

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE LOBEIRA (*Solanum lycocarpum* St. HIL.)

Marcelo de Oliveira Santos¹
Antônio Daniel Fernandes Coelho¹
Ricardo Marques Montanari¹
Eduardo da Silva Pinto¹
Lyderson Facio Viccini¹

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo verificar a existência de variabilidade genética entre três populações de *Solanum lycocarpum* estabelecidas em dois ecossistemas brasileiros: Cerrado e da Mata Atlântica. Avaliaram-se a porcentagem de germinação e seis caracteres morfológicos aos 20 dias após a emergência das plântulas. A análise de variância revelou a existência de variabilidade genética entre as populações para a porcentagem de germinação, comprimento médio do cotilédono e número médio de folhas.

Palavras-chaves: *Solanum lycocarpum*, variabilidade genética, caracteres morfológicos

ABSTRACT

GENETIC VARIABILITY AMONG *Solanum lycocarpum* POPULATIONS

This work aimed to verify the existence of genetic variability among three *Solanum lycocarpum* populations from two Brazilian ecosystems: Cerrado and Mata Atlântica. The evaluation of germination and some morphological characters were performed twenty days after seedlings emergency. The analysis of variance revealed the existence of genetic variability among the populations for germination, average length of cotyledons and average leaves number.

Key words: *Solanum lycocarpum*, genetic variability, morphologic characters

INTRODUÇÃO

Solanum lycocarpum, popularmente conhecida como lobeira, pertence à família Solanaceae e ocorre em todo o território brasileiro, principalmente em regiões de cerrado. É uma planta pioneira encontrada,

preferencialmente, em áreas cuja cobertura vegetal foi removida tal como margens de estradas e terrenos baldios (Lorenzi, 1999). A partir dos seus frutos produz-se um polvilho, ao qual é atribuída propriedade terapêutica como hipoglicemiante (Dall' -Agnol & Von-Poser, 2000).

¹ Dep. Biologia/Universidade Federal de Juiz de Fora. Campus Universitário. Juiz de Fora-MG. CEP: 36036-330. lviccini@icb.ufjf.br

Recebido para publicação 2002.

Nos últimos anos é crescente a preocupação com o conhecimento de nossa biodiversidade no que diz respeito a sua variabilidade genética, principalmente em função do crescente aumento da erosão dos recursos genéticos (Ehrlich, 1997). A avaliação da diversidade genética constitui uma importante ferramenta que permite desde a descrição de espécies, bem como a separação de populações divergentes tanto com interesse agrônomico e, ou ecológico (Carpentieri-Pipolo et al., 2000; Aares et al., 2000). O estudo da variabilidade genética pode auxiliar na distinção de diferentes populações através de marcadores morfológicos bem como marcadores moleculares (Ferreira & Grattapaglia, 1996; Larson et al., 2000). Os tipos de marcadores morfológicos empregados variam, mas estão principalmente associados ao desenvolvimento floral e reprodutivo (Vishal-Suri et al., 1999; Aares et al., 2000). Estudando uma gramínea ocorrente na América do Norte, Larson et al. (2000) demonstraram que o estudo de características morfológicas são complementares aos estudos moleculares, ratificando o uso de marcadores morfológicos como uma ferramenta útil em avaliações preliminares de diversidade genética. Os estudos de variabilidade genética utilizando marcadores morfológicos têm sido realizados com os mais diferentes objetivos. Entre eles é possível citar principalmente a identificação de plantas tolerantes à presença de metais pesados (Mengoni et al., 2000), o conhecimento da filogenia e da biogeografia (Ito et al., 1999; Larson et al., 2000; Whitcher et al., 2001) e a seleção de genótipos agronomicamente superiores (Deshmukh et al., 1999; Vishal-Suri et al., 1999; Machado et al., 2000).

Considerando a importância de *S. lycocarpum* como planta pioneira e potencialmente útil na recuperação de áreas degradadas bem como sua ampla distribuição no território brasileiro, torna-se importante conhecer sua diversidade. Esta informação pode ser útil na identificação de populações que tenham maior capacidade de ocupar áreas desprovidas de vegetação. Adicionalmente, a maioria dos estudos sobre esta espécie se

relaciona às suas propriedades medicinais, não havendo qualquer informação sobre sua variabilidade genética. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo verificar a existência de variabilidade genética, baseando-se em caracteres morfológicos, entre acessos de *S. lycocarpum* provenientes de dois biomas brasileiros contrastantes: Cerrado e Mata Atlântica.

MATERIAL E MÉTODOS

Material Biológico

Foram avaliadas três populações, sendo uma proveniente de Brasília - DF (Estação Biológica da UnB) e duas provenientes de Juiz de Fora - MG (São Pedro e Campus da UFJF), ambientes de Cerrado e Mata Atlântica, respectivamente e distantes entre si em aproximadamente 1000 km. A amostragem de cada população se fez pela coleta de frutos oriundos de seis indivíduos. Os frutos foram colocados para maturar em câmara de papel por 30 dias. Após este período, as sementes dos frutos de cada população foram retiradas, misturadas e colocadas para germinar.

Ensaio de campo

Realizou-se a semeadura direta em solo de sementeira exposta à luz direta do sol, como indicado por Lorenzi (1999). O experimento foi montado no delineamento em blocos casualizados, com três repetições, sendo cada parcela constituída de uma fileira com 12 sementes. Avaliaram-se a porcentagem de germinação (GER) e os seguintes caracteres morfo-lógicos, tomados vinte dias após a emergência das plântulas: comprimento médio do cotilédone (CMC), comprimento médio do hipocótilo (CMH), comprimento médio da radícula (CMR), comprimento médio do limbo foliar (CMLF), número médio de folhas (NMF) e altura média das plantas (AMP).

Análise estatística

Para realizar a análise de variância, somente a

variável germinação foi previamente transformada, de acordo com Ferreira (1991), utilizando-se a seguinte expressão:

$y = \sqrt{x+1}$, onde y: valor transformado; x: valor original.

Empregou-se o modelo de efeito aleatório, exceto a média. O esquema da análise de variância encontra-se na Tabela 1.

Para verificar a existência de variabilidade genética entre as populações, empregou-se o teste F a 5% de probabilidade. Para caracteres cujo teste F foi significativo, empregou-se o teste Duncan, a 5% de probabilidade, para comparar as médias das populações.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância encontram-se na Tabela 2. O teste F foi significativo para os caracteres porcentagem de germinação, comprimento médio dos cotilédones e número médio de folhas. Isto indica que, para estes caracteres, existe variabilidade genética entre as populações estudadas. Este resultado pode ser explicado pelo fato de que as populações desenvolveram-se em ambientes distintos, uma em região de Cerrado e as outras duas em região de Mata Atlântica e, portanto, adaptaram-se diferencialmente. Resultados semelhantes foram encontrados por Schrader & Graves (2000) ao estudarem três populações selvagens de *Alnus maritima* (Solanaceae). Tais autores encontraram diferenças significativas entre as populações avaliando germinação, comprimento de folha, peso de matéria fresca das plântulas e densidade foliar. Os resultados favoráveis à população oriunda de Brasília-DF podem ser devidos ao seu desenvolvimento em um regime de águas mais escasso em relação às demais que desenvolveram-se em regiões com regime de chuvas mais intenso. Vidal et al. (1999) observaram uma melhor performance em *S. lycocarpum* sob regime

de baixa disponibilidade de água.

Ambientes diferentes apresentam diferentes pressões de seleção, fazendo com que um genótipo que proporciona valor adaptativo superior num dado ambiente possua menor adaptação a outro (Kassen & Bell, 2000). Utilizando análise de cluster, Vander-Kloet & Hill (2000), relacionaram a estratégia de germinação com o nicho ocupado por espécies simpátricas do gênero *Vaccinum*. Assim, uma espécie de ampla distribuição geográfica, como é o caso da lobeira, poderá originar populações geneticamente distintas. No presente trabalho, foi possível detectar variabilidade para três dos caracteres estudados. Contudo, se o isolamento geográfico impedir o fluxo gênico, estas populações tenderão a ficar cada vez mais distantes geneticamente. Em plantas, essa situação pode muitas vezes ser acelerada em função de sua natureza sésstil, tendo como consequência adaptação local específica e o surgimento de metapopulações (Galloway & Fenster, 2000). A existência de variabilidade genética torna possível a seleção de acessos mais adaptados a condições ambientais específicas, como por exemplo áreas degradadas. Assim, tais acessos seriam potencialmente úteis na recuperação do solo e na reabilitação de um ambiente ecológicamente comprometido. Uma forma de se obter melhores resultados é a seleção de plantas no local onde serão utilizadas, permitindo o desenvolvimento de populações mais adequadas a cada nicho. Wakeley (2000) observou que a subdivisão de grandes populações predispõe as mesmas à formação de demes e à alteração na variabilidade genética de modo a se adaptar a diferentes condições ambientais. Para os demais caracteres avaliados, o teste F não foi significativo, indicando ausência de variabilidade genética. Certamente, para estes caracteres, as três localidades apresentaram a mesma pressão de seleção, o que levou a uma uniformidade genética nas populações estudadas.

O teste de média para os caracteres porcentagem de germinação, comprimento médio dos cotilédones e número médio de folhas encontra-se na Tabela 3. Para a porcentagem de germinação a média da

Tabela 1. Esquema da análise de variância.

Table 1. Analysis of variance scheme.

Fonte de variação	G.L.	QM	E(QM)	F
Blocos	b-1	θ_1	-	-
Populações (T)	g-1	θ_2	$\sigma^2 + b\sigma_g^2$	θ_2/θ_3
Resíduo (R)	(b-1)(g-1)	θ_3	σ^2	-

σ^2 : componente de variância do efeito do ambiente entre as parcelas experimentais.

σ_g^2 : componente quadrático devido à variabilidade genética entre as populações.

Tabela 2. Análises de variância para sete caracteres morfológicos relativos a três populações de *S. lycocarpum*.

Table 2. Analysis of variance for seven traits of three *S. lycocarpum* populations.

FV	GL	Quadrados Médios						
		GER ^a	CMC	CMH	CMR	CMLF	NMF	AMP
Blocos	2	0.66	4.83	3.95	46.37	2.23	0.97	1.57
População	2	7.62*	197.08*	18.51	519.50	193.36	8.19*	26.65
Resíduo	4	0.69	24.21	5.99	81.75	64.78	1.13	15.92
CV (%)		15.57	10.06	14.36	8.52	14.96	15.78	17.21

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

^a GER (porcentagem de germinação), CMC (comprimento médio do cotilédone), CMH (comprimento médio do hipocótilo), CMR (comprimento médio da radícula), CMLF (comprimento médio do limbo foliar), NMF (número médio de folhas) e AMP (altura média das plantas).

população de Brasília-DF foi superior às médias das populações de Juiz de Fora-MG. Já para o comprimento médio dos cotilédones, a média da população de Brasília foi superior à de São Pedro, enquanto a média da população da UFJF não diferiu estatisticamente das médias das populações daquelas duas localidades. O número médio de folhas da população do São Pedro foi inferior ao das populações de Brasília e da UFJF. O fato da população de Brasília ter apresentado médias

superiores às da população do São Pedro, indica a existência de diferentes pressões de seleção. É possível que genes relacionados as maiores médias tenham, em Brasília, maior valor adaptativo, enquanto que em São Pedro apresentem baixa adaptação. Por outro lado, para duas das características analisadas, as populações de Juiz de Fora não apresentaram diferenças ratificando a existência de pressões de seleção similares em áreas distintas mas dentro do mesmo município.

Tabela 3. Médias de três caracteres morfológicos relativos a três populações de *S. lycocarpum*.

Table 3. Mean of three morphological traits of three *S. lycocarpum* populations.

População	Caráter		
	GER ^a	CMC	NMF
Brasília	47,23 A	56,10 A	7,72 A
UFJF	17,78 B	50,49 AB	7,67 A
São Pedro	13,89 B	40,13 B	4,83 B

As médias seguidas de pelo menos uma mesma letra não diferem entre si, ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste Duncan.
^aGER (porcentagem de germinação), CMC (comprimento médio dos cotilédones) e NMF (número médio de folhas).

A existência de variabilidade genética para número médio de folhas, comprimento médio dos cotilédones e percentagem de germinação indica que o estudo de parâmetros morfológicos podem ser usados como indicadores de divergência genética em *Solanum lycocarpum*.

Acrescenta-se ainda, que a lobeira tem alta capacidade de ocupar áreas descobertas e que muitas vezes estas plantas são observadas servindo de poleiros para aves. Isto incrementa fortemente a chegada de sementes na área exposta e, consequentemente, otimiza o processo de colonização. Estas características associadas a existência de variabilidade genética são instrumentos úteis para a identificação de populações mais adaptadas a áreas sem cobertura vegetal acelerando o processo de sucessão. É importante ressaltar, contudo, que futuros estudos, envolvendo maior número de populações oriundas de ambientes diversificados são fundamentais para que genótipos superiores sejam selecionados.

CONCLUSÕES

Os resultados observados permitem concluir que:

- A utilização de marcadores morfológicos é uma ferramenta útil para a detecção de variabilidade genética em *Solanum lycocarpum*;
- Existe variabilidade entre populações de *Solanum lycocarpum* provenientes de diferentes biomas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AARES, E.; NURMINIEMI, M.; BROCHMANN, C. Incongruent phylogeographies in spite of similar morphology, ecology, and distribution: *Phippsia algida* and *P. concinna* (Poaceae) in the North Atlantic region. **Plant Systematics and Evolution**, Heidelberg, V.220, n.3-4, p.241-261; 2000.

- CARPENTIERI-PIPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; DA SILVA, F.A.M. West Indian Cherry parental genotype selection based on multivariate genetic divergence. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, V. 35, n.8, p.1613-1619, 2000.
- DALL'AGNOL, R.; VON-POSER, G.L. The use of complex polysaccharides in the management of metabolic diseases: the case of *Solanum lycocarpum* fruits. **Journal of Ethnopharmacology**, Limerick, V. 71, n.1-2, p. 337-341, 2000.
- DESHMUKH, P.B.; ATALE, S.B.; PANDE, M.K.; VITKARE, D.G.; GOLHAR, S.R. Genetic divergence in durum wheat. **Crop Improvement**, Ludhiana, V.26, n.1, p.95-98, 1999.
- EHRlich, P.R. A perda da biodiversidade – causas e conseqüências. In: Wilson, E. O. (Ed.). **Biodiversidade**. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997. p.27-35.
- FERREIRA, M.E.F.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: Embrapa, 1996. 220p.
- FERREIRA, P.V. **Estatística experimental aplicada à agronomia**: Maceió: Edufal, 1991. 440 p.
- GALLOWAY, L.F.; FENSTER, C.B. Population differentiation in an annual legume: local adaptation. **Evolution**, Lawrence, V.54, n.4, p.1173-1181, 2000.
- ITO, M.; KAWAMOTO, A.; KITA, Y.; YUKAWA, T.; KURITA, S. Phylogenetic relationships of Amariyllidaceae based on matK sequence data. **Journal of Plant Research**, Bunkyo-ku, V.112, n.1106, p. 207-216, 1999.
- KASSEN, R. E BELL, G. The ecology and genetics of fitness in *Chlamydomonas*. X. The relationship between genetic correlation and genetic distance. **Evolution**, Lawrence, V.54, n.2, p.425-432, 2000.
- LARSON, S.R.; JONES, T.A.; HU, Z.M.; MCCRACKEN, C.L.; PALAZZO, A. Genetic diversity of bluebunch wheatgrass cultivars and a multiple-origin polycross. **Crop Science**, Madison, V. 40, n.4, p.1142-1147, 2000.
- LORENZI, H. **Árvores Brasileiras**. Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil v. 2. Nova Odessa: Plantarum, 1999. 354 p.
- MACHADO, C. de F.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, G.H., de S. Choice of bean parents by means of divergence measured for morphological and agronomic characters. **Bragantia**, Campinas, V.59, n.1, p. 11-20; 2000.
- MENGONI, A.; GONNELLI, C.; GALARDI, F.; GABBRIELLI, R.; BAZZICALUPO, M. Genetic diversity and heavy metal tolerance in populations of *Silene paradoxa* L. (Caryo-phyllaceae): a random amplified polymorphic DNA analysis. **Molecular Ecology**, Oxford, V.9, n.9, p.1319-1324, 2000.
- SCHRADER, J. A.; GRAVES, W. R. Seed germination and seedling growth of *Alnus maritima* from its three disjunct populations. **Journal of American Society Horticultural Science**, Alexandria, V.125, n.1, p.128-134, 2000.
- VANDER-KLOET, S.P.; HILL, N.M. Bacca quo vadis: regeneration niche differences among seven sympatric vaccinium species on headlands. **Seed Science Research**, Wallingford, V.10, n.1, p.89-97, 2000.
- VIDAL, M.C.; STACCIARINI-SERAPHIN, E.; CAMARA, H.H.L.L. Crescimento de plântulas de *Solanum lycocarpum* St. Hil. (lobeira) em casa de vegetação. **Acta Botanica Brasilica**, Brasília, V.13, n.3, p. 271-275, 1999.
- VISHAL-SURI; SHARMA, S.C.; SURI, V. Genetic

diversity in relation to number of clusters in wheat (*Triticum aestivum*). **Crop Improvement**, Ludhiana, V.26, n.2, p.208-215, 1999.

WAKELEY, J. The effects of subdivision on the genetic divergence of populations and species. **Evolution**, Lawrence, V. 54, n.4, p. 1092-1101, 2000.

WHITCHER, I.N.; WEN-JUN; WEN, J. Phylogeny and biogeography of *Corylus* (Betulaceae): inferences from ITS sequences. **Systematic Botany**, Laramie, v.26, n.2, p. 283-298, 2001.