



**Estrutura genética de populações de *Encholirium subsecundum*,
E. biflorum e *E. pedicellatum* (Bromeliaceae), espécies
endêmicas dos campos rupestres da Cadeia do Espinhaço.**

MARCELO MATTOS CAVALLARI – UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
MARIA IMACULADA ZUCCHI - UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
RAFAELA CAMPOSTRINI FORZZA - JARDIM BOTÂNICO DO RIO DE JANEIRO
GIANCARLO CONDE XAVIER OLIVEIRA - UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

mmcavall@ibb.unesp.br

Encholirium é um gênero de Bromeliaceae com centro de diversidade na Cadeia do Espinhaço de Minas Gerais. Possui 23 espécies, das quais 12 não estão protegidas por nenhuma Unidade de Conservação. *E. pedicellatum* e *E. biflorum* são espécies conhecidas por apenas uma população cada, ambas de tamanho muito reduzido e ocorrendo fora de Unidades de Conservação, enquanto *E. subsecundum* apresenta várias populações ao longo do Espinhaço de Minas Gerais. O objetivo deste trabalho foi conhecer a diversidade genética molecular existente em cada uma das espécies, bem como entender como esta diversidade está distribuída. Foram amostradas quatro populações de *E. subsecundum*, além das únicas populações conhecidas de *E. biflorum* e *E. pedicellatum*. Utilizaram-se cinco primers RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) para gerar aproximadamente 60 bandas polimórficas para cada espécie. A técnica permitiu observar que cada indivíduo amostrado apresenta um genótipo diferente (com exceção de um clone encontrado para *E. biflorum*), evidenciando uma diversidade anteriormente subestimada pelo hábito clonal das plantas e pelo tamanho reduzido das populações. A porcentagem de bandas polimórficas, bem como o Índice de Diversidade de Shannon-Wiener, indicam que a espécie *E. subsecundum*, de distribuição mais ampla, apresenta maior diversidade genética molecular, seguida de *E. biflorum*. Através da Análise de Variância Molecular, AMOVA, observou-se forte estruturação genética em nível de agrupamentos de plantas em *E. biflorum* e *E. pedicellatum* ($\Phi_{st} = 0,16$ e $\Phi_{st} = 0,08$, respectivamente). Em *E. subsecundum* obteve-se um valor próximo ($\Phi_{st} = 0,15$), porém para o nível de populações. Nas três espécies, as diferenças genéticas moleculares existentes entre os indivíduos do mesmo agrupamento são responsáveis pela maior parte da variabilidade genética molecular total (maior do que 80% da variabilidade nos três casos), resultado esperado para espécies alógamas. Os resultados permitem especulações sobre a biologia reprodutiva destas espécies, e podem auxiliar no desenvolvimento de estratégias de conservação.