

Introdução

Juntamente com abordagens ecológicas, as abordagens genéticas têm um papel fundamental na avaliação da biodiversidade e conservação de ambientes. Para acessar a variabilidade genética de três populações de *Drosophila polymorpha*, oriundas de unidades de conservação (UC) do Estado, foram escolhidos dois marcadores moleculares, sendo um de DNA nuclear (gene *period*) e outro mitocondrial (Citocromo oxidase I-COI). O presente trabalho faz parte de um projeto maior que também inclui análises ecológicas sobre a diversidade de drosophilídeos nestas UCs. Os resultados deste trabalho contribuirão para um melhor entendimento da dinâmica de populações de *Drosophila* em ambientes de Mata Atlântica, e a avaliar o estado de conservação destes fragmentos florestais no Estado.

Resultados e Discussão

As coletas das amostras foram feitas em três unidades de conservação: a Reserva Biológica Estadual da Canela Preta, Reserva Biológica Estadual do Aguai e o Parque Estadual da Serra do Tabuleiro. Foi extraído o DNA genômico total de 12 machos por população. Usando as sequências gênicas dos marcadores, amplificados por PCR e sequenciados, diferentes softwares foram usados para as análises de polimorfismo intra e interpopulacional, testes de neutralidade, cálculo de *Fst* e construção de redes de haplótipos. Com o marcador *period* foi analisado um fragmento de 660pb que produziu 14 haplótipos, considerando os 36 indivíduos das três populações. Foi produzida uma rede de haplótipos que mostra uma falta de clusterização por população. A maior parte dos haplótipos encontrados nas três populações são representados por um único indivíduo, pois a maior parte do polimorfismo nesta sequência não é compartilhado entre as populações, entretanto, 20 dos 36 indivíduos analisados compartilham o mesmo haplótipo (considerado o ancestral). A população que apresentou a maior diversidade de nucleotídeos foi Aguai ($\pi = 0,00292$), e Canela Preta a que apresentou a menor diversidade ($\pi = 0,00076$). Os valores do índice de *Fst* comparando as populações entre si indicam uma falta de estruturação genética das mesmas, sendo que o maior valor encontrado foi entre as populações Aguai e Canela Preta (*Fst* = 0,0255), que são as mais afastadas geograficamente. A maior parte dos testes de neutralidade apresentam desvios negativos e significativos, principalmente quando as populações são analisadas juntas.

Com o marcador *COI* foi analisado um fragmento de 663pb, que produziu 6 haplótipos, pois há muito polimorfismo compartilhado entre as populações, e a topologia da rede também não mostra uma clusterização por população. A população que apresentou a maior diversidade de nucleotídeos foi Canela Preta ($\pi = 0,00288$), e a menor diversidade encontrada foi em Aguai ($\pi = 0,00171$). Apesar do menor número de haplótipos encontrados a diversidade média de nucleotídeos com este marcador ($\pi = 0,00261$) foi maior do que a diversidade média no marcador *period* ($\pi = 0,00182$). Com relação aos valores de *Fst*, Canela Preta e Aguai, que são as mais distantes geograficamente, não apresentam diferenciação genética. As comparações Canela Preta e Tabuleiro (*Fst* = 0,1378; *P* = 0,047), assim como Aguai e Tabuleiro (*Fst* = 0,1535; *P* = 0,043), apresentaram diferenças significativas, mostrando que entre estas populações já há alguma diferenciação genética neste marcador. As discrepâncias encontradas quando se compara os resultados de *Fst* de ambos os marcadores podem ser explicadas pela diferença no nível de ploidia entre eles, que influencia o tempo de coalescência e a forma de como eles reconstruem as relações entre os grupos. Já os testes de neutralidade não apresentaram desvios significativos.

Conclusões

-A similaridade genética das 3 populações com o marcador *period* é causada provavelmente por seleção purificadora, visto que foi encontrado um baixo polimorfismo de nucleotídeos, a maior parte dos indivíduos das 3 populações compartilham o mesmo haplótipo, e uma análise de *skyline plot* não mostrou alterações nos tamanhos populacionais nos últimos 125mil anos, que justificasse possíveis eventos de expansão ou contração populacional.

-Os valores significativos de *Fst* encontrados com o marcador *COI* entre as populações Tabuleiro e Aguai (*Fst* = 0,1535), e Tabuleiro e Canela Preta (*Fst* = 0,1378), podem significar um início de diferenciação genética entre estas populações, como resultado da fragmentação das florestas no Estado e dos corredores ecológicos que as interligam, que com o tempo pode acabar isolando estas populações de *Drosophila* e de outras espécies destes ambientes.

Palavras-chave

Drosophila polymorpha, *period*, citocromo oxidase I

Autorização legal

Autorização de Coleta N° 28945-1 (FATMA-SC).

Instituições de apoio

