



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<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

Filogeografia do Palmitreiro (*Euterpe edulis*) na Mata Atlântica Brasileira  
Nicolle da Cunha Carvalho  
Nelson Jurandi Rosa Fagundes  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS

Em sua maioria, as Arecaceae são de grande importância econômica pelos diferentes produtos que podem oferecer, a espécie *Euterpe edulis* Mart. 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. 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. Estão sendo analisados indivíduos de 16 populações que ocorrem desde a Bahia até o Rio Grande do Sul. Três marcadores plastidiais e um marcador nuclear (ADH) foram amplificados através da técnica de PCR ("Polimerase Chain Reaction"), utilizando "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, redes de haplótipos, e estatísticas-F nos programas Beast, Network e Arlequin, respectivamente. Para os espaçadores plastidiais psbA/trnH, trnLE/trnLF e trnS/trnFM foram sequenciados e analisados 96 indivíduos. Foram encontradas cinco mutações de ponto, quatro micro-duplicações e uma micro-inversão, 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. 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 forte estrutura populacional, com um  $F_{ST}$  de 0,84, e quase todas as populações apresentaram um único haplótipo. Os dados do gene nuclear demonstram uma estruturação menor que os de cloroplasto, com  $F_{ST}$  de 0,18, e bastante diversidade intrapopulacional, sendo que todas as populações cujo tamanho amostral foi de pelo menos 5 indivíduos apresentaram 5 ou mais haplótipos. 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 outras análises devem ser realizadas para detalhar melhor os processos revelados pelos dados.