Seção: Genética

ALTA VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES FRAGMENTADAS DE *Cattleya xanthina* (Lindl.) Van Den Berg (Orchidaceae), ESPÉCIE ENDÊMICA DA MATA ATLÂNTICA

Patrícia Cristina Lemos GOMES (1)
Cláudio Nicoletti de FRAGA (2)
Eric de Camargo SMIDT (1)
Viviane da SILVA-PEREIRA (1)

Cattleya xanthina é uma orquídea endêmica da Mata Atlântica, da região sudeste do Brasil e está em risco de extinção. Informações sobre variabilidade e estrutura genética das populações relictuais foram acessadas através de marcadores moleculares dominantes (ISSR - *Inter Simple Sequence Repeater*), objetivando definir o *status* de conservação genética dessas populações. Foram utilizados todos os 102 indivíduos das cinco populações conhecidas (12 a 44 indivíduos por população), no Estado do Espírito Santo, abrangendo praticamente toda a distribuição geográfica da espécie. Foram testados 25 *primers*, destes, seis *primers* apresentaram boa resolução e amplificação. Estes *primers* geraram 82 fragmentos, dos quais 97,56% são *loci* polimórficos no nível específico e entre 64,63 e 96,34% no nível populacional. *C. xanthina* apresentou alta variabilidade genética (H_e = 0,245; *I* = 0,352) e alta similaridade genética entre as populações, com distância genética de Nei variando entre 0,005 e 0,054. A população que apresentou maior variabilidade genética (H_e = 0,302; *I* = 0,450) foi também a que possui o maior número de indivíduos. Análises de AMOVA indicaram que a maior parte da variabilidade está representada dentro das populações (91%), configurando ausência de estruturação genética com F_{ST} = 0,092 (*P* > 0,001). As análises Bayesianas corroboraram com estes resultados indicando que as populações amostradas pertencem a um único contingente populacional. Esta coesão genética indica que provavelmente a fragmentação atual ocasionada pela urbanização e agricultura é um processo recente em relação ao tempo evolutivo necessário ao isolamento genético entre estas subpopulações. Portanto, verifica-se que os remanescentes populacionais preservam variação genética próxima da total encontrada para a espécie, conforme revela o marcador molecular ISSR, adequado à investigação neste nível geográfico e temporal.

Palavras-chave: conservação, estrutura genética, fragmentos populacionais

Créditos de Financiamento: CAPES, Cenpes-Petrobrás, CNPq

(1) Universidade Federal do Paraná – UFPR - Curso de Pós-graduação em Botânica - Caixa Postal 19031, CEP 81531-980 - Curitiba – Paraná
(2) Instituto de Pesquisa Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Diretoria de Pesquisa Científica, Rio de Janeiro, RJ, Brasil