

VARIAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *Ilex paraguariensis* St. Hil.

Simone Neumann Wendt

Doutoranda em Processos Biotecnológicos - UFPR

(snwendt@hotmail.com)

Valderês Aparecida de Sousa

Embrapa Florestas - CNPF

Marguerite Quoirin

Departamento de Botânica - UFPR

José Alfredo Sturion

Embrapa Florestas - CNPF

Elisa Caroline da Silva Santos

Graduanda em Biologia - Faculdades Integradas Espírita

Resumo

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) é uma espécie de grande importância socio-econômica para a região Sul do Brasil. Todavia, conhecimentos básicos sobre a biologia e a variabilidade genética das populações naturais são escassos. Esses parâmetros são indispensáveis no delineamento dos programas de melhoramento e de conservação dos recursos genéticos. Marcadores bioquímicos (isoenzimas) têm sido amplamente empregados em estudos de genética de populações, especialmente por serem de baixo custo e apresentarem expressão codominante (distingue homozigotos de heterozigotos). O presente trabalho visa caracterizar geneticamente populações naturais de *I. paraguariensis*, utilizando marcadores isoenzimáticos. Para isso analisaram-se três populações naturais, sendo duas do Paraná (Quatro Barras e Jaguariaíva) e uma do Rio Grande do Sul (Barão de Cotegipe). O método de eletroforese foi adaptado para erva-mate e os sistemas enzimáticos utilizados foram: GOT, PGI, NDH, 6-PGDH e G-6PDH. Observou-se que 65% dos locos foram polimórficos, com média de 2,00 alelos por locus e 2,52 alelos por locus polimórficos. A heterozigosidade média esperada foi de 0,36 e a observada de 0,21, mostrando um leve excesso de homozigotos. As populações de Quatro Barras e Jaguariaíva apresentaram maior similaridade genética, enquanto que Barão de Cotegipe foi a mais divergente.

Palavras-chave: Erva-mate, estrutura de populações, diversidade genética, isoenzimas

Apoio financeiro: Bolsista do CNPq – Brasil
Embrapa Florestas

Abstract

Ilex paraguariensis is a tree that plays an important economic and social role in southern Brazil. Nevertheless, basic knowledge on biology and genetic variability of natural populations are limited. These parameters can be useful to guide breeding and genetic conservation programs. Biochemical markers (isozymes) have been widely applied in population genetics studies, especially due their low

costs and co-dominant expression, allowing to recognize heterozygotes and homozygotes genotypes. The present work aims to study genetic of *Ilex paraguariensis* in natural populations throughout isozymes markers. Three natural populations, two of Paraná State (Quatro Barras and Jaguariaíva) and one of Rio Grande do Sul State (Barão de Cotegipe) were examined. The electrophoresis method was adapted for *I. paraguariensis*. Five isozyme systems were used for such study: GOT, PGI, NDH, 6-PGDH e G-6PDH. Seventy five percent of locus were polymorphic, the average alleles per locus was 2.00 and the average of alleles per polymorphic locus 2.52. The mean expected heterozygosity was 0.36 and observed 0.21 respectively, showing a light homozygote excess. Considering the genetic distance between populations, Quatro Barras and Jaguariaíva showed no divergence, while Barão de Cotegipe population was divergent from two others.

Key-words: Matté, population structure, genetic diversity, isozymes, genetic distance

VARIAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *Ilex paraguariensis* St. Hil.

Simone N. Wendt ^{1,2}; Valderês A. Sousa ²; Marguerite Quoirin ¹; José A. Sturion ²; Elisa C. S. Santos ²

¹Processos Biotecnológicos - UFPR, ²Embrapa Florestas

snwendt@hotmail.com; valderes@cnpf.embrapa.br

INTRODUÇÃO

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) é nativa da América do Sul, sendo encontrada no Brasil, Paraguai, Argentina e Uruguai. No Brasil, apresenta uma ampla região de ocorrência natural, ocupando 5% do território nacional. Trata-se de uma espécie arbórea de grande importância sócio-econômica para a região Sul do Brasil. Sua principal utilização é na produção de bebidas, mas apresenta grande potencial para outras aplicações industriais.

A despeito de sua importância, existem poucas informações sobre a biologia e a variabilidade genética das populações naturais. O conhecimento sobre a quantidade e distribuição da variabilidade poderá auxiliar no delineamento dos programas de melhoramento e conservação de recursos genéticos da espécie.

Dentre os métodos utilizados para a detecção da variabilidade os marcadores bioquímicos (isoenzimas) são amplamente empregados, pois apresentam custo relativamente baixo e a expressão co-dominante, permitindo diferenciar genótipos homozigotos de heterozigotos.

OBJETIVO

Caracterizar geneticamente três populações naturais de *I. paraguariensis*, utilizando marcadores bioquímicos.

MATERIAL E MÉTODOS

Amostras de folhas jovens de 50 indivíduos (25 machos e 25 fêmeas) foram coletadas em três populações naturais de erva-mate, sendo duas do Paraná (Quatro Barras e Jaguariaíva) e uma do Rio Grande do Sul (Barão de Cotegipe) (Figura 1).

Utilizou-se para as análises os seguintes sistemas enzimáticos: Fosfoglucoase isomerase (PGI), Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT), Glucose-6-fosfato desidrogenase (G-6PDH), NADH desidrogenase (NDH), 6-fosfogluconato desidrogenase (6-PGDH).

Os dados obtidos foram analisados através dos programas BYOSIS (Swofford e Selander, 1997) e GSED (Gillet, 1998). As árvores de distância genética (Nei, 1972 e Gregorius, 1974) foram construídas através do NTSYS (Rohlf, 1992).



Figura 1. Populações naturais de *I. paraguariensis*. a) Quatro Barras, b) Barão de Cotegipe.

RESULTADOS

As populações foram polimórficas para 65% dos locos encontrados, com média de 2,00 alelos por loco e 2,54 alelos por loco polimórfico.

A heterozigosidade média esperada (H_e) foi de 0,36 e a observada (H_o) de 0,21, mostrando um excesso de homozigotos. Barão de Cotegipe apresentou maior diversidade alélica (v) e gamética (v_{gam}) que as demais populações, 1,608 e 39,354, respectivamente (Tabela 1).

As distâncias genéticas de Nei (1972) (Figura 3) e Gregorius (1974) foram semelhantes. As populações de Quatro Barras e Jaguariaíva apresentaram maior similaridade genética, enquanto que Barão de Cotegipe foi a mais divergente.

Tabela 1. Medidas de variabilidade genética nas populações naturais de *I. paraguariensis*.

População	Tamanho amostra (N)	Multiplicidade genética		Diversidade alélica (v)	Diversidade gamética (v_{gam})	Heterozigosidade	
		(A/L)	(P)			(H_o)	(H_e)
Quatro Barras	50	2,000	0,650	1,515	27,893	0,213	0,344
Barão de Cotegipe	50	2,000	0,650	1,608	39,354	0,218	0,382
Jaguariaíva	50	2,000	0,650	1,529	27,936	0,199	0,350

A/L = Número de alelos por loco
P = Percentagem de locos polimórficos

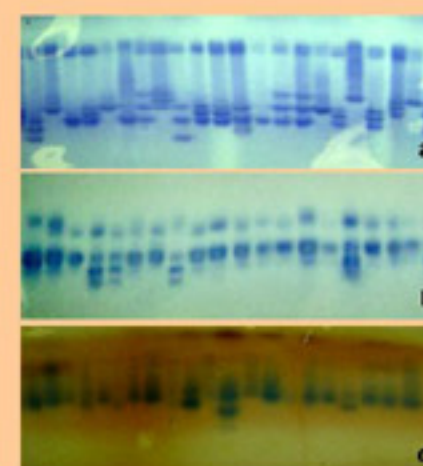


Figura 2. Sistemas enzimáticos. a) PGI, b) 6-PGDH, c) GOT.

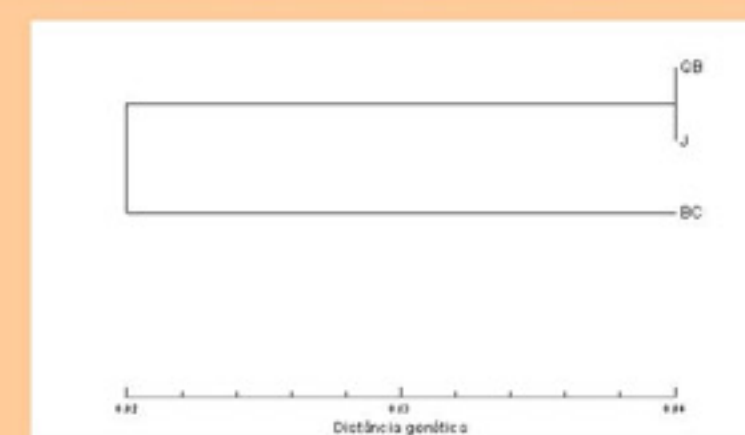


Figura 3. Dendrograma baseado nas distâncias genéticas de Nei (1972), para as populações de Quatro Barras (QB), Barão de Cotegipe (BC) e Jaguariaíva (J).

CONCLUSÕES

O presente trabalho evidencia diferenças na variação genética de populações naturais, em função de sua distribuição geográfica. A mais distante geograficamente (Barão de Cotegipe-RS) apresenta maior divergência, refletindo o histórico dessas populações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GILLET, E. M. 1998. GSED: Genetic Structures from Eletrophoresis Data, Version 1.1. User's Manual. Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Universität Göttingen. Germany. <http://www.uni-forst.gwdg.de/forst/fq/index.htm>
- GREGORIUS, H. R. 1974. Genetischer Abstand zwischen Populationen. I. Zur Konzeption der genetischen Abstandmessung. *Silvae Genetica*. 23:22-27.
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*. 106:283-292.
- ROHLF, F. J. 1992. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exeter Software, New York.
- SWOFFORD, D. L., SELENDER, R. B. 1997. BIOSYS-2: A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Genetics. User's Manual. Departament of Genetics and Development, Univ. of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, Illinois. USA.