

Variabilidade genética de *Nephila clavipes* (Araneae: Nephilidae) em fragmentos de Mata Atlântica no litoral do Estado de São Paulo



Costa, SCS*; Bartoletti, LFM; Solferini, VN

Inst. Biologia, UNICAMP

*stefannycosta3@gmail.com

Palavras-chave: *Nephila clavipes* - Mata Atlântica – fragmentação - fluxo gênico



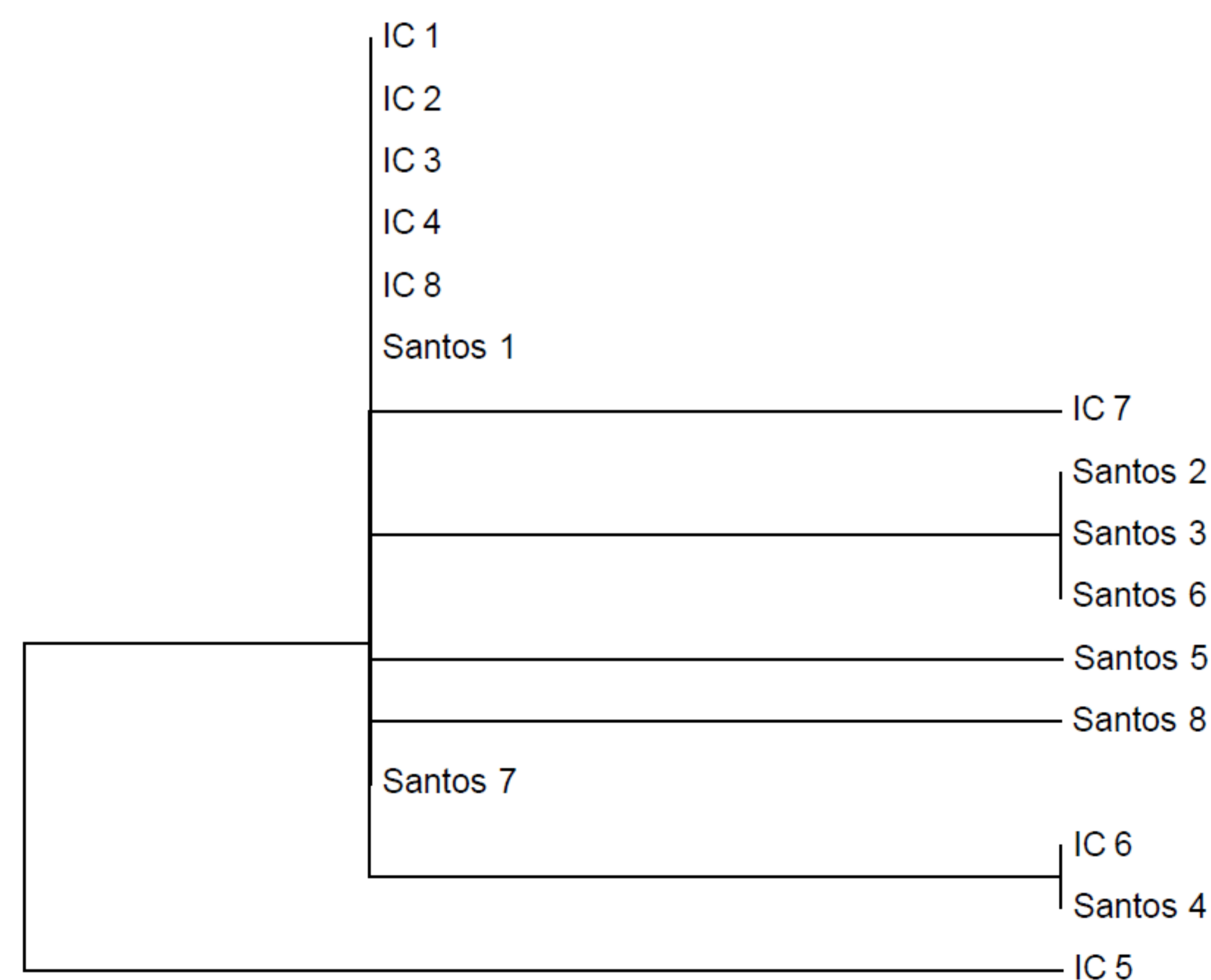
A Mata Atlântica é um bioma brasileiro de rica diversidade que já sofreu grandes perdas devido à fragmentação ambiental. Tal fragmentação pode fazer com que populações que habitam esses biomas tornem-se isoladas e sofram processos como deriva genética e endogamia, resultando em estruturação genética. Para este estudo foi escolhida *Nephila clavipes*, uma aranha de ampla distribuição na Mata Atlântica que faz grandes teias douradas e possui mecanismos de dispersão como o balonismo e o cursorial. O objetivo do projeto foi estudar os padrões de variabilidade e estruturação genética em populações de fragmentos de Mata Atlântica no litoral do Estado de São Paulo.

Resultados e Discussão

Variabilidade genética

População	N	h	s	Hd (d.p.)	π (d.p.)
Ilha do Cardoso	8	4	4	0,6429 (0,1841)	0,001592 (0,001357)
Santos	8	5	4	0,8571 (0,1083)	0,002047 (0,001626)
Total	16	7	7	0,792 (0,089)	0,00188 (0,0004)

O valor de F_{ST} entre as populações não foi significativo.



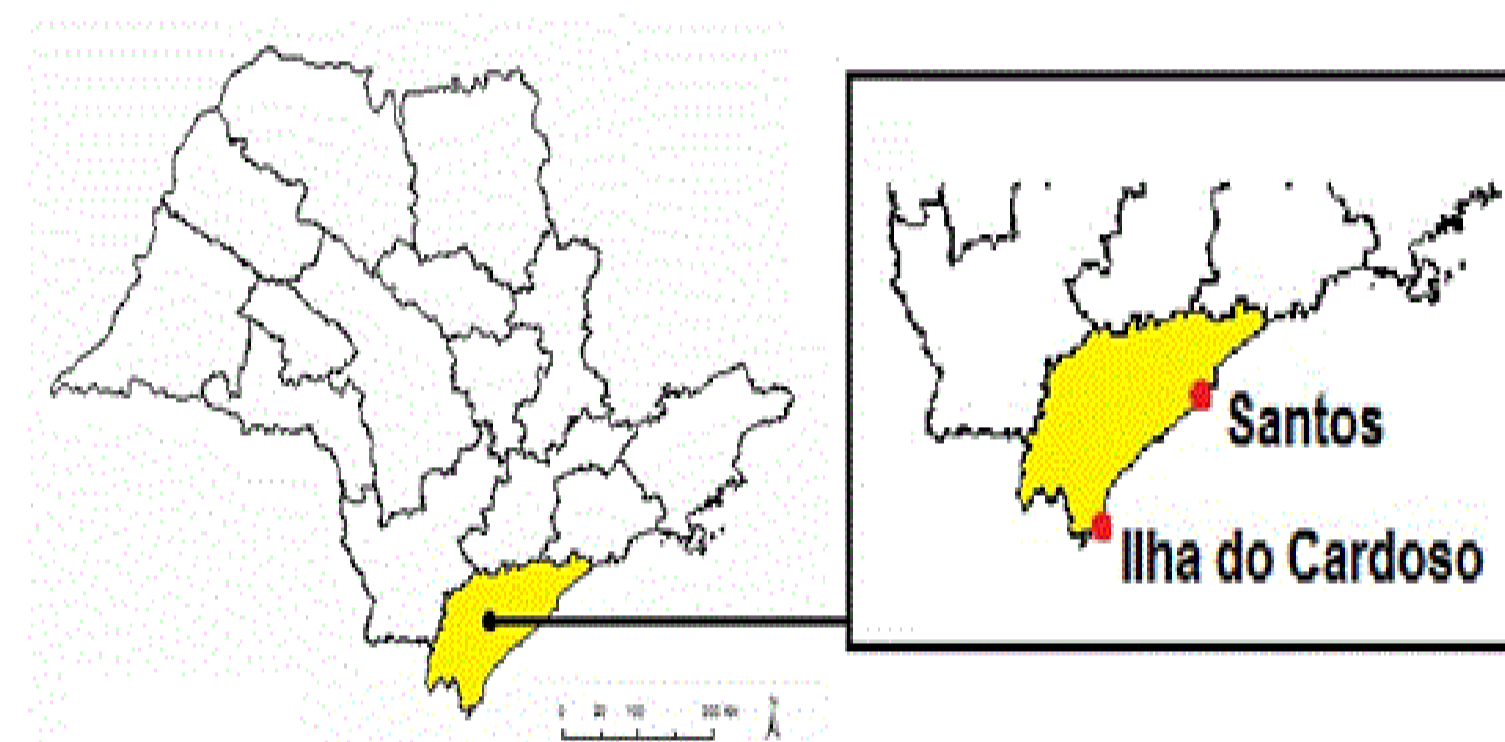
Árvore de Máxima Verossimilhança



Nephila clavipes

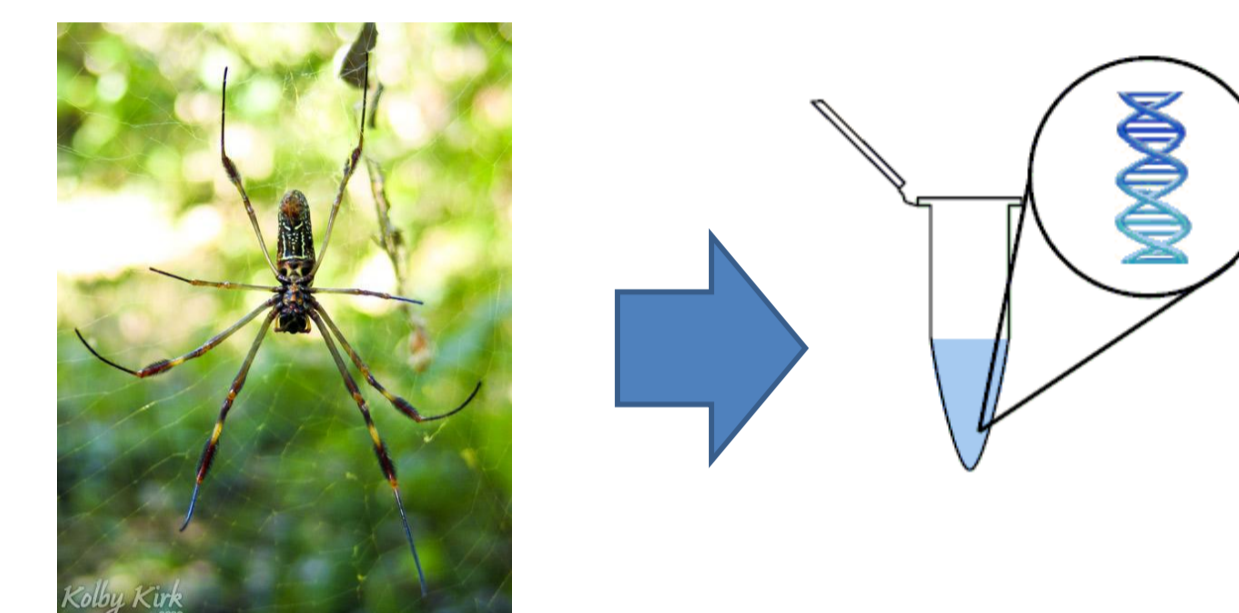
Metodologia

coletas

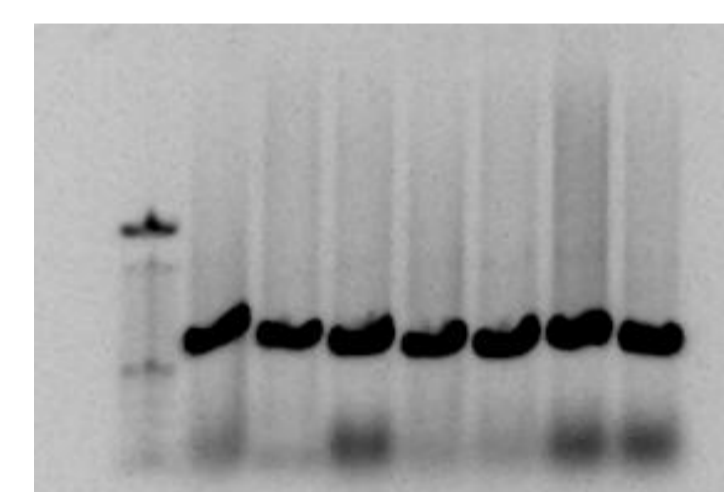


- 8 indivíduos por população

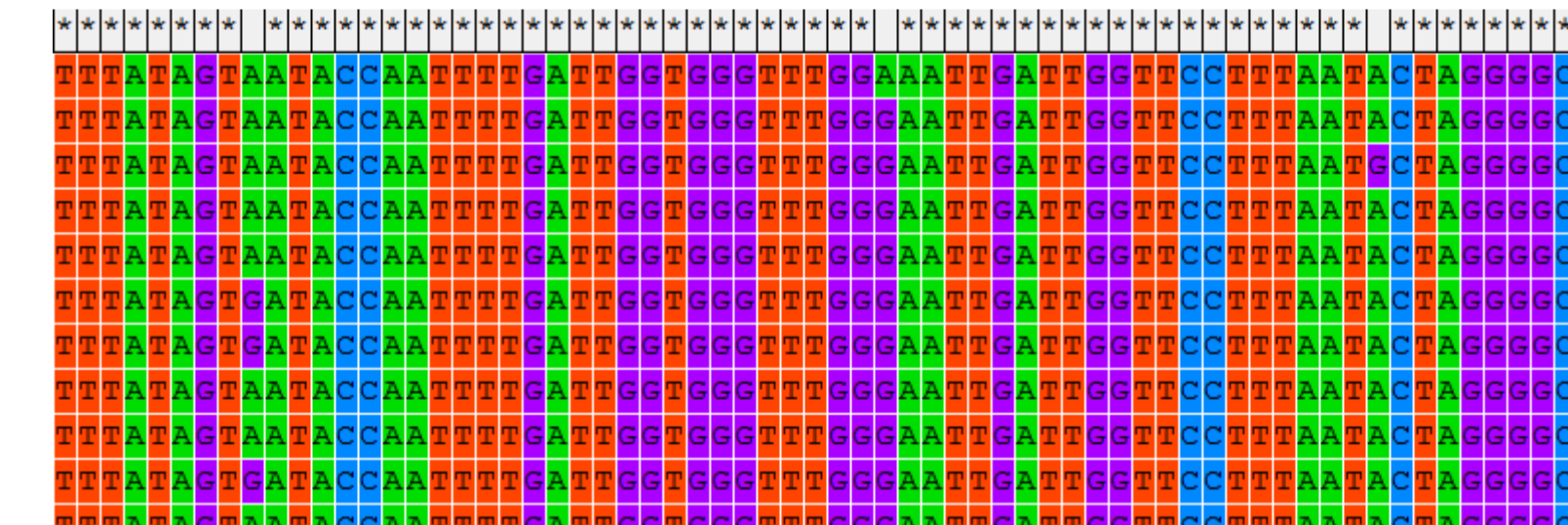
extração de DNA



amplificação do gene COI



sequenciamento do gene COI



Conclusões

- *Nephila clavipes* é uma aranha de grande abundância na região sudeste e facilmente coletável, o que a torna um bom organismo para estudos genéticos;
- O mtDNA foi um marcador satisfatório, devido à sua facilidade de amplificação com os *primers* descritos e de análise;
- Os valores não significativos de F_{ST} e topologia da árvore de máxima verossimilhança mostram ausência de estruturação entre as populações, mesmo com distância de 210 km entre elas;
- Esse padrão pode ser explicado pela manutenção da conectividade por fluxo gênico.

