CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE *Pontederia crassipes* (Mart) Solms. DA PLANÍCIE DE INUNDAÇÃO DO ALTO RIO PARANÁ

Isadora Bisones de Lima (PIBIC/CNPq/FA/UEM), Aline Rosado (Coautora), Bárbara Scorsim Arjona (Coorientador), Alessandra Valéria de Oliveira (Orientador). E-mail: avoliveira@uem.br

Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Biológicas, Maringá, PR.

Área e subárea do conhecimento: Biologia geral, Genética / Genética vegetal.

Palavras-chave: cpDNA; diversidade genética; macrófitas aquáticas.

RESUMO

Pontederia crassipes (Mart.) Solms, conhecida popularmente como aguapé, é nativa do território brasileiro e apresenta um elevado potencial de crescimento e dispersão, sendo atualmente encontrada em diversas regiões tropicais do mundo. Apesar de sua ampla distribuição, ainda existem lacunas no conhecimento sobre a variabilidade genética de populações nativas. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar molecularmente espécimes de *P. crassipes* da planície de inundação do alto rio Paraná, comparativamente com exemplares coletados no reservatório das usinas hidrelétricas de Itaipu, Rosana e Porto Primavera. Os espécimes tiveram seu DNA extraído e a região cloroplastidial *trnL-trnF* foi amplificada e sequenciada. As sequências obtidas foram editadas, alinhadas e foram realizados cálculos de distância genética e construção de uma rede de haplótipos. Os resultados obtidos indicam baixa variabilidade genética populacional, com a presença de um haplótipo dominante em todas as regiões amostradas. Embora seja conhecida a reprodução sexuada para a espécie, as informações genéticas indicam que a principal forma de reprodução, na região, se dá assexuadamente.

INTRODUÇÃO

Macrófitas aquáticas desempenham importante papel nos ecossistemas, atuando como produtores primários, participando da ciclagem de nutrientes e fornecendo abrigo e recursos para diferentes organismos aquáticos (THOMAZ & ESTEVES, 2011). Entretanto, algumas espécies apresentam características que favorecem seu rápido crescimento e dispersão, podendo formar extensos agrupamentos e alterar a estrutura e o funcionamento dos ambientes aquáticos.

Entre essas espécies destaca-se *Pontederia crassipes* (anteriormente *Eichhornia crassipes*) (Mart.) Solms, pertencente à família Pontederiaceae e conhecida popularmente como aguapé. Nativa do Brasil, apresenta elevado potencial de crescimento e dispersão, sendo atualmente encontrada em diversas

regiões tropicais do mundo. Sua reprodução sexuada, por meio de sementes, e assexuada, pela formação de propágulos, contribui para sua capacidade de colonização e formação de extensos bancos nos ambientes aquáticos (PITTELI et al., 2008).

Apesar de sua ampla distribuição, ainda existem lacunas no conhecimento sobre a variabilidade genética de suas populações nativas. A caracterização da variabilidade genética de *P. crassipes* pode contribuir para a compreensão de sua dinâmica populacional, padrões de dispersão e estratégias reprodutivas (PITTELI et al., 2008; SANTAMARÍA, 2002). Nesse contexto, dentre os marcadores moleculares mais utilizados, encontra-se o *trnL-trnF*, espaçador intergênico da região do DNA cloroplastidial (cpDNA) (SCORSIM et al., 2024).

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar molecularmente espécimes de *Pontederia crassipes* da planície de inundação do alto rio Paraná (PIAP), comparativamente com exemplares coletados nos reservatórios das usinas hidrelétricas de Itaipu, Rosana e Porto Primavera, por meio do uso da região *trnL-trnF* (cpDNA), contribuindo para a compreensão da variabilidade genética desses indivíduos em sua região nativa.

MATERIAIS E MÉTODOS

Exemplares de *Pontederia crassipes* (Mart.) Solms, coletados na planície de inundação do alto rio Paraná, reservatório das usinas hidrelétricas de Itaipu, Rosana e Porto Primavera, tiveram seu DNA extraído a partir de seus tecidos foliares, utilizando o kit Promega Wizard® Genomics, de acordo com as instruções do fabricante. A concentração do DNA extraído de cada amostra foi estimada utilizando um espectrofotômetro NanoDrop™ Lite.

Para amplificação do DNA foram utilizados primers específicos para a região cloroplastidial *trnL-trnF.* Os produtos amplificados foram visualizados em gel de agarose 1% e o tamanho dos fragmentos foi estimado com a utilização de um marcador de peso molecular conhecido (DNA Ladder 100pb). Os produtos obtidos da amplificação do DNA foram purificados pelo protocolo de Rosenthal et al. (1993). O sequenciamento foi realizado por uma empresa privada no sequenciador Applied Biosystems® AB-3500, utilizando o kit BigDye® Terminator.

As sequências de *P. crassipes* deste estudo foram editadas utilizando o software BioEdit e posteriormente alinhadas por ClustalW, implementado no software MEGA11, no qual também calculamos a distância genética corrigida utilizando o modelo de *Kimura-2-parameter* (K2P). Além disso, as sequências deste estudo foram submetidas à ferramenta BLASTn na plataforma do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Os índices de diversidade de nucleotídeos e de haplótipos foram calculados utilizando o programa DnaSP v5 e a rede de haplótipos foi construída utilizando o algoritmo *median-joining* no software PopArt 1.7. As sequências obtidas serão depositadas no GenBank.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram obtidas 18 sequências de *Pontederia crassipes* com 708 pares de bases (pb), após a edição e alinhamento, com percentuais de identidade, em geral, acima de 99.72% para sequências da mesma espécie disponíveis no Genbank.

Foram identificados três haplótipos para as sequências analisadas (Figura 01), sendo H1 o mais frequente (n = 16) e encontrado em indivíduos de todas as localidades estudadas. Um haplótipo único (H2) foi observado no rio Ocoí, e outro (H3) de Arroio Guaçu. Os índices de diversidade haplotípica (*Hd*) e de nucleotídeos (π) foram, respectivamente, de 0,2157 e 0,0003 para o marcador utilizado.

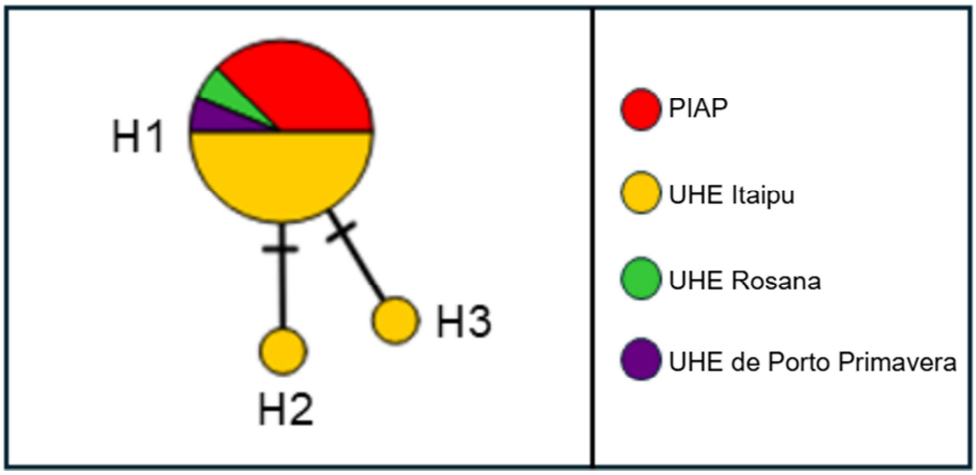


Figura01. Rede de haplótipos construída utilizando o algoritmo *median-joining* para sequências de *trnL-trnF* de *Pontederia crassipes* obtidas no presente estudo. PIAP = Planície de Inundação do Alto rio Paraná; UHE = Usina Hidrelétrica.

Quanto à distância genética K2P entre os espécimes estudados, os valores variaram de 0,0 a 0,3%, sendo que a maioria das sequências (haplótipo H1) apresentaram 100% de similaridade entre si e uma distância de 0,1% para os haplótipos H2 e H3, os quais apresentaram uma distância de 0,3% entre si.

Os resultados indicam baixa diferenciação genética entre os espécimes analisados e, embora exista uma limitação quanto ao número de indivíduos para as áreas amostradas, a presença de um haplótipo amplamente disperso em uma grande área é consistente com a expectativa de reprodução clonal (SANTAMARÍA, 2002) ou a dispersão de propágulos para diferentes locais (LUCIO et al., 2019).

Nesse contexto, os resultados obtidos poderão contribuir para o entendimento da dispersão e estratégias reprodutivas da espécie em seu ambiente nativo, fornecendo informações importantes que podem ser usadas para seu manejo (PITTELI et al., 2008), especialmente devido à presença de características que a torna potencialmente invasora. Outros estudos moleculares, incluindo amostras de outros indivíduos e de outras regiões geográficas serão úteis para uma melhor compreensão da variabilidade genética populacional dessa espécie na região.

CONCLUSÕES

Os resultados obtidos indicam baixa variabilidade genética populacional, com a presença de um haplótipo dominante em todas as regiões amostradas. Embora seja conhecida a reprodução sexuada e assexuada para a espécie, as informações genéticas obtidas indicam que a principal forma de reprodução de *Pontederia crassipes,* na região, se dá de forma assexuada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Universidade Estadual de Maringá (UEM) pela bolsa concedida, ao Instituto de Pesquisas em Limnologia, Ictiologia e Aquicultura (NUPÉLIA), pelo espaço concedido para a realização da pesquisa, e a todo corpo docente envolvido.

REFERÊNCIAS

LUCIO, L. C. et al. Molecular characterization of the invasive aquatic macrophyte *Hydrilla verticillata* (Hydrocharitaceae) in Brazil. **An. Acad. Bras. Cienc.**, v. 91, n. 3, out. 2019. Disponível em: https://doi.org/10.1590/0001-3765201920180494. Acesso em: 9 set. 2026.

PITTELI, R. A.; MARTINS D; VELINI E. D. Manual de manejo e controle de plantas daninhas In: VARGAS, L; ROMAN E. S. (eds**). Interferência e controle de macrófitas aquáticas.** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2008. p. 299–328.

ROSENTHAL, A.; COUTELLE, O.; CRAXTON, M. Large-scale production of DNA sequencing templates by microtitre format PCR. **Nucleic Acids Res.**, v. 21, n. 1, p. 173-174, jan. 1993. Disponível em: https://doi.org/10.1093/nar/21.1.173. Acesso em: 9 set. 2026.

SANTAMARÍA, L. Why are most aquatic plants widely distributed? Dispersal, clonal growth and small-scale heterogeneity in a stressful environment. **Acta Oecol.**, Sevilla, v. 23, n. 3, p. 137-154, jun. 2002. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1146609X02011463. Acesso em: 9 set. 2026.

SCORSIM, B. et al. Molecular markers in genetic studies of aquatic macrophytes: a systematic review. **Hydrobiologia**, v. 851, p. 3809-3820, maio 2024. Disponível em: https://doi.org/10.1007/s10750-024-05556-9 . Acesso em: 9 set. 2026.

THOMAZ, S. M.; ESTEVES, F. A. **Fundamentos da limnologia:** Planejamento e manejo de áreas úmidas no Brasil: o papel das macrófitas aquáticas. 3. ed. Rio de Janeiro: Interciência, 2011.