

Modalidade do trabalho: Relatório técnico-científico
Evento: XXI Jornada de Pesquisa

ANÁLISE DOS DADOS FILOGENÉTICOS DO GÊNERO ATELEIA¹

José Alexandre Da Silva², Gabriel Woitchumas Kryszczun³, Juliana Maria Fachinetto⁴.

¹ Texto entregue como avaliação parcial do componente curricular de Evolução, segundo semestre-2016.

² Acadêmico do Curso de Ciências Biológicas - Unijuí- RS

³ Acadêmico do Curso de Ciências Biológicas - Unijuí - RS

⁴ Professora do Departamento de Ciências da Vida - Unijuí- RS, Orientadora, juliana.fachinetto@unijui.edu.br

Resumo: Pensar em evolução das espécies, bem como os métodos para que possa conhecer uma relação filogenética, permite-nos pesquisas e análises diante do assunto. Nesse contexto, esse artigo tem por objetivo apresentar a relação filogenética entre espécies de Ateleia. Dados de sequências de DNA foram coletados no Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia (NCBI - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) para a construção da árvore filogenética através do software Mega 7. Quatro das cinco espécies de Ateleia formaram um agrupamento fortemente suportado. O agrupamento observado pode ser explicado, em parte, pela distribuição geográfica das espécies. Apenas uma espécie não agrupou com as demais do gênero, Ateleia popenoei, cuja ocorrência é das Ilhas Bahamas.

Introdução

De acordo com Raven (2001), é através de estudos evolutivos que serão disponibilizadas respostas relacionadas para algumas perguntas, como, por exemplo, por que os organismos vivem onde eles vivem ou mesmo como se originam novos tipos de organismos. Destacando, entre outros, a seleção natural, que pode favorecer e apresentar-se como um fator crítico na preservação e aumento da variabilidade genética em uma população.

Em suma, o fato que confirma a evolução como fonte de biodiversidade se dá através de estudos com fósseis, observação de caracteres compartilhados por grupo de organismos, mas também através da observação da variação dos organismos em um contexto geográfico e ambiental. Atualmente, estudos evolutivos têm focado nas análises de sequências de DNA, onde os processos genéticos e bioquímicos comuns entre os organismos mais similares sustenta fortemente uma única origem comum (JUDD, 2009).

A Família Fabaceae, é conhecida como a família das leguminosas, representadas por ervas, arbustos, árvores ou lianas. Algumas com alto metabolismo de nitrogênio e aminoácidos incomuns, fato que ocorre devido à presença dos Rhizobium (bactérias fixadoras de nitrogênios), onde o mesmo com apoio dos nódulos radiculares, consegue fixar o nitrogênio atmosférico. É uma família praticamente cosmopolita, sendo a terceira maior família de angiospermas, ocorrendo em uma ampla diversidade de habitats, abrangendo um total de 630 gêneros e distribuídos em 18.000 espécies (JUDD, 2009). No Brasil ocorrem cerca de 200 gêneros e 1500 espécies de Fabaceae (SOUZA, 2005).

Dentre os gêneros dessa família, destaca-se Ateleia, com 38 espécies (CARVALHO, 2002). É um gênero neotropical, distribuídos desde o México e Índias Ocidentais até o Sul do Brasil e o extremo nordeste da Argentina (CARVALHO, 2002). No estado do Rio Grande do Sul, tem-se como espécie nativa a Ateleia glazioviana, conhecida como Timbó, ocorrendo nas florestas do Alto Uruguai,

Modalidade do trabalho: Relatório técnico-científico

Evento: XXI Jornada de Pesquisa

florestas secundárias, orlas de Capão do Planalto Médio, chegando até a depressão central. Mas com predominância desde o México até o sul do Brasil e Misiones, Argentina (SOBRAL, 2006). Diante do exposto, este trabalho tem por objetivo analisar a relação filogenética de espécies do gênero *Ateleia*.

Metodologia

Foram escolhidas cinco espécies de *Ateleia* para a construção da árvore filogenética. As espécies selecionadas para esta análise foram: *Ateleia arsenii*, *Ateleia glazioviana*, *Ateleia herbert-smithii*, *Ateleia popenoei* e *Ateleia pterocarpa*. *Acacia podalyriifolia* foi utilizada como grupo externo. Foi escolhido como marcador genético o gene plastidial *maturase K (matK)*.

As sequências de DNA das espécies estudadas foram obtidas do Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia - NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Para análise dos dados, foi utilizado o software Mega 7. Foi realizado o alinhamento das sequências de DNA no MUSCLE, e corrigidas manualmente. Após, foi feita uma análise de Máxima Parcimônia, sendo gerada a árvore filogenética. Foi verificado o enraizamento do grupo externo e calculado o suporte dos ramos pelo método de Bootstrap em 1.000 repetições. Com a árvore já gerada foi escolhido o valor de corte de 50% para a confiabilidade dos ramos

Resultados e discussões

A partir das análises feitas com as espécies selecionadas obtivemos um total de 1524 pares de bases, destes 576 sítios foram variáveis, 948 sítios conservados e 9 sítios parcimoniosamente informativos. Os índices obtidos com a análise filogenética são mostrados na Tabela 1, indicando uma alta consistência dos dados analisados.

TABELA I: Índices da análise filogenética.

INDICE	VALOR
Consistência	0,9964
Retenção	0,750
Consistência rescalonada	0,747

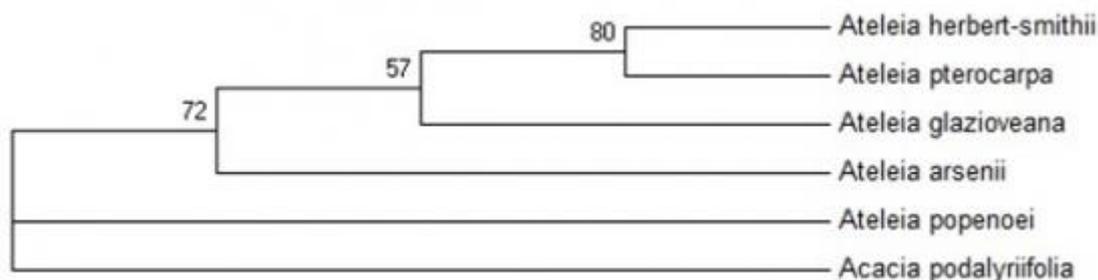
Elaboração: os autores

A árvore filogenética gerou um total de 561 passos e apresentou altos valores de suporte (acima de 50%) indicando boa confiabilidade dos dados (Figura 1). Com exceção de *Ateleia popenoei*, as demais espécies de *Ateleia* formaram um agrupamento fortemente suportado (Bootstrap = 72). As maiores semelhanças genética foram observadas entre as espécies *Ateleia herbert-smithii*, e a *Ateleia pterocarpa* (Bootstrap = 80), indicando uma maior proximidade entre estas espécies que entre as demais estudadas. *Ateleia glazioveana* forma um agrupamento com estas duas espécies citadas anteriormente com suporte considerável (Bootstrap = 57).

FIGURA 1: árvore filogenética.

Modalidade do trabalho: Relatório técnico-científico

Evento: XXI Jornada de Pesquisa



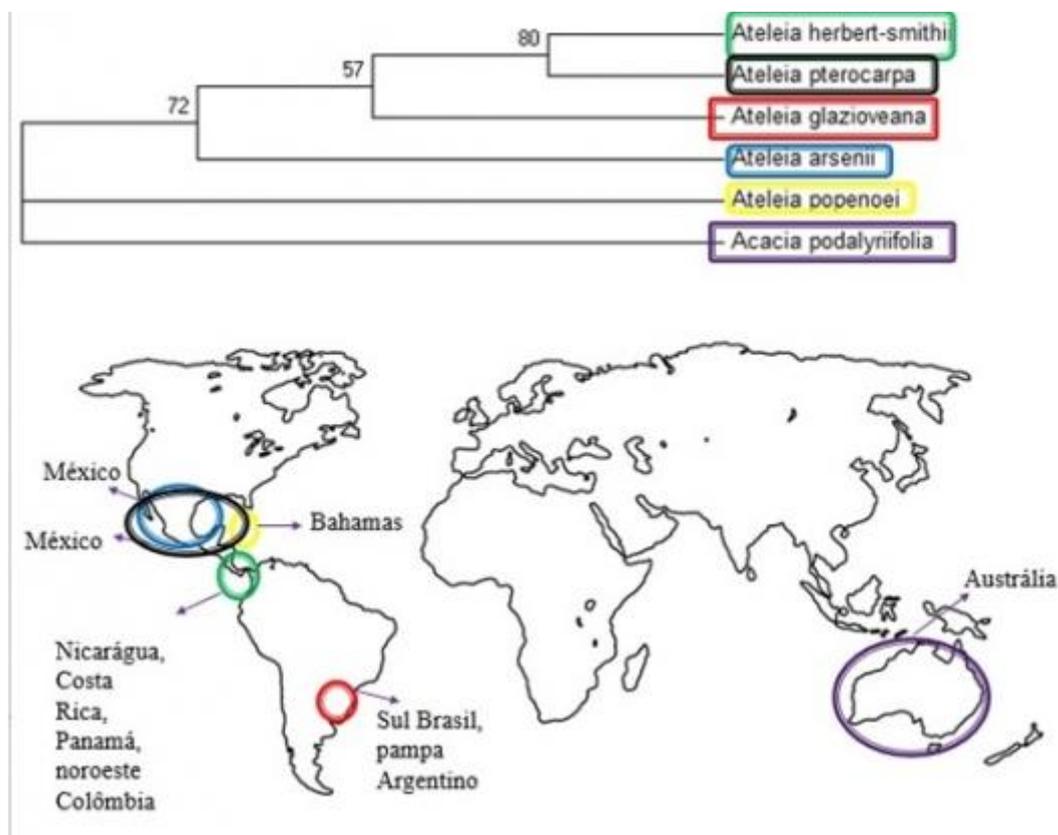
Elaboração: os autores

A distribuição geográfica das espécies analisadas é um ponto crucial e importante, quando comparada aos resultados da árvore filogenética, criando mais subsídios sobre os agrupamentos. A Figura 2 apresenta a distribuição das espécies de *Ateleia* utilizadas neste estudo.

Pode-se ressaltar que as espécies que apresentaram valores de suporte dos ramos de 80% apresentam-se proximamente distribuídas. Assim, analisando-se a espécie *Ateleia herbert-smithii* que predomina a região da América Central, e a *Ateleia pterocarpa* que predomina no México, pode-se perceber que as duas espécies estão geograficamente próximas. Esse fato, pode influenciar sobre as semelhanças genéticas. No entanto, estas duas espécies apresentam menores relações filogenéticas quando comparadas com *Ateleia glazioveana* que tem predominância no Sul do Brasil e Pampa Argentino. *Ateleia pterocarpa*, tem predominância na América Central e forma um agrupamento fortemente suportado com as três espécies citadas. A única espécie de *Ateleia* que não agrupou foi *Ateleia popenoei*, distribuída nas Ilhas Bahamas. As espécies que ocorrem em ilhas geralmente são mais distantes das espécies de continentes devido à redução de fluxo gênico e especiação por efeito fundador.

FIGURA 2: Distribuição geográfica das espécies de *Ateleia*.

Modalidade do trabalho: Relatório técnico-científico
Evento: XXI Jornada de Pesquisa



Elaboração: os autores

Considerações finais

O gênero botânico *Ateleia* pertence à família Fabaceae e compreende um total de 38 espécies (CARVALHO, 2002) com ampla distribuição geográfica. No entanto para análise desse trabalho utilizou-se cinco espécies desse gênero, com distribuição predominante na América Central e México, fator que pode ter influenciado a configuração da árvore filogenética obtida. *A. herbert-smithii* e *Ateleia pterocarpa* tem uma maior proximidade evolutiva e coincidentemente geográfica.

A árvore filogenética obtida neste estudo apresentou altos valores de suporte dos ramos formados, demonstrando um resultado satisfatório.

No entanto, é importante a utilização de um maior número espécies para se obter uma análise mais representativa do gênero em novas pesquisas. Analisando um maior número de espécies, mais precisa será a comparação das semelhanças genéticas entre elas e bem como a compreensão sobre a influência da distribuição geográfica na evolução desse gênero.

Palavras-chave: Evolução. Relação Filogenética. Espécies.

Referências

CARVALHO, P. E. Espécies arbóreas brasileiras. Brasília: Embrapa, 2002.

CARVALHO, Paulo E. R. Timbó. CIRCULAR TÉCNICA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Colombo – PR. Embrapa Floresta. 1º edição. p. 1-7. Nov.2002

Modalidade do trabalho: Relatório técnico-científico

Evento: XXI Jornada de Pesquisa

JUDD, Walter S. et al. Sistemática Vegetal. Um Enfoque Filogenético. 3ª edição. Porto Alegre-RS. Editora ARTMED S.A. 2009. 612p.

RAVER, Peter H.; EVERT, Ray F.; EICHHORN, Susan E. Biologia Vegetal. 6ª Ed. Rio de Janeiro – RJ. Editora Guanabara Koogan S.A. 2001. 906 p.

SILVA, M. O. C. C. B. Estaquia caulinar de *Ateleia glazioveana* Baillon, Leguminosae – Papilionoideae. Universidade Federal do Paraná. Curitiba, 2007.

SOBRAL, Marcos. et al. Flora Arbórea e Arborescente do Rio Grande do Sul, Brasil. São Carlos – SP. Editora RIMA: NOVA AMBIENTE. 2006. 350p.

SOUZA, Vinícios C. LORENZI, Harri. Botânica Sistemática. Guia Ilustrado para identificação das famílias de Angiospermas da Flora Brasileira, Baseado em APG II. Nova Odessa – SP. Instituto Plantarum de Estudos da Flora Ltda. 2005. 640 p.