

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

Em sua maioria, as Areceaceae são de grande importância econômica pelos diferentes produtos que podem oferecer, a espécie *Euterpe edulis* Mart. (Figura 1) é conhecida popularmente como palmito-juçara e tem ampla distribuição ao longo do litoral brasileiro, ocorrendo naturalmente desde o sul da Bahia até o Rio Grande do Sul. A espécie é endêmica do bioma de Mata Atlântica, um dos mais ricos em termos de biodiversidade, e atualmente se encontra ameaçada pelo extrativismo ilegal devido alto valor comercial, além da fragmentação de seu habitat natural.



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 o grau de estrutura genética ao longo da Mata Atlântica.

Material e Métodos

Estão sendo analisados indivíduos de 16 populações que ocorrem desde a Bahia até o Rio Grande do Sul (Figura 2). As amostras foram analisadas para três espaçadores plastidiais (psbA/trnH, trnLE/trnLF e trnS/trnFM) e um gene nuclear (Adh). As sequências dos marcadores 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.

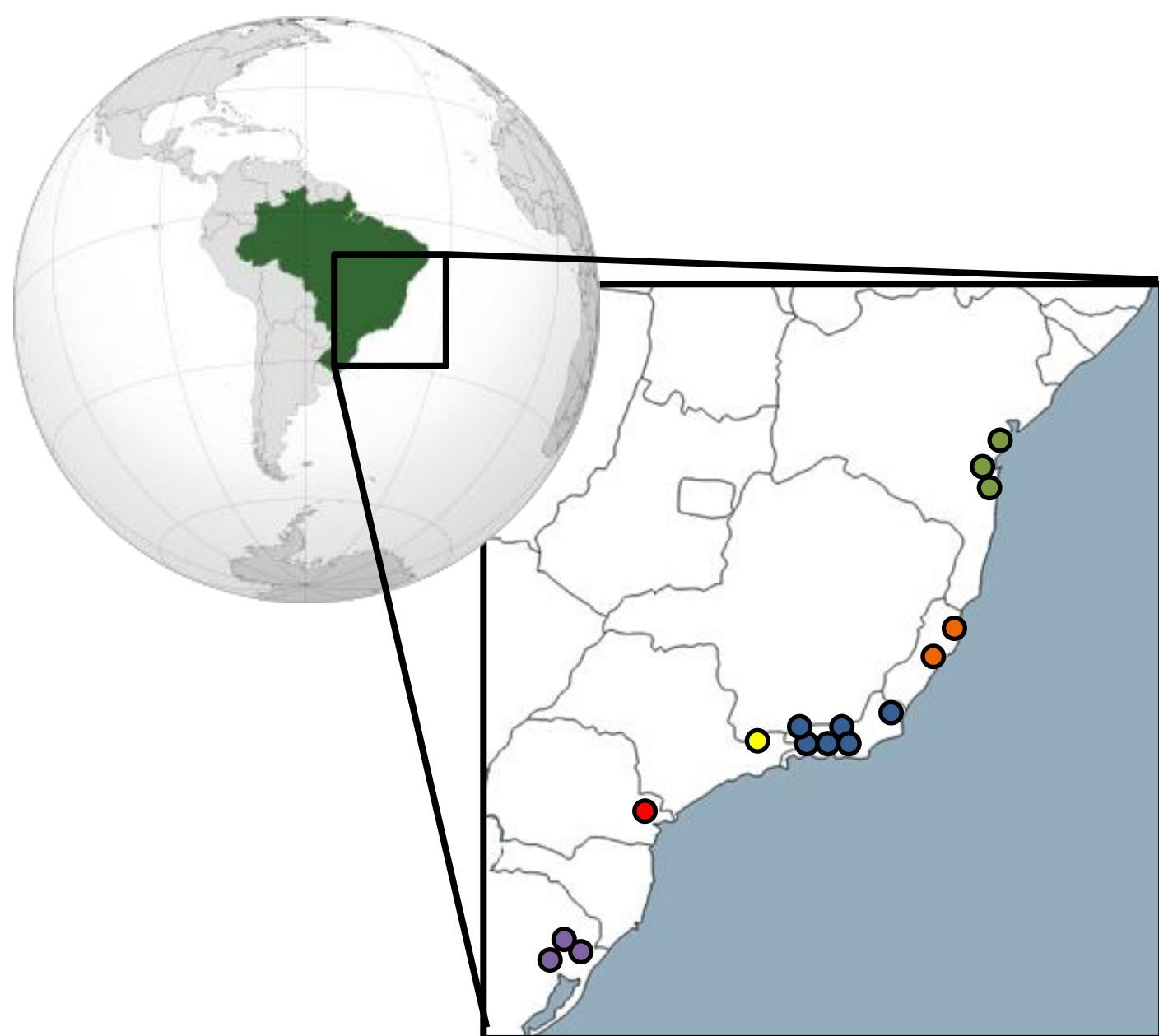


Figura 2 – Mapa representando as localidades das populações de *Euterpe edulis* analisadas.

As sequências foram visualizadas no programa Geneious e analisadas através de métodos filogenéticos bayesianos, redes de haplótipos, e estatísticas-F 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 para o Adh calibrada a partir da taxa do cpDNA no programa Beast.

Resultados

Para os espaçadores plastidiais foram sequenciados e analisados 96 indivíduos. Foram encontrados dez sítios variáveis, totalizando doze diferentes haplótipos, cujas relações genealógicas evidenciaram separações regionais das populações em termos genéticos. Para o gene nuclear ADH, foram sequenciadas amostras de 87 indivíduos, e na análise dessas sequências foram encontradas 10 regiões de interesse gerando quinze diferentes haplótipos. As relações genealógicas entre os haplótipos de cpDNA e as relações para o gene nuclear podem ser observadas na figura 3.

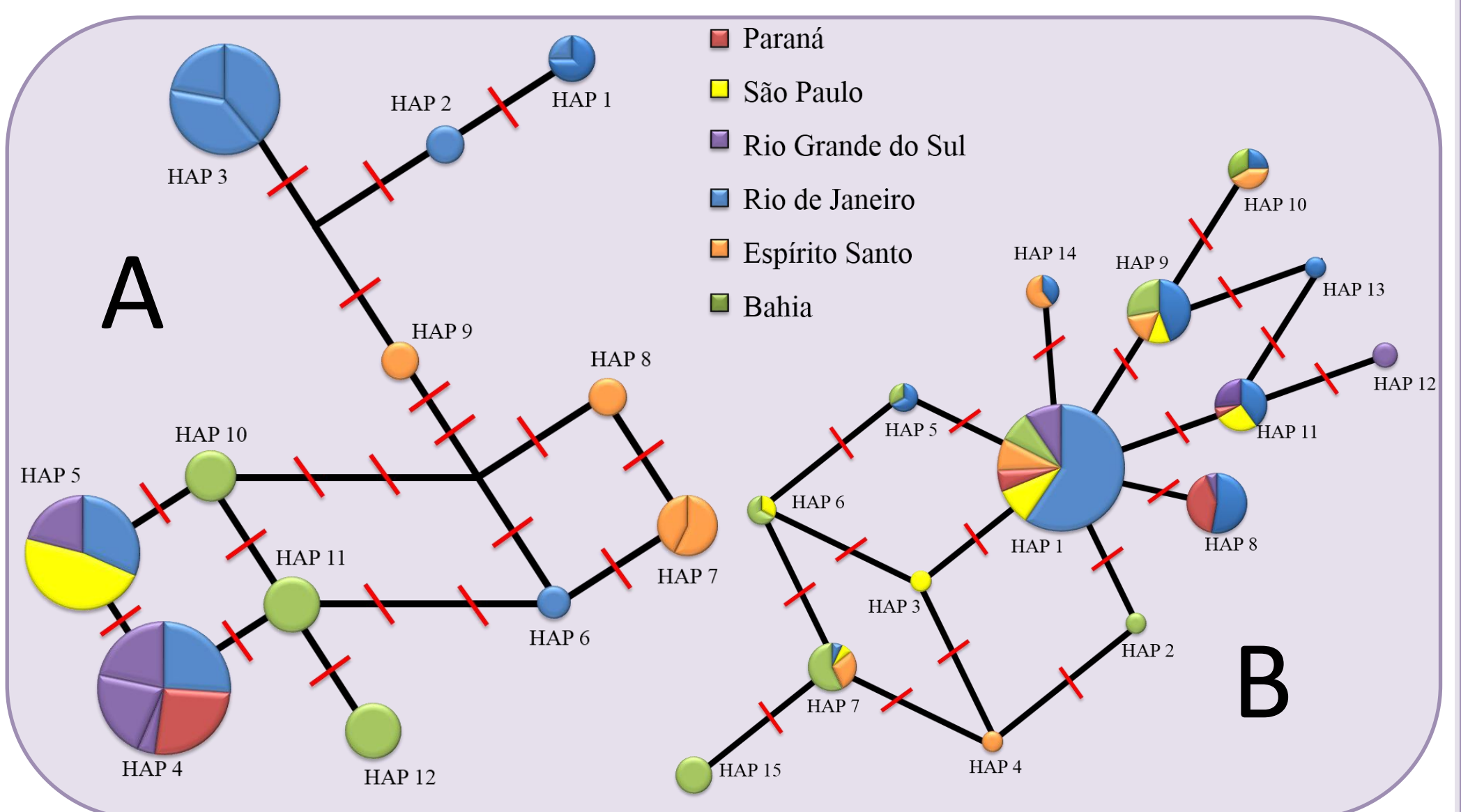


Figura 3 – Distribuição dos haplótipos dos cpDNA (A) e do gene nuclear (B) nos networks. O tamanho dos círculos é proporcional ao tamanho amostral e as cores representam as diferentes populações de acordo com a legenda. Os traços vermelhos representam o número de passos mutacionais entre os haplótipos.

Skylines foram realizados para os dois conjuntos de dados usando o programa Beast, porém ambos testes não demonstraram evidência de uma expansão populacional. Os resultados dos dados estatísticos para genética de populações estão apresentados na tabela 1 separados em Sul (PR+RS), Bahia (ES+BA) e Serra do Mar (RJ+SP).

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}
cpDNA	96				
Sul	21	0,3238	0,2195	3,6134	0,59
Bahia	28	0,8333	0,7665	4,1116	2,69*
Serra do Mar	47	0,7391	0,9647	3,8490	2,39*
Adh	87				
Sul	13	0,7108	0,0987	0,7862	0,67
Bahia	28	0,8565	0,2448	1,5238	1,62*
Serra do Mar	46	0,6639	0,0977	1,5706	-0,91*

N=número amostral, H=Diversidade gênica, π =Diversidade nucleotídica, Θ (S)=Theta, D_{TAJ} = Estatística D de Tajima, F_s Fu = Estatística F_s de Fu.

Discussão

Os dados analisados parcialmente, até o momento, sugerem para os marcadores plastidiais que as populações do Sul representam um subconjunto da variação genética total encontrada no Rio de Janeiro, que representa a região geográfica mais variável. Por outro lado, as populações do Espírito Santo e da Bahia parecem conter haplótipos mais diferentes entre si, provavelmente indicando histórias distintas para essas regiões (Sul vs Nordeste). Houve uma certa estrutura populacional, com um $F_{ST}=0,41$, e quase todas as populações apresentaram um único haplótipo. Os dados do gene nuclear demonstram uma estruturação menor que os de cloroplasto, com $F_{ST}=0,20$, e bastante diversidade intrapopulacional. Enquanto a genealogia plastidial e nuclear tenham sugerido estimativas de ponto para o tempo de ancestral comum mais recente próximo ao final do Pleistoceno (2,78 milhões de anos para o cpDNA e 2,42 milhões de anos para o ADH), a árvore de populações sugere que a divergência entre populações data dos últimos 200 mil anos. De uma forma geral, nossos resultados são compatíveis com a ideia de áreas de "estabilidade" para esse bioma na região do RJ e outra(s), independente(s), mais ao norte, mas ainda são necessárias mais análises.