



XIII Congresso de ECOLOGIA

III International Symposium of Ecology and Evolution

Múltiplas ecologias: evolução e diversidade

08 a 12 de outubro de 2017 • UFV - VIÇOSA | MG

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *PITCAIRNIA BURCHELLII* MEZ. (BROMELIACEAE) NO CERRADO

Vanessa Araujo Graciano^{1*}, Bárbara Simões Santos Leal¹, Cleber Juliano Neves Chaves¹, Clarisse Palma-Silva¹

1. Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, São Paulo, Brasil; 2. Departamento de Ecologia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, São Paulo, Brasil. *nessa.araujo@hotmail.com

Evolução/Pôster

O Cerrado é o segundo maior bioma Neotropical em extensão e a savana mais rica em espécies do mundo. Apesar de existirem estudos prévios de diversificação de plantas no Cerrado, pouco se sabe a respeito de padrões de estruturação genética de herbáceas ocorrendo nessa região. O objetivo geral desse estudo foi descrever a diversidade e estrutura genética de populações de *Pitcairnia burchellii* ao longo da sua distribuição no Cerrado utilizando marcadores microssatélites. Para isso, um total de 274 amostras de folhas provenientes de 19 populações de *P. burchellii* foram coletadas e o DNA total genômico foi extraído. Oito marcadores microssatélites, previamente descritos para outras espécies de bromélias, foram amplificados por PCR e genotipados em sequenciador automático. Os resultados apontam para uma diversidade genética extremamente baixa, altos níveis de endogamia e alta estruturação entre as populações analisadas. As heterozigosidades observada e esperada variaram de 0,020 a 0,630 e de 0 a 0,605, respectivamente, e a riqueza alélica de 8,167 a 29,544. Os valores estimados para o coeficiente de endogamia foram significantes e variaram de -0,023 a 1. A análise de estrutura Bayesiana apontou K=18 como o melhor número de agrupamentos. A PcoA, por sua vez, agrupou as populações em três grupos geograficamente divergentes. Apesar da maior parte da variância genética estar entre populações ($F_{ST} = 0,72$, $p < ,001$), a AMOVA indica significativa diferenciação quando contrastados esses três agrupamentos ($F_{CT} = 0,27$, $p < ,001$). Os baixos níveis de diversidade genética aqui descritos podem ocorrer devido aos recentes eventos de bottleneck e/ou uma consequente alta proporção de endocruzamento. Os altos níveis de estruturação genética sugerem um fluxo gênico restrito entre as populações e/ou pronunciam os efeitos da endogamia, indicando a deriva genética como uma importante força evolutiva modelando a diversificação dessa espécie.

Os autores agradecem a PROPE 001/2014 e a FAPESP 2014/15588-6 pelo suporte financeiro.