



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Influência de fatores ambientais na distribuição da diversidade genética de <i>Eugenia dysenterica</i>
Autor	JESSICA PERSI BOELTER
Orientador	LEANDRO DA SILVA DUARTE

Bolsista: Jéssica Persi Boelter
Orientador: Leandro da Silva Duarte
Coorientadora: Jacqueline de Souza Lima
Laboratório de Ecologia Filogenética e Funcional
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Influência de fatores ambientais na distribuição da diversidade genética de *Eugenia dysenterica*

Estudos de diversidade genética dos organismos abrangem as mais diversas áreas. Entender a distribuição desta ao longo do tempo e espaço é importante para compreender os mecanismos e os processos evolutivos e ecológicos responsáveis por sua formação. Fatores que afetam a distribuição das espécies, como temperatura e precipitação, podem ter efeitos na diversidade genética, assim, o uso de dados ambientais, como dados climáticos, somado as variações genéticas pode vir a fornecer informações importantes sobre a relação entre estes, incluindo a influência das mudanças climáticas sob a distribuição da diversidade genética das espécies. Espécies que apresentam diversidade e diferenciação de haplótipos são potenciais modelos para estudos que visam entender essa relação. *Eugenia dysenterica* é uma árvore da família Myrtaceae que se encaixa nesse perfil, tendo vasta distribuição no Cerrado brasileiro e apresentando populações amplamente distribuídas e com alta diferenciação genética. O estudo de Lima et al. (2017) coletou 333 indivíduos dessa espécie distribuídos em 23 localidades no bioma Cerrado, sequenciando quatro regiões do DNA cloroplastidial que foram concatenadas para a realização das análises estatísticas. Os resultados do estudo suportam a hipótese que a diversidade de *E. dysenterica* pode ser explicada pela estabilidade demográfica histórica da espécie, além de evidenciar mudanças na adequabilidade consistentes com o modelo periférico. O presente estudo se dá como uma continuação da análise desses dados, a partir de uma abordagem recentemente proposta por Duarte et al. (2018) e tem como objetivo avaliar a estruturação da diversidade e disposição haplotípica da espécie, com enfoque na sua relação evolutiva com as variáveis ambientais selecionadas. Para realização das análises será utilizado o pacote Haplovecors no software R, onde serão inseridos os dados referentes a 333 sequências de DNA e as seguintes variáveis: coordenadas geográficas, precipitação, temperatura e estabilidade climática modelada para os períodos presente, seis mil anos atrás e último máximo glacial. Algumas análises preliminares foram realizadas e através dos resultados obtidos é possível observar uma correlação significativa entre a relação dos haplótipos e as variáveis de precipitação, temperatura e para o índice de adequabilidade climática do período presente, sugerindo que há influência das variáveis selecionadas na diversidade genética atual da espécie. A continuidade das análises permitirá explorar de maneira mais aprofundada os dados obtidos, elucidando as relações encontradas e relacionando-as com os padrões de distribuição da diversidade genética da espécie.