

Área Científica **Melhoramento de Plantas**

**Código** PTDC/AGR-GPL/104966/2008 **Início** 2010/04/01 **Termo** 2013/09/30

**Título** Avaliação dos recursos genéticos e genómicos do sobreiro: bases para uma gestão prospectiva

**Programa**

FCT

**Medida**

Projetos de I&D em todos os Domínios Científicos

**Instituição Líder** Fundação da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa

**Investigador Responsável INIAV** Fernanda Paula Silva Simões de Matos

**Orçamento Total** 128 582,00€

**Orçamento INIAV** 43 348,00€

**Parceria**

INIAV	Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.	Nacional
FFCUL	Fundação da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa	Nacional
ITQB	Instituto de Tecnologia Química e Biológica	Nacional
INETI	Instituto Nacional de Engenharia e Tecnologia Industrial	Nacional

**Equipa**

Fernanda Paula Silva Simões de Matos

## Resumo

As florestas de sobreiro têm sido um recurso notável nos países mediterrânicos ocidentais, desde a cortiça à madeira e como árvores estruturantes nos sistemas agroflorestal e silvopastoril. Juntamente com a azinheira (*Quercus ilex* L.) e o carrasqueiro (*Q. coccifera* L.), o sobreiro (*Quercus suber* L.) é uma das espécies lenhosas perenes dominantes na bacia mediterrânica ocidental, mas ao contrário de outras espécies, apresenta uma distribuição de amplitude restrita e descontínua em função de requerimentos ecológicos específicos [1].

Provavelmente por essa razão, a maior superfície de montado do mundo encontra-se em Portugal, onde o sobreiro é actualmente a árvore dominante, atingindo uma área de 736 700 hectares e suportando uma forte indústria corticeira reconhecida mundialmente [2].

Por outro lado, tem-se verificado um crescente reconhecimento da notável biodiversidade e valor ecológico associados a estes ecossistemas sustentáveis, conduzindo à sua inclusão desde 1933 na directiva 92/43 da UE como áreas especiais de conservação [3]. Contudo, o montado tem enfrentado um enorme declínio pela falta de regeneração, especialmente na Península Ibérica, sobretudo devido a severas secas e ao envelhecimento das árvores [1, 3], sendo actualmente considerado como um sistema no limiar de uma alteração radical e em claro risco de colapso em consequência de alterações climáticas e socioeconómicas rápidas e turbulentas. Um maior conhecimento sobre a distribuição espacial da variação genética e sobre o fluxo génico é necessário para elaborar estratégias de conservação eficazes, sobretudo quando se espera que os efeitos das alterações climáticas sejam mais acentuados na bacia mediterrânica do que noutras partes do mundo [4]. Por outro lado, o conhecimento sobre a influência das flutuações climáticas do passado nos padrões e dinâmicas de *Q. suber*, moldando os limites de distribuição das espécies nas penínsulas mediterrânicas, onde as espécies de árvores permaneceram durante os frios e áridos períodos glaciais, bem como os seus caracteres adaptativos, é de uma importância crucial para a nossa percepção do que poderá acontecer no futuro. Estudos anteriores no sobreiro analisaram DNA cloroplastidial (cp) e mitocondrial (mt) bem como variação de aloenzimas, tanto ao longo da distribuição da espécie como num subconjunto de populações da bacia mediterrânica. Foi detectada uma forte diferenciação entre populações, evidenciando uma estruturação geográfica acentuada [1, 4-7]. Várias hipóteses têm sido avançadas quanto à história evolutiva do sobreiro mas muito está ainda por esclarecer. Nos estudos que incluem populações portuguesas, as inferências têm por base uma amostragem deficiente em Portugal, e sendo este um dos países com maior relevância na história recente e passada do sobreiro, torna-se necessária uma cobertura mais completa da sua distribuição e diferenciação, incluindo áreas referidas como potenciais refúgios glaciais noutras espécies. Por outro lado, uma vez que a maioria das inferências filogeográficas anteriores se baseiam em marcadores de cpDNA (PCRFLP e SSR), deverá ser equacionada a utilização de outras abordagens ou marcadores moleculares com taxas de evolução mais rápidas que o cpDNA, os quais poderão revelar diferentes cenários microevolutivos. Este projecto pretende investigar a variação genética em populações naturais de sobreiro, amostrando selectivamente toda a área de distribuição mediterrânica. Pretende-se determinar a diversidade nucleotídica intra-específica em regiões variáveis de cpDNA, os polimorfismos em microssatélites nucleares (SSRs) e padrões de cDNA-AFLPs. Partindo das questões levantadas anteriormente, os principais objectivos são: (I) avaliar a diversidade genética e a diferenciação dentro e entre populações (por SSRs), sendo um factor fundamental para compreender os padrões de biodiversidade, fluxo génico e mistura populacional; (II) analisar a variação filogeográfica de sequências de cpDNA em combinação com os dados obtidos no ponto anterior, de forma a inferir a possível história evolutiva de *Q. suber* e perceber como esta se articula com as hipóteses sugeridas nos estudos anteriores; e (III) pela primeira vez, investigar a variação adaptativa relacionada com diferentes condições climáticas através da genotipagem de cDNA-AFLPs em duas populações naturais de regiões contrastantes, identificando genes candidatos putativos para a adaptação climática local. A equipa envolvida nesta proposta (CBA, ITQB/INRB, INETI) tem grande experiência nas técnicas e análises estatísticas necessárias para a estratégia aqui apresentada, esperando-se contribuir para a compreensão dos eventos recentes na história evolutiva de *Q. suber*, dos processos de diferenciação nesta espécie e de quais os genes candidatos que estão na base de mudanças evolutivas, o que constituirá informação essencial para o melhor delineamento de estratégias de conservação e para a previsão do potencial adaptativo da espécie a alterações climáticas.