



XVI Encontro de Geneticistas do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, de 27 à 29 de julho de 2008

## Filogeografia da Planície Costeira contada através do estudo diversidade genética de *Petunia integrifolia* subsp. *depauperata*

Ramos, AMC<sup>1</sup>; Lorenz-Lemke, AP<sup>1</sup>; Stehmann, JR<sup>2</sup>; Salzano, FM<sup>1</sup>; Bonatto, SL<sup>3</sup>; Freitas, LB<sup>1</sup>.

Dept<sup>o</sup> de Genética, Instituto de Biotecnologia, UFRGS<sup>1</sup>; Dept<sup>o</sup> de Botânica, Instituto de Ciências Biológicas, UFMG<sup>2</sup>, Centro de Biologia Genômica e Molecular, PUCRS<sup>3</sup>. Email para contato: [aline.ramos@ufrgs.br](mailto:aline.ramos@ufrgs.br)

O gênero *Petunia* Juss (Solanaceae) é endêmico da América do Sul e tem grande importância econômica devido ao seu uso ornamental. A espécie *P. integrifolia* apresenta uma das maiores distribuições do gênero, estando presente na Argentina, Brasil, Paraguai e Uruguai. Populações naturais localizadas em diferentes regiões apresentam grande variação nos caracteres florais, vegetativos e no habitat e, por isso, existem muitas divergências taxonômicas a respeito de sua classificação. Indivíduos encontrados ao longo da costa dos estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina têm sido identificados com diferentes nomenclaturas, porém análises genéticas realizadas anteriormente verificaram que a espécie *Petunia integrifolia* está dividida em dois *taxa* infra-específicos: *Petunia integrifolia* subsp. *integrifolia* e *Petunia integrifolia* subsp. *depauperata*, sendo esta característica de ambientes de alta salinidade. Populações de *P. integrifolia* subsp. *depauperata* constituem uma única linhagem evolutiva, provavelmente muito jovem, e estão distribuídas nos morros graníticos de Porto Alegre, parte do litoral catarinense e ao longo de toda a Planície Costeira do Rio Grande do Sul (PC). Esta região foi formada durante as alterações climáticas ocorridas nos períodos Pleistoceno e Holoceno, tendo seus limites modificados devido a oscilações marinhas. Estas alterações ocasionaram a formação de quatro sistemas deposicionais transgressivos-regressivos do tipo laguna-barreira e cada um deles têm sua idade geológica bem datada.

Os objetivos deste trabalho foram: 1) determinar, através de marcadores moleculares plastidiais, o grau de variabilidade genética e a dinâmica populacional desta linhagem ao longo de toda a distribuição; e 2) estabelecer relações evolutivas e filogeográficas associando-as à geologia da PC. Para tanto, o DNA de 190 indivíduos, distribuídos em 56 localidades, foi amplificado por PCR, utilizando *primers* específicos para os espaçadores intergênicos plastidiais *trnS-trnG* e *trnH-psbA*. Os produtos de PCR foram seqüenciados automaticamente e as seqüências alinhadas no programa *GeneDoc*. Os haplótipos foram inferidos com o programa *DnaSP* e suas relações filogenéticas determinadas pelo programa *Network*. Para avaliar a possibilidade de expansão populacional foram realizados testes de neutralidade utilizando o programa *Arlequin*. A fim de detectar grupos geograficamente homogêneos, que se diferenciam geneticamente uns dos outros, foram feitas análises no programa SAMOVA.

O alinhamento dos marcadores plastidiais concatenados apresentou 1109 pares de base (pb), com 13 sítios polimórficos. Foram encontrados 16 haplótipos e a *network* obtida não apresentou uma estruturação geográfica gradual no relacionamento entre eles, mas uma estruturação em três grupos geográficos distintos: Centro, Sul e Norte, que também foram recuperados pela análise com o programa SAMOVA (Figura 1). Baixos níveis de fluxo gênico foram evidenciados pela AMOVA, ao demonstrar que a maior parte da diversidade genética observada está presente entre as localidades ( $\Phi_{ST}$  : 0,81181). Este padrão está relacionado com o modo de herança do cloroplasto, que em *Petunia* é materno. Logo, o fluxo gênico observado por marcadores plastidiais se dá exclusivamente através das sementes, que não possuem dispersão a longas distâncias. Apesar deste comportamento ser esperado, a análise dos testes que relacionam distância genética com distância geográfica revelou que não existe um padrão de isolamento por distância nas localidades em que *P. integrifolia* subsp. *depauperata* foi amostrada.

Não foram encontradas evidências de expansão demográfica recente para os 190 indivíduos. Embora a análise da *mismatch distribution* tenha apresentado sinal de expansão demográfica (gráfico apresentou uma curva unimodal) os índices *D* de Tajima e *F<sub>s</sub>* de Fu não apresentaram valores estatisticamente significativos. Entretanto, quando os mesmos parâmetros foram calculados para os três grupos formados pelo programa

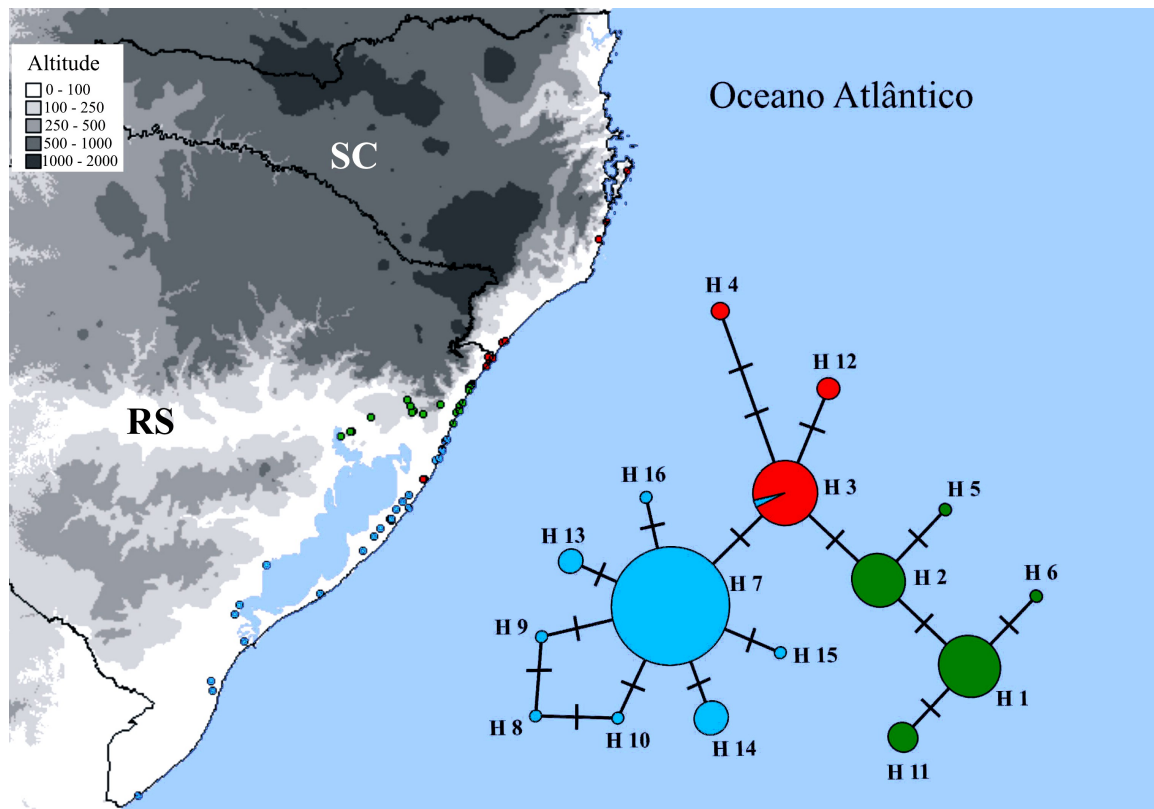


## XVI Encontro de Geneticistas do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, de 27 à 29 de julho de 2008

SAMOVA isoladamente, o grupo Sul parece ter passado por um período de expansão demográfica recente, já que os testes de neutralidade foram significativos. Este resultado é apoiado pelo padrão de relacionamento “*star-like*” encontrado na *network* para o grupo do Sul e também pela idade geológica da área em que se encontram a maioria dos indivíduos pertencentes ao grupo Sul: cerca de 5 ka A.P. A análise dos grupos Norte e Centro não apresentaram resultados significativos para nenhum dos índices de neutralidade calculados.

Estudos anteriores indicaram que um isolamento de populações de *P. integrifolia* em duas áreas geográficas distintas deu origem às linhagens *P. integrifolia* subsp. *depauperata* e *P. integrifolia* subsp. *integrifolia*. Um possível local de origem para este evento é a região entre Tapes e os morros graníticos de Porto Alegre, visto que esta região é um local de contato entre estas duas subespécies. Assim, a linhagem *P. integrifolia* subsp. *depauperata* teria sua origem nessa região, se expandindo para a PC. Oscilações marinhas subsequentes levaram estas populações que ocupavam a PC a ondas de extinção em algumas localidades, exceto na região dos Morros de Porto Alegre, que não foi atingida pelos eventos de transgressão-regressão, possivelmente servindo de refúgio para estas populações.

A ausência de estruturação gradual bem como de isolamento por distância poderiam ser explicados por eventos subsequentes de ocupação. Em um primeiro momento, teria havido uma grande expansão pela PC a partir da região de origem. Estas populações, já na PC, teriam sido afetadas pelas transgressões, com muitas populações extintas e algumas populações pequenas que voltaram a colonizar rapidamente toda a PC. Num segundo momento, uma nova onda migratória teria “substituído” as populações existentes na porção central da PC, a partir dos refúgios na região de origem da linhagem. O grupo geográfico do centro seria, portanto, representado por estas populações mais estáveis, o que concorda com as análises de dinâmica populacional, que não indicaram expansão recente para o centro. Já os grupos Norte e Sul teriam se originado a partir de populações que tiveram seu número reduzido devido às oscilações marinhas (com algumas populações extintas) e com subsequente expansão e recolonização destas regiões. A faixa da restinga litorânea estende-se como um corredor para o norte, isolada dos planaltos pela Serra Geral, e finda próximo à ilha de Santa Catarina, Florianópolis (Justus, 1990). Possivelmente, esta faixa da Planície Costeira foi colonizada seguindo um gradiente longitudinal do Rio Grande do Sul até Florianópolis. As regressões marinhas ocorridas durante o Quaternário fizeram emergir uma enorme área de plataforma continental e isso poderia ter permitido a migração desta linhagem para o estado de Santa Catarina. Todos estes resultados são coerentes com a evolução paleogeográfica da PC, sendo as áreas disponíveis para colonização extremamente recentes.



**Figura 1:** *Median-joining network* construído a partir das seqüências concatenadas dos espaçadores plastidiais *trnH-psbA* e *trnS-trnG*. O tamanho dos círculos corresponde à freqüência dos haplótipos. Os sítios polimórficos que separam as seqüências estão representados pelas linhas transversais. As cores dos haplótipos na *network* correspondem aos grupos geográficos inferidos pelo programa SAMOVA 1.0. Localidades agrupadas em azul correspondem ao grupo Sul, em verde corresponde ao grupo Centro e em vermelho ao grupo Norte.