

Felipe Roberto Francisco e Vera Nisaka Solferini
Departamento de Genética, Evolução e Bioagentes
Inst. Biologia- Unicamp

Palavras chave: Genética de populações - Araneae - Nephilengys

Resumo

Os indivíduos de uma espécie são normalmente organizados em populações, que seguem a distribuição descontínua de seu habitat. Essa fragmentação populacional tem consequências genéticas que dependem do fluxo gênico que se estabelece entre os demes. O isolamento demográfico causado pela fragmentação influi nas taxas de migração e colonização, resultando na estruturação genética das populações locais. As aranhas (Araneae) são artrópodes que apresentam dispersão limitada se comparada a insetos voadores e desta forma suas populações podem ser influenciadas de maneira acentuada pela fragmentação. Neste estudo será analisada a estrutura genética da espécie de aranha, *Nephilengys cruentata*, em populações que ocorrem em fragmentos de habitats no estado de São Paulo. Foram feitos estudos da estrutura genética de populações para sua caracterização e para que o fluxo gênico entre elas possam ser estimados. O estudo da estrutura genética de populações pode representar uma ferramenta importante para entender como se comportam populações isoladas em um mosaico de habitats.

Material e Métodos

1- Coletas

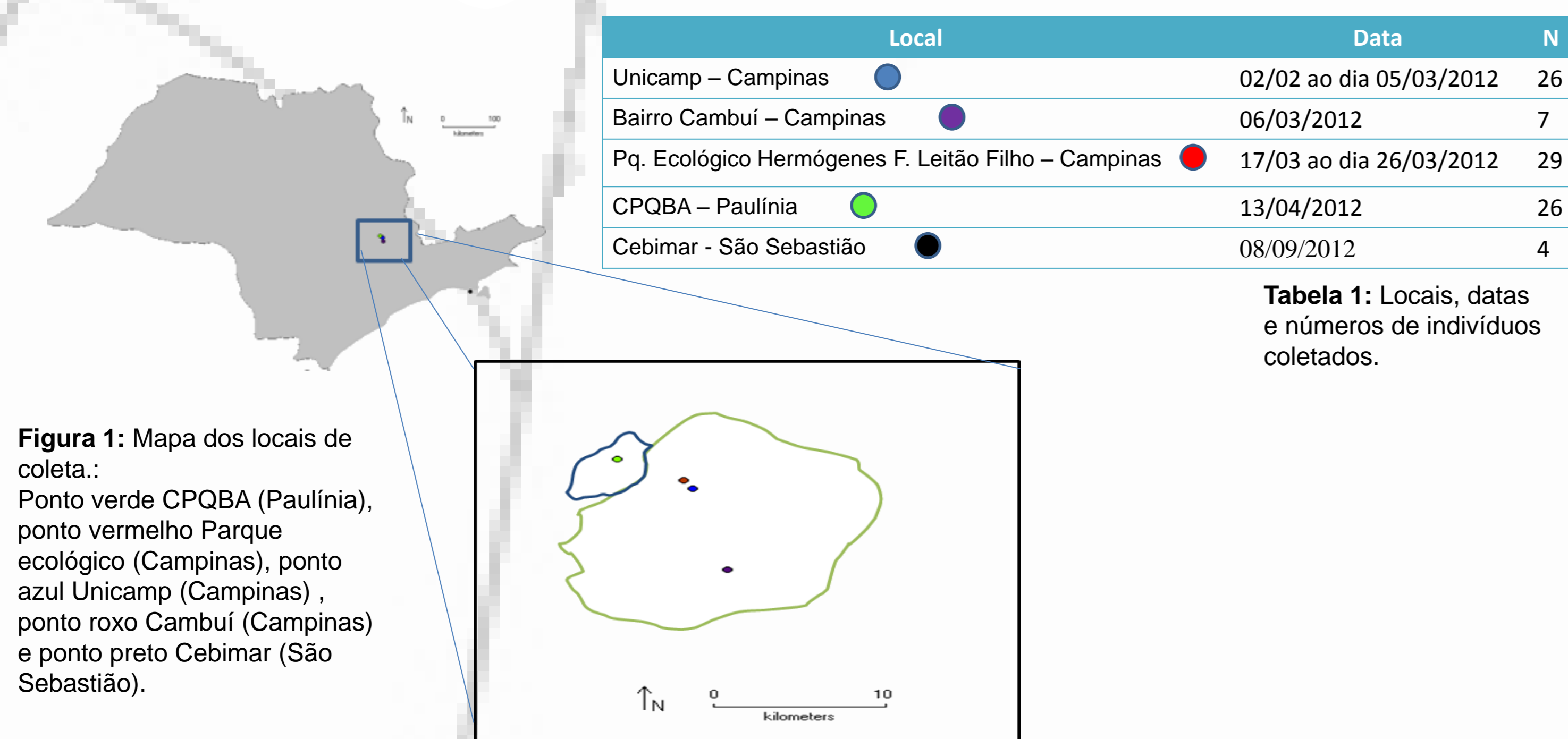


Figura 1: Mapa dos locais de coleta.: Ponto verde CPQBA (Paulínia), ponto vermelho Parque ecológico (Campinas), ponto azul Unicamp (Campinas), ponto roxo Cambuí (Campinas) e ponto preto Cebimar (São Sebastião).

2- Extração de DNA: Kit Promega Wizard® Genomic DNA Purification.

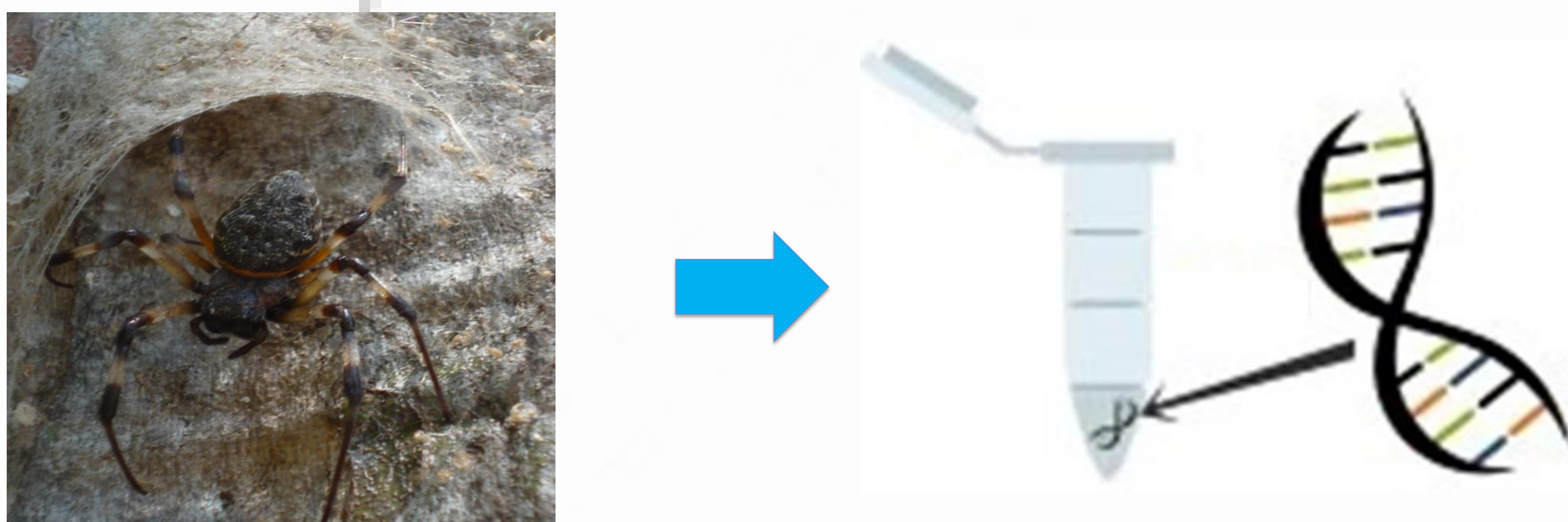


Figura 2: Esquema simplificado do processo de extração de DNA.

3- Amplificação do gene COI.

Primer	Sequência 5'-3'
LCO1490	GGTCAACAAATCATAAGATATTGG
C1-N-2776	GGATAATCAGAATATCGTCGAGG

Tabela 2: Primers utilizados para a amplificação do gene COI..

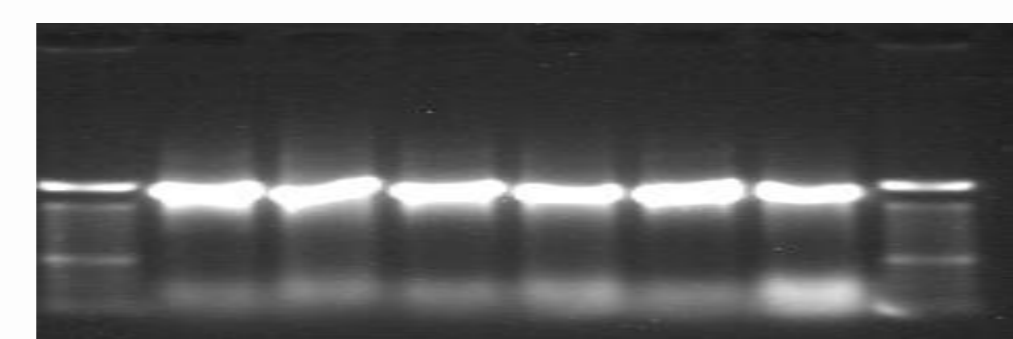


Figura 3: Gel de agarose 1% mostrando a amplificação do gene COI.

4- Sequenciamento do gene COI

1. UNICAMP 01	CTTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
2. UNICAMP 02	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
3. UNICAMP 03	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
4. Lago 01	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
5. Lago 02	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
6. Lago 03	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
7. Lago 04	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
8. Lago 05	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
9. CPQBA 01	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
10. CPQBA 02	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
11. CPQBA 03	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
12. CPQBA 04	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG
13. CPQBA 05	TTTAAATACCTTCCTTTTGTGATCCCTTCAGGAGGGGGGATCCAAATTTATTTCAACATTTATTTGATTTTGGG

Figura 4: Sequências alinhadas, programa Mega5.

Resultados

Populações	N	H	s	Hd	π
Unicamp	6	3	4	0.6000	0.001944
Parque ecológico (lago)	12	4	4	0.6818	0.003070
CPQBA	8	2	1	0.2500	0.000517
Total	26	6	6	0,560	0.000364

Tabela 3: Populações, N = número de indivíduos; H=número de haplótipos; S=número de sítios polimórficos, Hd=diversidade de haplótipos e π=diversidade de nucleotídeos, programa Arlequin.



Figura 5: Rede de haplótipos, programa Network.

Figura 7: Árvore de máxima verossimilhança entre os indivíduos, programa Mega5.

Os valores de F_{ST} não foram significativos. O resultado foi o mesmo para o teste de neutralidade.

Considerações

- *Nephilengys cruentata*, mostrou ser um bom modelo de estudo, por conta da facilidade de coleta e identificação.
- A metodologia de extração, assim como a metodologia de amplificação do gene COI foram padronizados e estão gerando bons resultados.
- Foi encontrada uma baixa variabilidade genética que pode ser resultado de um gargalo genético durante a introdução da espécie no Brasil, assim como da baixa quantidade de indivíduos analisadas até o momento, e da proximidade geográfica das amostras.
- As amostras continuarão sendo analisadas.