

## 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.

## 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 ( $\pi$ ).
- ✓ 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;

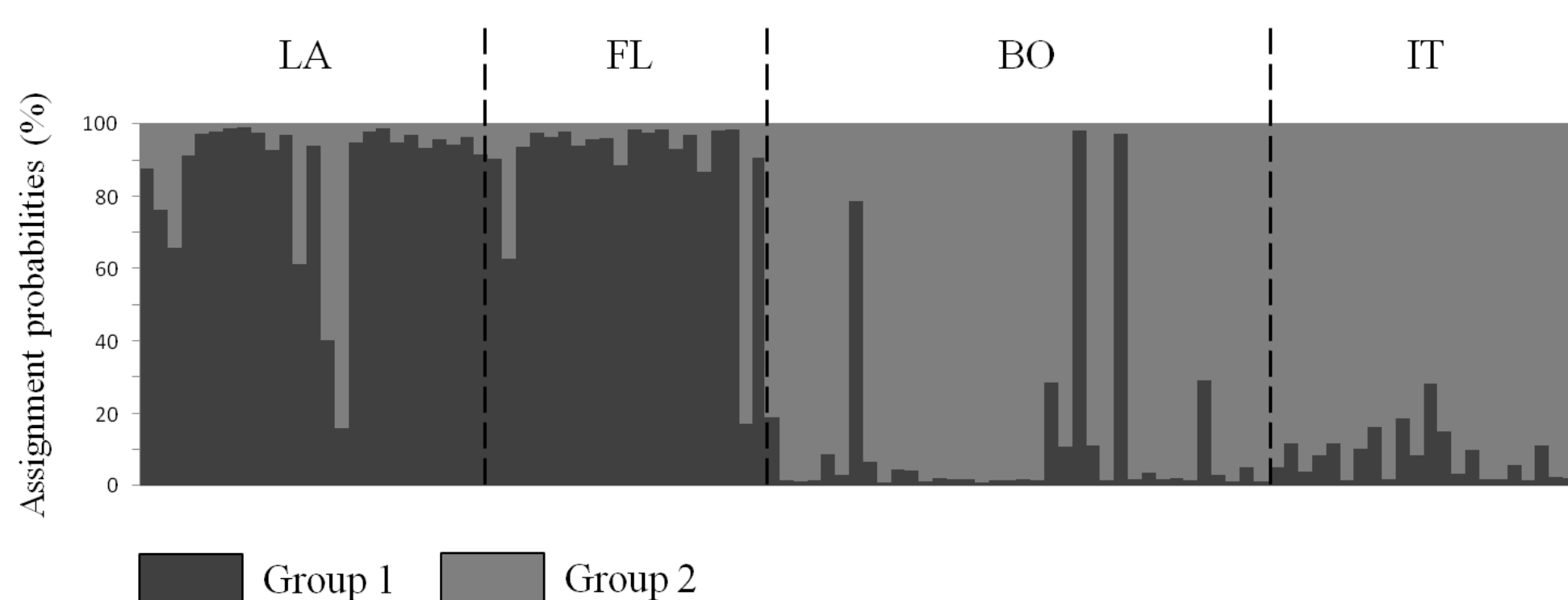


Figura 2: Estruturação populacional em *Aechmea kertesziae* para um modelo de  $K = 2$  (dois grupos genéticos) identificados pelo programa STRUCTURE.

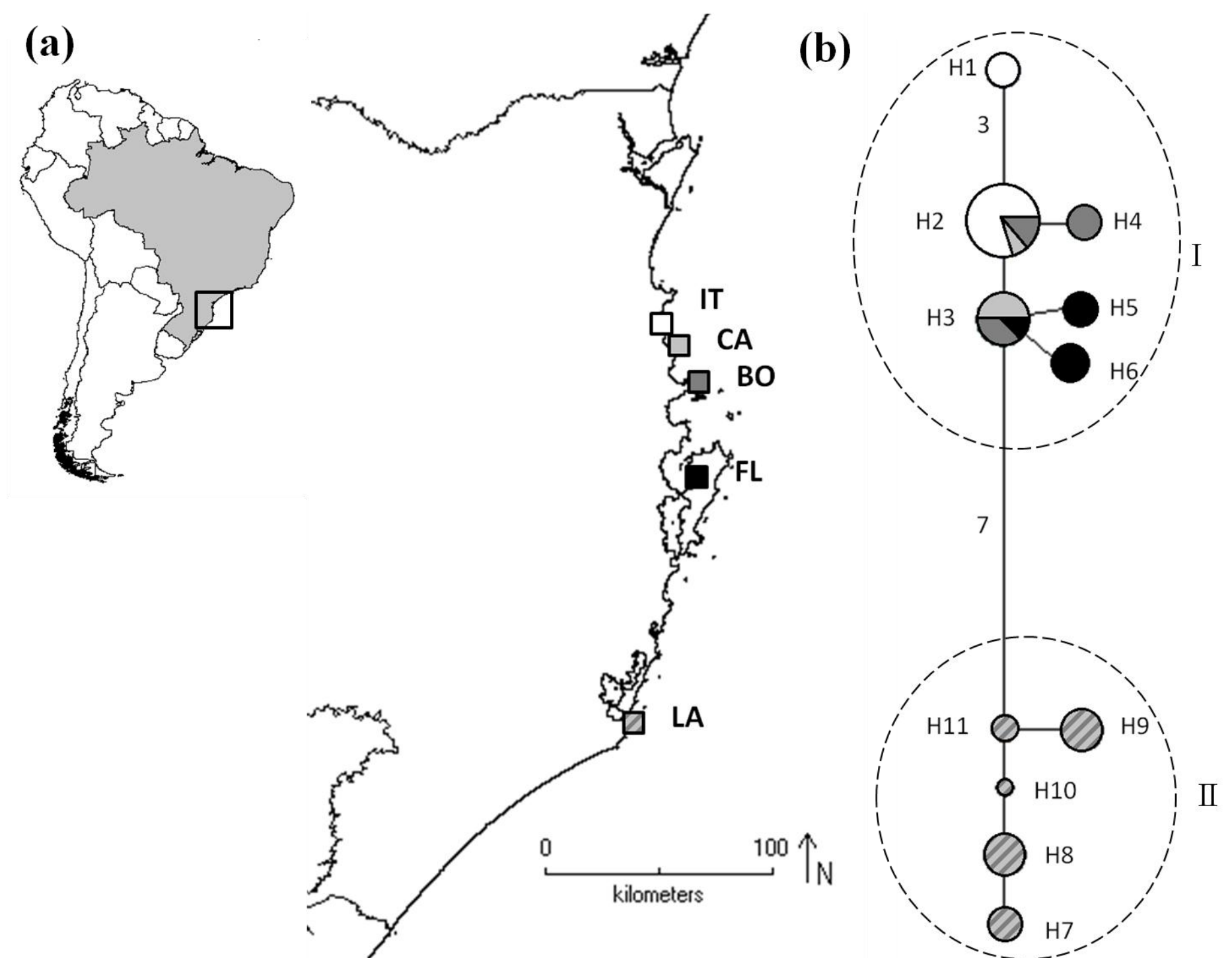


Figura 1: Mapa mostrando todas as populações conhecidas de *Aechmea kertesziae* e o relacionamento dos haplótipos de DNA plastidial. (a) Populações amostradas: Itajaí (IT), Camboriú (CA), Bombinhas (BO), Florianópolis (FL) e Laguna (LA). (b) Rede ligando os 11 haplótipos encontrados pelo método *median joining*. O número ao lado das linhas indica o número de passos mutacionais necessários para explicar as transições entre os haplótipos; as linhas sem números indicam um único passo mutacional; as cores dentro dos gráficos setoriais correspondem às cores indicadas para as populações amostras.

## 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, ( $F_{ST} = 0,110$ ), e dois grupos (centro-norte e sul) foram identificados segundo as análises de cpDNA. 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. A alta diversidade genética observada é importante para a manutenção da espécie em longo prazo, entretanto, estratégias de conservação precisam ser implementadas para evitar o aumento da diferenciação genética e conservar os altos índices de diversidade encontrados para *A. kertesziae*.

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 ( $\pi$ ).

ID	nrDNA						cpDNA		
	A	$A_P$	$R_S$	$H_O$	$H_E$	$F_{IS}$	NH	$h$	$\pi$
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

\*\* Valores estatisticamente significativos para  $P < 0,001$ , indicando que as populações não estão em Equilíbrio de Hardy-Weinberg.