



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2014
<b>Local</b>	Porto Alegre
<b>Título</b>	Filogeografia do Palmitreiro ( <i>Euterpe edulis</i> ) na Mata Atlântica Brasileira
<b>Autor</b>	NICOLLE DA CUNHA CARVALHO
<b>Orientador</b>	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

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) 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. 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. Estão sendo analisados indivíduos de 16 populações que ocorrem desde a Bahia até o Rio Grande do Sul. 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. 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. Para os espaçadores plastidiais psbA/trnH, trnLE/trnLF e trnS/trnFM foram sequenciados e analisados 40 indivíduos pertencentes a treze populações. Foram encontradas cinco mutações de ponto, quatro micro-duplicações e uma micro-inversão, totalizando onze diferentes haplótipos, cujas relações genealógicas evidenciaram separações regionais das populações em termos genéticos. Para o gene nuclear ADH, foram sequenciadas até o momento 41 indivíduos para dez populações, e na análise dessas sequências foram encontradas 10 regiões de interesse gerando dez diferentes haplótipos. Os dados já analisados para os marcadores plastidiais sugerem que as populações do Sul representam um subconjunto daquelas do Rio de Janeiro, que é uma população mais variável e estas compartilham alguns haplótipos. Enquanto as populações do Espírito Santo e da Bahia parecem ser mais afastadas entre si e mais próximas separadamente do Rio de Janeiro. Já nos dados do gene nuclear observamos uma menor estruturação, que poderia demonstrar uma expansão populacional para as populações, mas os testes estatísticos não se mostraram significativos. As estimativas para o tempo do ancestral comum mais recente entre as populações estudadas sugerem datas no Pleistoceno tanto para os marcadores plastidiais (~543.550 anos atrás) quanto para o gene nuclear (~757.260 anos atrás), indicando uma filogenia relativamente recente nesse bioma. De uma forma geral, nossos resultados podem ser compatíveis com a ideia de áreas de "estabilidade" para esse bioma na região do RJ e outra(s), independente(s), mais ao norte. O aumento de indivíduos analisados para cada população para todos os marcadores utilizados permitirão uma melhor caracterização da história evolutiva dessa espécie.