

Aspectos filogeográficos do Buriti (*Mauritia flexuosa* Lf, Arecaceae): uma palmeira de alto valor econômico para as populações locais do Brasil Central

Natácia Evangelista de LIMA¹; Rosane Garcia COLLEVATTI¹; Carla Faleiro TINOCO¹; Suelen Gonçalves RABELO¹

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, CP 131. Goiânia, Goiás. Brasil. 4001-970.

rosanegc68@hotmail.com

Palavras-chave: Buriti, Vereda, Cerrado

Introdução

As veredas são comunidades vegetais que ocorrem em áreas de nascentes na região do Brasil Central, no Bioma Cerrado. São caracterizadas principalmente, pela presença da palmeira *Mauritia flexuosa* (buriti) que ocorre, em geral, na parte mais alagada da vereda (Ramos et al., 2006). Inúmeros produtos úteis do buritizeiro são aproveitados pelas populações locais do Brasil Central, tanto para sua alimentação como sustento em atividades de importância econômica. Dentro desses, destacam-se o uso das folhas para confecção de utensílios, artesanatos, os frutos para produção de doces, licor, óleo, biodiesel e o uso da madeira para fabricação de móveis (Felfili et al., 2004; Martins et al., 2010). A principal ameaça ao buriti é a destruição do seu *habitat*, que vem sendo degradado pela exploração de argila, a atividade agropecuária, o avanço da urbanização, a construção de estradas, os canais de drenagem e a exploração não sustentável da flora local (Araújo et al., 2002; Ramos et al., 2006).

O avanço desordenado da ação humana vem causando impactos até então inimagináveis em populações naturais. A recuperação destas áreas degradadas é um processo lento, e esta biodiversidade uma vez perdida não pode ser recuperada em sua total integridade. Ao destruir populações naturais de buriti gera-se um efeito cascata, pois sua destruição afeta diretamente três aspectos principais: as populações humanas que dependem da extração da sua matéria prima como fonte de renda, as veredas em conjunto com o sistema hídrico a elas associado e para a fauna que utiliza a palmeira para se alimentar dos frutos e nidificar.

A distribuição do buriti é restrita a regiões alagáveis rodeadas por grandes áreas de terras secas, que podem atuar como barreiras ao fluxo gênico. Assim sendo, hipotetizamos que as populações de buriti estão altamente diferenciadas e que as

bacias hidrográficas comportam-se como quebras filogeográficas. O presente trabalho tem por objetivo estudar a estrutura genética e a filogeografia de *M. flexuosa* em populações distribuídas no Brasil Central e relacionar os resultados obtidos com os eventos históricos e demográficos, associando as flutuações climáticas que influenciaram a distribuição atual da espécie nas veredas. Estes aspectos geram o conhecimento sobre as possíveis respostas da espécie no bioma Cerrado perante as pressões ambientais que sofre atualmente.

Material e métodos

Os resultados são baseados no seqüenciamento das seguintes regiões intergênicas cloroplastidiais: *trnH-psbA* (Sang et al., 1997), *ycf6-trnC* (Demesure et al., 1995), e *trnS-trnG* (Shaw et al., 2005). Foram amostrados 208 indivíduos de 13 localidades distribuídos pelo Brasil Central: Morzalândia (GO), Cidade de Goiás (GO), Acreúna (GO), São Miguel do Araguaia (GO), Parque Nacional Águas Emendadas (DF), Ribeirão Cascalheiras (MT), Nova Xavantina (MT), Diamantino (MT), Parque Nacional Cavernas do Peruaçu (MG), Porto Franco (MA), Paraíso do Tocantins/Várzea Alegre (TO), Campo Grande (MS), Cerejeiras (RO). Estas regiões englobam as principais bacias hidrográficas: Amazonas, Araguaia/Tocantins, São Francisco e Paraná. Como o trabalho está em andamento o número de populações e indivíduos seqüenciados por região ainda é variável.

Para os estudos filogeográficos foi extraído DNA a partir das folhas dos indivíduos coletados, utilizando-se o protocolo de extração CTAB 2% (Doyle & Doyle, 1987). O DNA foi quantificado com o auxílio do marcador lambda com diferentes pesos moleculares (50 ng, 100 ng, 200ng e 500ng), em gel de agarose 1% e tampão para eletroforese TBE (Tris Borato EDTA) na concentração de 1X. Em seguida, o DNA foi diluído para uma concentração de, aproximadamente, 5 ng/ μ l ideal para a montagem das reações de PCR.

Para a reação em cadeia da polimerase (PCR) foram otimizadas as temperaturas de anelamento e os ajustes de concentração dos reagentes para a amplificação de cada região. Os produtos de PCR foram quantificados em gel de agarose 1% e tampão para eletroforese TBE (Tris Borato EDTA) na concentração de 1X. Posteriormente foram seqüenciados em seqüenciador automático de DNA ABI Prism 3100 (Applied Biosystems, CA) utilizando o kit de seqüenciamento DYEnamic™ ET terminator (GE, Sweden), de acordo com as instruções do fabricante. Os fragmentos foram

sequenciados em ambas as direções, “*forward*” e “*reverse*” para montagem da fita consenso. As sequências foram analisadas e as fitas consenso montadas, editadas e alinhadas utilizando o *software* SeqScape 2.1 (Applied Biosystems, CA).

A análise filogeográfica dos dados de sequenciamento foi realizada utilizando “*median-joining network*” (Bandelt et al., 1999) implementada no programa Network (Forster et al., 2000). Nesta análise, redes do tipo “*minimum spanning*” são construídas baseadas na união de árvores com o menor número de mudanças entre nós ou haplótipos e que contenham todas as sequências de entrada, sem criar círculos ou inferir nós ancestrais adicionais (Bandelt et al., 1999). Para esta análise, os caracteres (cada base) tiveram pesos iguais.

Resultados e Discussão

O sequenciamento da região *trnH-psbA* gerou um fragmentos de 300 pares de base (pb), a região *ycf6-trnC* 132pb e a região *trnS-trnG* 352bp. Foram encontrados cinco diferentes haplótipos para a região *trnH-psbA*, quatro haplótipos para *ycf6-trnC* e cinco haplótipos para *trnS-trnG* (figura 01). A diversidade nucleotídica (π) e haplotípica (h) foram baixas para todas as regiões analisadas (para *trnH-psbA* $\pi = 0,01012 \pm 0,0059$, $h = 0,471$; para *ycf6-trnC* $\pi = 0,0028 \pm 0,0032$, $h = 0,253$; para *trnS-trnG* $\pi = 0,002713 \pm 0,0023$; $h = 0,374$).

Foi realizada uma análise de variância molecular (AMOVA, Excoffier et al., 1992) utilizando o programa Arlequin ver. 2000 (Schneider et al., 2000), e encontrou-se diferenciação significativa entre as populações ($P < 0.001$). Não há sinal de retração recente no tamanho das populações seguido por expansão (D de Tajima da região *Trns-trnG* = -1,05482, D de Tajima da região *ycf6-trnC* = -1,05482 e D de Tajima da região *Psba-trnH* = -1,17901 D de Tajima da região; Distribuição *Mismatch* por Roger-Harppeding). Embora alguns agrupamentos distintos por localidade tenham sido identificados na análise filogenética (programa Network), a relação filogenética entre os haplótipos não suporta nossa hipótese que as principais bacias formam quebras filogeográficas importantes para a distribuição das linhagens maternas (figura 01).

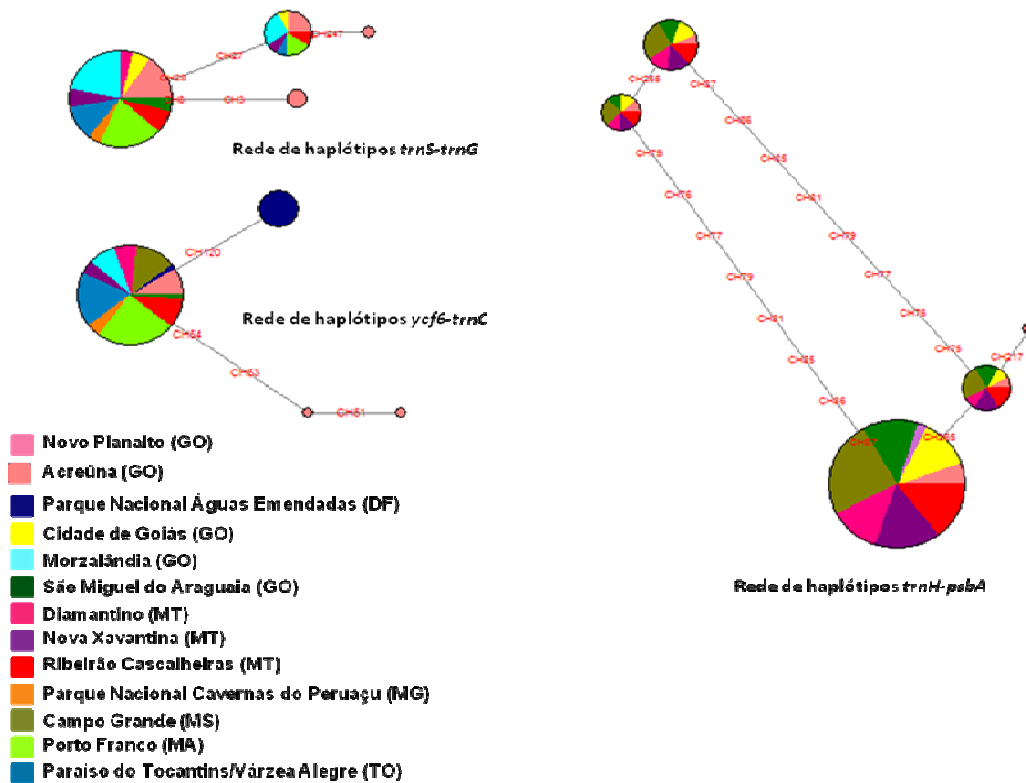


Figura 01- Rede de haplótipos para as regiões cloroplastidiais estudadas.

O registro fóssil mostra que fortes efeitos das flutuações climáticas do Terciário e Quaternário na distribuição de *M. flexuosa*, com redução nos registros de pólen das espécies nos períodos frios e secos do Glacial. Entretanto outras análises incluindo um número maior de indivíduos por localidade e de localidades por bacias serão necessárias para melhor elucidar os efeitos das mudanças paleoclimáticas na história demográfica desta espécie. Esta pesquisa irá gerar mais detalhes a respeito da dinâmica populacional e estrutura genética das populações remanescentes de buriti, auxiliando no planejamento de estratégias de conservação e manejo sustentável da espécie.

Conclusão

Os resultados obtidos até o momento não suportam a hipótese de que as principais bacias hidrográficas formam quebras filogeográficas para a distribuição das linhagens de buriti. Apesar da alta diversidade genética indicada neste trabalho, as populações de *M. flexuosa* são restritas devido à distribuição do habitat favorável, o que representa um risco a persistência em longo prazo das populações.

Referências bibliográficas

- ARAÚJO, M. G.; BARBOSA, A. A. A.; ARANTES, A. A.; AMARAL, A. F. Composição florística de veredas no Município de Uberlândia, MG. **Revista Brasileira de Botânica** v.25, n.4, p.475-493, 2002.
- BANDELT, H. J.; FORSTER, P.; RÖHL, A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. **Molecular Biology Evolution**, v.16, p. 37-48, 1999.
- DEMASURE, B.; SODZI N.; R. J. PETIT. A set of universal primers for amplification of polymorphic non-coding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants. **Molecular Ecology** v.4 p.129-131, 1995.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1987.
- FELFILI, J. M.; RIBEIRO, J. F.; FILHO, H. C. B.; VALE, A. T. Potencial econômico da biodiversidade do Cerrado : estágio atual e possibilidades de manejo sustentável dos recursos da Flora. in **Cerrado Ecologia e Caracterização**-Embrapa Informação Tecnológica. DF, p 177-220, 2004.
- FORSTER, P.; BANDELT, H. J.; RÖHL, A. Network 3.1.1.0. Software free available at **www.fluxus-engineering.com**. Fluxus Technology Ltda, 2000.
- MARTINS, R.C.; SANTELLI,P.; FILGUEIRAS, T.D.S. Buriti. In **Frutas nativas da região Centro-Oeste do Brasil** - Embrapa Informação Tecnológica DF, p 109-126, 2010.
- RAMOS, M. V. V.; CURI, N.; MOTTA, P. E. F.; VITORINO, A. C. T.; FERREIRA, M. M.; SILVA, M. L. N. Veredas do Triângulo Mineiro: Solos, Água e Uso. **Ciênc. agrotec.**, v. 30, n. 2, p. 283-293, 2006.
- SANG, T.; CRAWFORD, D.; STUESSY, T.F. Chloroplast DNA phylogeny,reticulate evolution, and biogeography of Paeonia (Paeoniaceae).**American Journal of Botany**, v.84, p.1120–1136,1997.
- SHAW, J.; LICKEY, E.B.; BECK, J.T.; FARMER,S.B.; WUSHENG, L.; MILLER, J.; SIRIPUN, K.C.; WINDER, C.T.; SCHILLING, E.E.; SMALL,R.L.The tortoise and the hare II: relative utility of 21 noncoding chloroplast DNA sequences for phylogenetic analysis. **American Journal of Botany** v. 92, n.1, p. 142-166, 2005.

Apoio financeiro: FAPEG / CNPq (Pronex), CNPq.