



UNIVERSIDADE REGIONAL INTEGRADA DO ALTO URUGUAI
E DAS MISSÕES - CAMPUS DE ERECHIM
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA

DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *Maytenus dasyclada*
Mart. (Celastraceae) DO RIO GRANDE DO SUL E DE SANTA CATARINA

DISCENTE: MANUEL CASTILHOS REICHMANN

ORIENTADORES: LUIZ UBIRATAN HEPP. ROZANE MARIA RESTELLO.

DATA DE DEFESA: 02/05/2012

Este trabalho teve como objetivo investigar, analisar e obter conhecimentos sobre a estrutura e a diversidade genética em populações naturais de *Maytenus. Dasyclada* Mart., comparando-se populações provenientes de diferentes locais e populações próximas entre si nos estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina. Foram utilizados dois marcadores, um molecular (RAPD) e outro bioquímico (isoenzimas), focando em sete populações distribuídas por diferentes regiões do sul do Brasil. Construiu-se dendrogramas de similaridade, foram calculadas as frequências alélicas, os índices de diversidade genética, percentagem de *loci* polimórficos, número aparente e efetivo de alelos por população, índice de Shannon, heterozigosidades observada e esperada, estatísticas F de Wright, fluxo gênico e distâncias genéticas. Foi feita a Análise de variância molecular AMOVA, análise dos componentes principais PCA e Análise de Regressão Linear Múltipla (Teste de Mantel). Em relação a análise por RAPD, os treze *primers* selecionados, resultaram em 115 bandas, sendo que 102 destas foram polimórficas (88,69%), enquanto 13 mostraram-se monomórficas (11,30%). As populações com maiores taxas de polimorfismo foram, FLONA III (78,88%) e Encruzilhada do Sul (74,41%), seguida de Lages (61,42%). A similaridade entre todas as plantas avaliadas variou entre 0,47 e 0,90. O índice de Shannon obtido para todos os indivíduos estudados foi de 2,66. As análises isoenzimáticas perfizeram um total de 15 *loci* passíveis de interpretação. Destes, 58,76% apresentaram-se polimórficos e 41,24% monomórficos. A população FLONA II obteve a maior percentagem de *loci* polimórficos (73,33%), não diferindo muito das populações FLONA I (66,67%) e FLONA III (66,67%) que apresentaram valores iguais e são os maiores valores encontrados entre as sete populações. A análise de variância molecular AMOVA mostrou que 43% da variabilidade genética está entre as populações e 57% está dentro das populações. Analisando a distância genética de Nei em função da distância geográfica podemos perceber uma correlação positiva e significativa ($p = 0,031$), o que também ocorre com a distância genética de Nei em função da diferença de altitude ($p = 0,008$). Podemos concluir que dentre todas, as populações da FLONA são as que apresentam de maneira geral um melhor estado de conservação, mais especificamente a população FLONA I.

Palavras-chave: Celastraceae. Marcadores genéticos. Diversidade genética.