



FILOGEOGRAFIA DO COMPLEXO *GANODERMA AUSTRALE* (BASIDIOMYCOTA) BASEADA EM EXEMPLARES DO BRASIL

Nelson Correia de Lima Júnior 1*

Tatiana Baptista Gibertoni 2; Elaine Malosso 2

¹Mestrando/PPG - Biologia de Fungos - CCB UFPE

*e - mail: limajunior.nc.ufpebio@gmail.com;

²Docente/pesquisador do Depto de Micologia CCB UFPE.

UFPE - Universidade Federal de Pernambuco

CCB - Centro de Ciências Biológicas

Departamento de Micologia

Av Prof Nelson Chaves, s/n, Cidade Universitária

Recife - PE, 50.670 - 420

INTRODUÇÃO

A filogeografia associa a biogeografia, a genética populacional e a filogenia molecular no estudo dos polimorfismos de genes em populações de uma espécie ou entre espécies próximas (Avise, 1998). Esta forma de abordagem tem sido valiosa para o desenvolvimento de hipóteses sobre processos evolutivos históricos. A partir do desenvolvimento de diversas técnicas moleculares, a reconstrução filogenética tem sido largamente empregada em várias abordagens evolutivas, tais como nos estudos de fluxo gênico, especiação, sistemática e estrutura de populações (Avise, 2000). *Ganoderma australe* (Fr.) Pat. (*Basidiomycota*, *Ganodermataceae*) trata-se de fungo poliporóide de ampla distribuição geográfica e que apresenta grande importância ecológica por serem decompositores da matéria orgânica em florestas tropicais (Ryvarden, 2004). Porém, nenhum estudo filogeográfico dessa espécie foi realizado para o Brasil, existindo apenas uma abordagem mais geral comparando exemplares neotropicais de *G. australe* com os de outros continentes (Moncalvo & Buchanan 2008). Em estudos moleculares para fungos, a região genômica mais popularmente utilizada é a que compreende as seqüências espaçadoras internas transcritas (ITS rDNA) por serem relativamente curtas, aparecerem em grande número de cópias no genoma e serem flanqueadas por segmentos conservados, além de evoluírem rapidamente (Begerow

et al., ., 2010).

OBJETIVOS

Este trabalho teve como objetivo fazer uma análise filogeográfica de *G. australe* com base em exemplares originários de diferentes localidades do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram estudados oito espécimes de *G. australe* de origem brasileira, sendo um originário da Bahia (Plantações Michelin da Bahia, Ituberá), um de Minas Gerais (Viçosa), três coletados em Pernambuco (um no Refúgio Charles Darwin em Igarassu, NLJ 39 PE; um no Parque Estadual de Dois Irmãos em Recife, NLJ 06 PE; um no Jardim Botânico do Recife), um originário da Paraíba (Mineradora Millenium em Mataraca, NLJ 10PB), e dois de Rondônia (Parque Nacional de Porto Velho). Essas amostras foram utilizadas para extração de DNA, amplificação da região ITS (rDNA) e seqüenciamento. As oito seqüências obtidas foram utilizadas para a busca das mais similares depositadas no GenBank. Desse modo, foram encontradas mais 24 sequências para a América do Sul, sendo 17 da Argentina, uma do Brasil (Florianópolis - SC), quatro do Chile, duas do Equador, uma da Guiana Francesa e seis para

América Central e Caribe (cinco da Costa Rica e uma de Porto Rico). Em seguida, foi construída uma árvore filogenética pelo método de máxima parcimônia. Autores acreditam que *G. australe*, na verdade, deva se tratar um complexo de espécies de difícil separação devida à grande semelhança morfológica. Para o presente trabalho, foram considerados *G. applanatum*, *G. australe*, *G. lobatum* e *G. tornatum* como pertencente ao complexo *G. australe* conforme mencionado por Moncalvo & Buchanan (2008).

RESULTADOS

A reconstrução filogenética a partir de seqüências da região ITS rDNA mostrou uma forte correlação com a distribuição geográfica para o complexo *G. australe*. Foi observada a formação de agrupamentos distintos entre exemplares neotropicais e os provenientes da Argentina e Chile. Estes últimos formaram clados a parte. O clado com representantes neotropicais divide-se em dois subclados próximos, o que demonstra um recente evento de dispersão para os neotrópicos. No primeiro, foram agrupados os espécimes provenientes da Bahia, Minas Gerais, Paraíba, Pernambuco e Santa Catarina, além de um exemplar dos Estados Unidos (Flórida) e um de Porto Rico. O outro subclado foi formado por dois exemplares brasileiros provenientes de Rondônia e pelos representantes da Costa Rica, Equador, Estados Unidos (Flórida) e Guiana Francesa, todos estes de domínios de florestas tropicais ou subtropicais. Esta formação de dois subclados distintos entre os táxons brasileiros da Floresta Amazônica com os de domínios de Mata Atlântica pode ser mais uma evidência de que fatores ambientais podem influenciar a distribuição geográfica dos fungos, ou ainda uma evidência de um processo de especiação alopátrica. O fato de exemplares do Nordeste, Sul e Sudeste do Brasil estarem agrupados com exemplares de Porto Rico e dos Estados Unidos (Flórida) pode ser explicado por um evento de dispersão episódico, fato este já mencionado para este

complexo, pois estudos filogenéticos com a região ITS para fungos geralmente indicam uma forte correlação geográfica e em geral divergências alopátricas. Este tipo de evento pouco conhecido geralmente se atribui a atividades humanas, pois diferentemente de animais, os fungos têm como forma de dispersão os esporos que podem ser transportados por longas distâncias (Moncalvo & Buchanan, 2008). Este estudo preliminar é a primeira abordagem filogeográfica de uma espécie do filo Basidiomycota para o Brasil, e serve como base para estudos posteriores com utilização de exemplares de outros biomas brasileiros.

CONCLUSÃO

A diferenciação entre os táxons brasileiros da Floresta Amazônica e os de domínios de Mata Atlântica é mais uma evidência de que variações ambientais influenciam a distribuição geográfica deste complexo de espécies, podendo ainda ser uma evidência de um processo de especiação.

REFERÊNCIAS

- Avise, JC. 2000. Phylogeography: The history and formation of species. Harvard University Press; Cambridge, MA. 447p. Avise, JC. 1998. The history and purview of phylogeography: a personal reflection. *Molecular Ecology*, 7:371-379. Begerow, B; Nilsson, H; Unterseher, M; Maier, W. 2010. Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. *Appl Microbiol Biotechnol* (2010) 87:991-1008. Moncalvo, JM & Buchanan, PK. 2008. Molecular evidence for long distance dispersal across the Southern Hemisphere in the *Ganoderma applanatum* - *australe* species complex (Basidiomycota). *Mycological Research*, 48: 425 - 436. Ryvarden. L. 2004. Neotropical Polypores. Part 1. *Synopsis Fungorum* 19, Fungiflora, Oslo.