

Introdução

É esperado pela teoria da genética de populações, que espécies endêmicas de distribuição geográfica restrita, com populações pequenas e isoladas, tenham menor diversidade genética em relação àquelas de ampla distribuição geográfica e populações não isoladas. Apesar disso, altos índices de diversidade genética vêm sendo relatados para várias espécies de plantas endêmicas. A diversidade genética em plantas é influenciada principalmente por características relacionadas ao modo de vida, e também por eventos históricos, como as oscilações climáticas do Pleistoceno. Em geral, áreas que permaneceram estáveis durante o Pleistoceno são reconhecidas por abrigar maior diversidade genética e endemismo.

Objetivo:

Esse estudo examinou a diversidade genética em *Aechmea kertesziae*, uma bromélia endêmica do sul da Mata Atlântica, com o objetivo de investigar se a distribuição geográfica da espécie foi estável durante as oscilações climáticas do Pleistoceno e quais eventos históricos podem ter moldado os padrões de diversidade e estruturação genética atualmente observada.

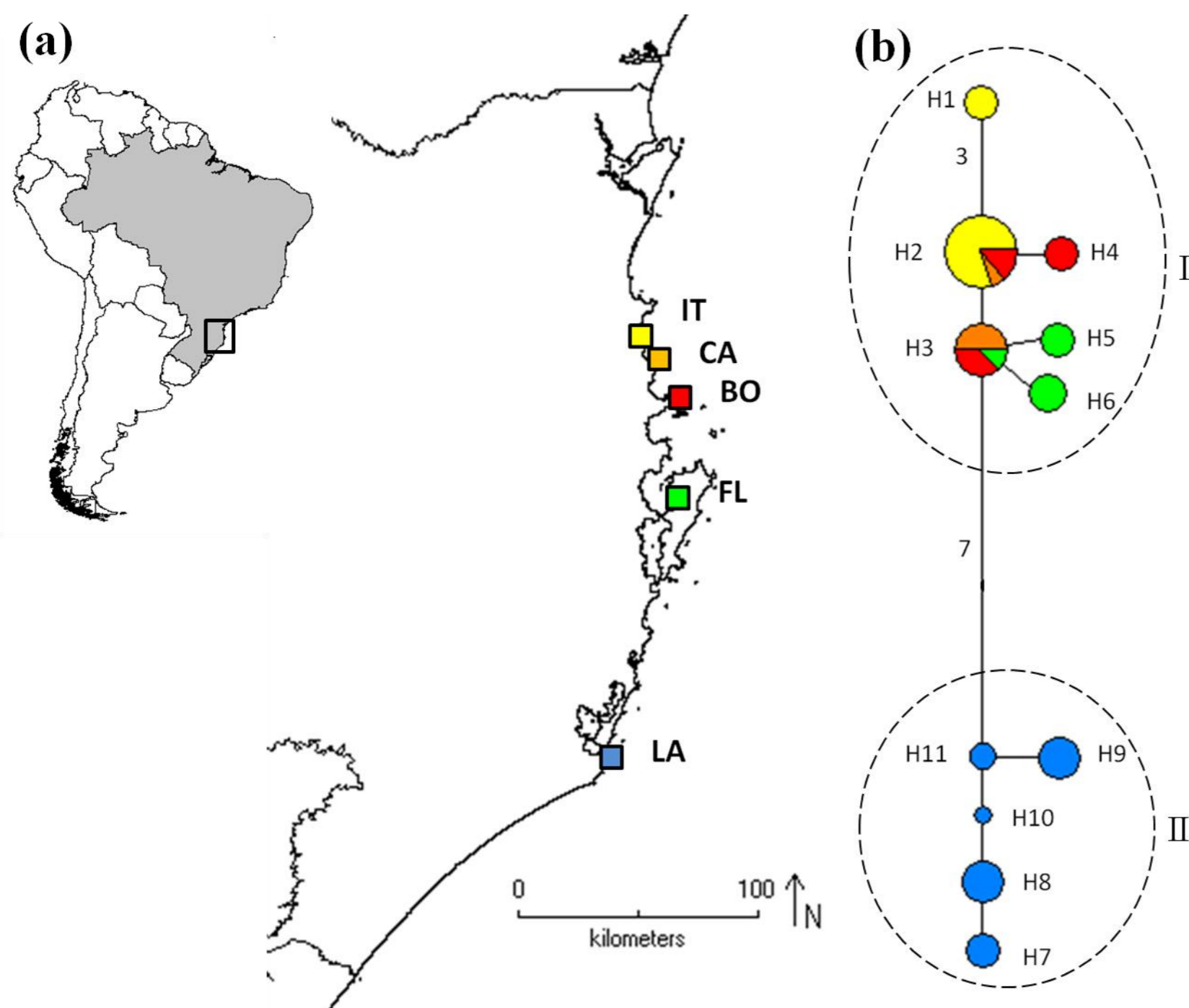


Figura 2: Populações de *Aechmea kertesziae* com seus relacionamentos haplotípicos para DNA plastidial. (a) Populações amostradas: Itajaí (IT), Camboriú (CA), Bombinas (BO), Florianópolis (FL) e Laguna (LA). (b) Rede ligando os 11 haplótipos encontrados pelo método *median joining*. Números laterais indicando os passos mutacionais necessários para explicar as transições entre haplótipos; linhas sem números indicam um único passo mutacional;

Tabela 1: Diversidade genética nuclear e plastidial nas populações de *Aechmea kertesziae* incluindo número de alelos (A), alelos privados (A_p), riqueza alélica (R_s), heterozigosidades observada (H_o) e esperada (H_e), coeficiente de endocruzamento (F_{IS}), número de haplótipos (NH), diversidade haplotípica (h) e diversidade nucleotídica (π).

ID	nrDNA						cpDNA		
	A	A_p	R_s	H_o	H_e	F_{IS}	NH	h	π
IT	57	2	5,91	0,592	0,702	0,191**	2	0,342	0,0006
CA	-	-	-	-	-	-	2	0,400	0,0002
BO	61	8	5,64	0,550	0,661	0,221**	3	0,750	0,0006
FL	57	3	5,97	0,639	0,728	0,131**	3	0,678	0,0006
LA	73	8	7,22	0,691	0,746	0,075**	5	0,800	0,0006

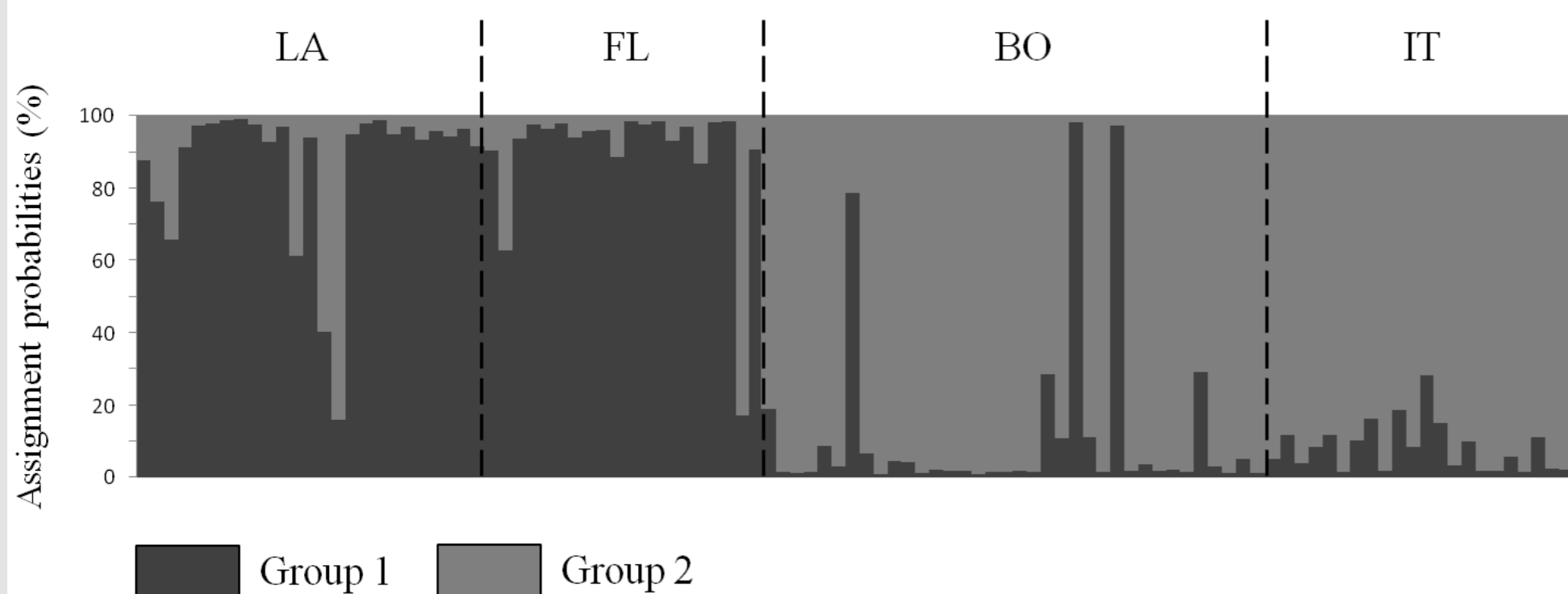


Figura 3: Estruturação populacional em *Aechmea kertesziae* para um modelo de $K = 2$ (dois grupos genéticos) identificados pelo programa STRUCTURE.

Aechmea kertesziae (Reitz) (Fig.1) é característica e exclusiva da zona da floresta Pluvial Atlântica, onde apresenta restrita distribuição geográfica, encontrada desde o Vale do Itajaí até Laguna em Santa Catarina. Atualmente apenas quatro pequenas populações dessa espécie são conhecidas. É pouco exigente quanto à umidade do ar, ocorrendo principalmente na vegetação arbustiva da restinga como rupícula ou epífita. É uma planta sem caule, com presença de estolões, inflorescência simples, fruto do tipo baga, florescendo nos meses de abril, e de julho a novembro.



Figura 1: *Aechmea kertesziae*. a) Indivíduo. b) Inflorescência.

Metodologia:

- ✓ 108 indivíduos amostrados nas 5 populações em Santa Catarina (Fig.1)
- ✓ Foram usados nove marcadores nucleares de microssatélite e dois espaçadores intergênicos plastidiais para a caracterização da diversidade genética em *A. kertesziae* estimada através dos seguintes parâmetros: número de alelos (A), alelos privados (A_p), riqueza alélica (R_s), heterozigosidades observada (H_o) e esperada (H_e), coeficiente de endocruzamento (F_{IS}), número de haplótipos (NH), diversidade haplotípica (h) e diversidade nucleotídica (π).
- ✓ A estruturação foi avaliada através de uma análise bayesiana de agrupamentos para os dados nucleares, pela rede de haplótipos para os dados plastidiais e pela análise de variância molecular (AMOVA) para ambos.
- ✓ Hipóteses de expansão e redução populacional foram testados através do excesso de heterozigosidade usando o método de coalescência para dados nucleares, e através dos testes de neutralidade D de Tajima e F_s de Fu para DNA plastidial.
- ✓ Programas utilizados:

FSTAT 2.9.3; MSA 4.00; GENEPOP ON THE WEB; ARLEQUIN 3.1.1; STRUCTURE 2.3.4; BOTLENECK1.2.02; MUSCLE – MEGA 5.05; NETWORK 4.6; DNAsp;

Resultados e Discussão

A. kertesziae apresentou altos índices de diversidade genética, tanto nuclear ($R_s = 6,19$; $H_o = 0,618$; $H_e = 0,709$; Tabela 1) como plastidial ($h = 0,796$; $\pi = 0,0025$ e 11 haplótipos). Uma estruturação genética moderada foi observada com marcadores nucleares, ($F_{ST} = 0,110$). Dois grupos foram identificados tanto segundo as análises de cpDNA (centro-norte e sul) quanto para as de microssatélites nucleares (norte e centro-sul) (Fig. 2 e 3). Nenhuma redução ou expansão populacional foi detectada com os marcadores utilizados.

Esses resultados demonstram que as populações de *A. kertesziae* permaneceram estáveis ao longo do tempo, não tendo sofrido fragmentação devido às oscilações climáticas do Pleistoceno. Entretanto, alterações nos níveis do mar durante o Holoceno podem ter sido responsáveis pela separação da população de LA das demais.

A alta diversidade genética observada é importante para a manutenção da espécie em longo prazo, mas estratégias de conservação precisam ser implementadas para evitar o aumento da diferenciação genética e conservar os altos índices de diversidade encontrados para *A. kertesziae*.