Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Filogeografia do Palmiteiro (Euterpe edulis) na Mata Atlântica Brasileira
Autor	NICOLLE DA CUNHA CARVALHO
Orientador	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

Um dos biomas brasileiros mais ricos em termos de biodiversidade é a Mata Atlântica, que 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 econômico, 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, para essa espécie, 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 13 populações que ocorrem desde a Bahia até o Paraná. 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 na empresa Macrogen (Coréia do Sul). 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 28 indivíduos pertencentes a doze populações. Foram encontradas cinco mutações de ponto, quatro micro-duplicações e uma micro-inversão, totalizando oito diferentes haplótipos, cujas relações genealógicas evidenciaram separações regionais das populações em termos genéticos. Para o gene nuclear ADH, foram sequenciadas até o momento três indivíduos para cada uma das populações, e a análise preliminar dessas sequências sugerem que essa região do DNA também pode ser informativa para caracterizar a variação genética dessa espécie em nível geográfico. Os dados já analisados para os marcadores plastidiais indicaram que as populações do Rio de Janeiro são as mais variáveis e que as populações do Sul são derivadas destas. Já as populações do Espírito Santo e Bahia apresentaram algumas variações próprias únicas. As estimativas para o tempo do ancestral comum mais recente entre as populações estudadas sugerem datas no Pleistoceno (~617.400 anos atrás), indicando uma filogenia relativamente recente nesse bioma. Nesse sentido, as populações mais ao Sul do Brasil podem representar uma recolonização recente a partir do RJ ou marcar a persistência de populações isoladas, mais ao sul, que acabaram perdendo diversidade genética. 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. A incorporação dos dados do marcador nuclear, e o aumento de indivíduos analisados permitirão uma melhor caracterização da história evolutiva dessa espécie.