

GEN-06

BIOGEOGRAFIA HISTÓRICA E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE DUAS ESPÉCIES DE SAVANA, *Curatella americana* (DILLENACEAE) E *Byrsonima crassifolia* (MALPIGHIACEAE).

Izabela de Lima Feitosa¹, Maristerra R. Lemes², Rogério Gribel Soares Neto³; Arnaldo Carneiro⁴; Tânia Sanaiotti⁴

¹Bolsista PIBIC INPA/CNPq, ²Orientador Pesquisador INPA/CPEC; Co-orientador Pesquisador INPA/CPBO³; Pesquisador INPA/CPEC

A Amazônia é coberta em sua maior parte por florestas tropicais densas possuindo em alguns pontos manchas de savanas. A origem das savanas amazônicas é atribuída às alternâncias climáticas do passado. Durante os eventos glaciais do Pleistoceno ocorreram na Amazônia períodos mais secos e frios do que os atuais. Durante estes episódios, as savanas do Brasil Central presumivelmente se expandiram, ocupando extensas áreas da bacia amazônica. Com o retorno do clima mais úmido e quente durante os períodos interglaciais, como no presente, as savanas se retraíram (Pires & Prance, 1985). Este trabalho objetivou determinar a variabilidade em locos microssatélites do genoma do cloroplasto de *Curatella americana* (lixadeira) e *Byrsonima crassifolia* (murici), que ocorrem em savanas na Amazônia e no Brasil Central, a fim de disponibilizar marcadores moleculares informativos para aplicação em estudos sobre a genética de populações e filogeografia dessas espécies. Objetivou-se também, contribuir para a compreensão das relações históricas entre as savanas da Amazônia e do Brasil Central. As análises genéticas foram realizadas a partir de amostras de folhas (9 a 16 indivíduos) pertencentes a três populações em áreas de savana na Amazônia (Pimenta Bueno – RO, Surumu - RR, Alter do Chão – PA), e duas no Brasil Central (Campo Grande – MS e Frutal – MG) para cada uma das espécies estudadas. A extração do DNA foi realizada para ambas as espécies utilizando-se o método CTAB (Doyle & Doyle, 1987). Foram otimizadas as condições de amplificação para seis locos microssatélites para *C. americana* e cinco locos microssatélites do genoma do cloroplasto de *B. crassifolia*, utilizando-se primers universais (Weising & Gardner, 1999). No total foram observados 45 haplótipos e 42 alelos para seis locos de *C. americana* e para cinco locos de *B. crassifolia* observou-se 30 haplótipos e 27 alelos nas populações analisadas. O número de alelos por locus para *C. americana* variou de 3 a 10, e para *B. crassifolia* variou de 3 a 8. Uma análise de variância molecular (AMOVA) mostrou que aproximadamente 53% da variabilidade genética foram detectados entre as populações tanto de *C. americana* quanto de *B. crassifolia*, sendo que o restante da variabilidade (47%) encontrava-se dentro das populações. Dos haplótipos encontrados para *C. americana* houve uma distribuição de

haplótipos exclusiva para cada uma das populações analisadas, sem compartilhamento de haplótipos entre elas (Figura 1. A). Para *B. crassifolia*, um haplótipo (3,33%) foi compartilhado entre as savanas da Amazônia e do Brasil Central (Figura 1. B). O padrão encontrado para distribuição dos haplótipos de *Curatella americana* sugere uma maior similaridade genética entre as populações de MG, MS, RO e PA, apesar das mesmas estarem claramente separadas na análise network. A disposição dos haplótipos na rede sugere que a população MG seja a população ancestral, a partir de onde irradiaram-se os grupos de haplótipos que formaram as demais populações. A população de RR é mais diferenciada de todas, o que é consistente com seu isolamento geográfico e com sua ocorrência em bacia hidrográfica da margem esquerda do rio Amazonas. O padrão encontrado até o momento para *Byrsonima crassifolia* é de difícil interpretação. Três grandes grupamentos são visualizados. No primeiro encontra-se a população de MG, que é bastante diversificada e claramente diferenciada das demais. No outro extremo encontram-se os haplótipos de MS e PA, além de um indivíduo de RO. As razões que levam a estes haplótipos de regiões tão distintas se agruparem no extremo da rede ainda não são claras. Entre estes dois grupamentos encontram-se os haplótipos de RO, que parecem ter fornecido o material genético a partir do qual se originaram os haplótipos do MS e PA. Análises posteriores serão necessárias, envolvendo um maior número de populações, para se ter uma melhor idéia do relacionamento histórico entre as savanas estudadas e das possíveis rotas de migração dos haplótipos encontrados para *B. crassifolia*.

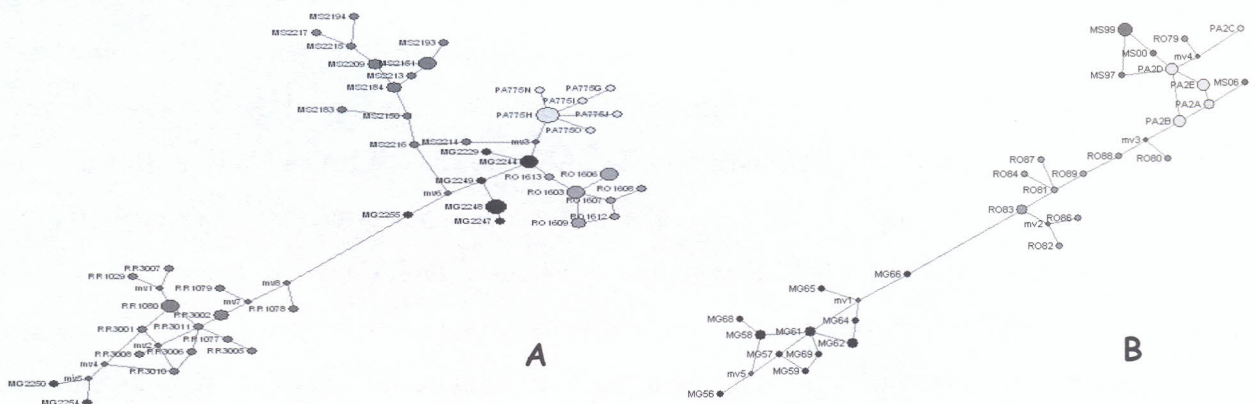


Figura 1. A – Haplótipos de *Curatella americana* com base na análise de seis locos microssatélites do genoma do cloroplasto para cinco populações e B - *Byrsonima crassifolia* para cinco locos microssatélites para quatro populações. O dendrograma foi gerado a partir da análise de rede (“network”) pelo método “Median-Joining” (Bandelt *et al.*, 1999) implementada pelo programa NETWORK (Forster *et al.*, 2000). Legenda: RO (verde), RR (rosa), PA (amarelo), MS (azul) e MG (preto).

Doyle, J.J., Doyle, J. L. 1987. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.

Pires, J. M., G.T. Prance. 1985. The vegetation types of the Brazilian Amazon. Pp109-145. In: Prance, G.T. e Lovejoy, T.E. (eds.) *Amazonia: Key Environments*. Pergamon Press, Oxford.

Weising, K., Gardner, R. C. 1999. A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Genome*, 42: 9 – 19.