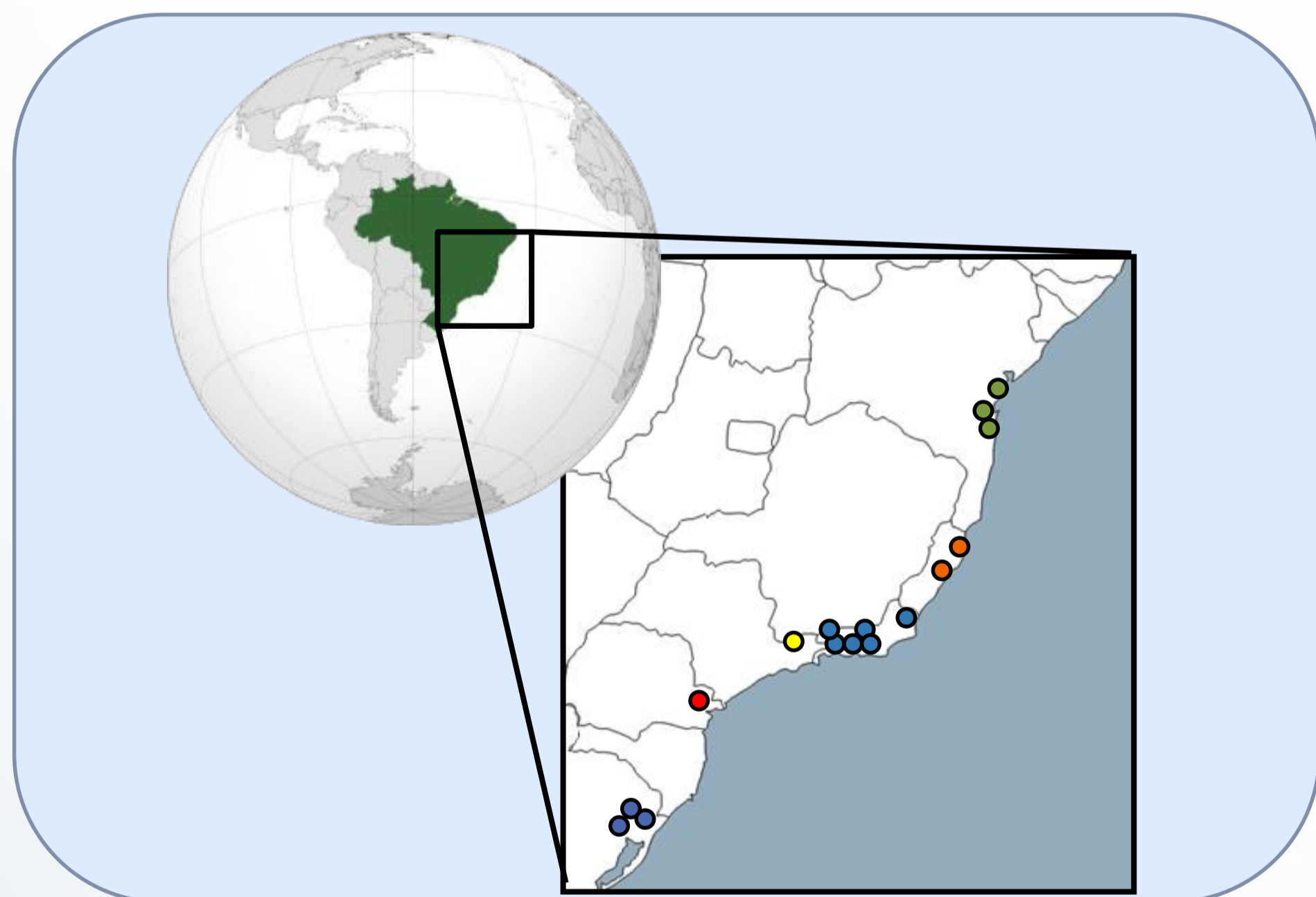


Figura 2 – Mapa representando as localidades das populações de *Euterpe edulis* analisadas.

As sequências foram visualizadas no programa Geneious e analisadas através de métodos filogenéticos bayesianos e de redes de haplótipos e também através de estatísticas gerais de genética de populações (como estatísticas-F e testes de neutralidade) nos programas Beast, Network e Arlequin, respectivamente.

A estimativa do tempo do ancestral comum mais recente (TMRCA) foi feita no programa Beast assumindo um modelo coalescente de população constante e uma taxa evolutiva geral de $1,0 \times 10^{-9}$ /sítio/ano (Wolfe, 1987, Evol84: 9054-9058) estimada para o cpDNA, e uma taxa evolutiva de $2,61 \times 10^{-9}$ /sítio sinônimo/ano (Gaut, 1996, Evol93: 10274-10279) para o Adh.

Resultados e Discussão

Foram encontrados 10 sítios variáveis para os três marcadores do cpDNA, totalizando onze haplótipos entre 63 indivíduos pertencentes a 14 populações. Para o gene nuclear foram encontradas 10 regiões de interesse formando doze haplótipos para os 67 indivíduos pertencentes a 15 populações. As relações genealógicas entre os haplótipos de cpDNA e as relações para o gene nuclear podem ser observadas na figura 3.

Perspectivas

- > Aumentar o tamanho amostral.
- > Fazer modelagem de nicho ecológico para avaliar o impacto das mudanças climáticas do Pleistoceno sobre a distribuição predita da espécie.

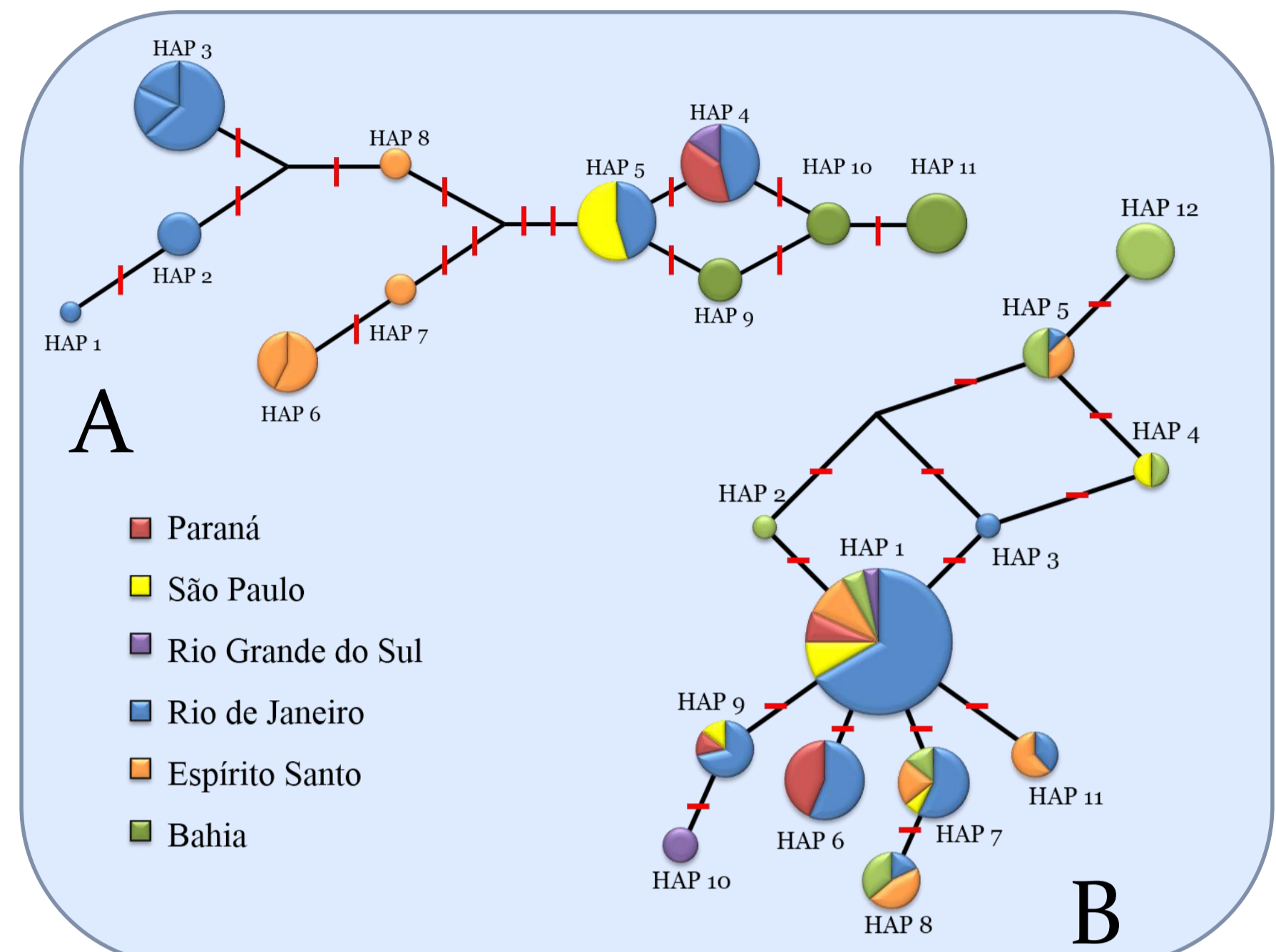


Figura 3 – Distribuição dos haplótipos do gene nuclear (A) e dos cpDNA (B) nos networks. O tamanho dos círculos é proporcional ao tamanho amostral e as cores representam as diferentes populações de acordo com a legenda. Os traços vermelhos representam o número de passos mutacionais entre os haplótipos.

Skylines foram realizados para os dois conjuntos de dados usando o programa Beast, porém ambos testes não demonstraram evidência de uma expansão populacional. A árvore de espécie usando os dados de cpDNA e Adh agrupando as amostras em NE (BA e ES), SE (SP e RJ) e Sul (PR e RS), sugeriu uma divergência recente entre os grupos populacionais avaliados (Figura 4).

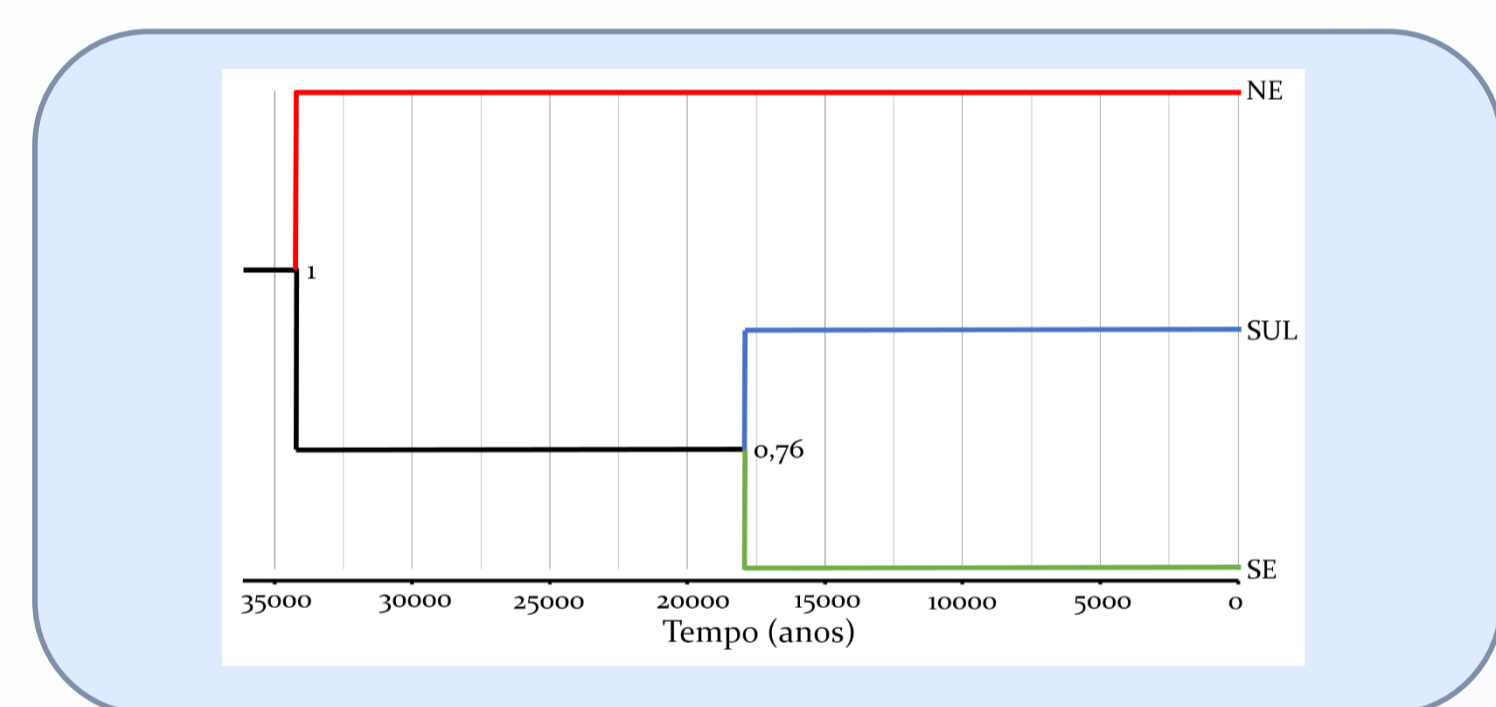


Figura 4 – Árvore de espécies agrupando as amostras dos dados de cpDNA e Adh conjuntamente em três grupos distintos de acordo com a região.

Os resultados dos dados estatísticos para genética de populações estão apresentados na tabela 1.

Tabela 1 – Dados dos testes realizados com as amostras separando-as em três grupos para os dois conjuntos de dados..

População	N	H	π (x100)	θ (S)	D_{Taj}	Fs Fu
Adh						
NE	21	0,6917	0,1,69	0,904097	0,57472	-0,08063
SE	38	0,6214	0,0858	1,632201	-1,18505	-4,07741*
Sul	8	0,8525	0,2598	1,626797	1,69313	0,26205
cpDNA						
NE	21	0	0	0	0	0
SE	35	0,7244	0,8748	4,128007	1,76322	19,67552
Sul	7	0,8333	0,8085	4,447237	2,62734	10,20406

N=número amostral, H=Diversidade gênica, π =Diversidade nucleotídica, θ (S)=Theta, D_{Taj} =Estatística D de Tajima, Fs Fu = Estatística Fs de Fu.

A diferença entre os grupos populacionais explica 21,2% da variação genética observada para o Adh, enquanto para o cpDNA explica 43,6%. A diferenciação entre os grupos calculadas com F_{ST} não foi significativa para os dados. O grupo SE, apresentou FS de Fu significativo para o Adh, o que pode indicar uma expansão populacional.

A divisão entre NE e SE se mostra recente, por volta de 32.000 anos, sugerindo que essas áreas seriam as mais estáveis e diversificadas, portanto compatíveis com a ideia de "refúgios" ou zonas de estabilidade populacional. Já a população mais ao Sul parece não ser tão diversa, compartilhando muitos dos haplótipos com o SE, e a separação entre esses grupos parece datar próximo ao último máximo glacial, sugerindo que a região sul pode ter sido colonizada recentemente a partir do SE.