

## Estrutura genética espacial e fluxo gênico em populações fragmentadas de *Protium spruceanum*

(Benth.) Engler

Fábio de Almeida Vieira<sup>1</sup> & Dulcinéia de Carvalho<sup>2</sup>

Departamento de Ciências Florestais - Universidade Federal de Lavras

<sup>1</sup>vieirafa@yahoo.com.br, <sup>2</sup>dulce@ufla.br

### Introdução

A distribuição espacial da variabilidade genética dentro de populações naturais de plantas pode influenciar significativamente os processos evolutivos e ecológicos das espécies, resultando em agregados de genótipos específicos (Shapcott, 1995). Tal estrutura pode ser determinada pela dispersão de pólen e sementes, habitat de distribuição e seleção micro ambiental (Loiselle et al., 1995). Isto porque a frequência alélica na próxima geração será influenciada pelo número de indivíduos que efetivamente trocarão alelos entre si. Especialmente em populações de tamanho reduzido, a taxa de homozigotos tenderá a crescer com a autofecundação, assim como os cruzamentos de indivíduos aparentados que ficaram próximos em decorrência de dispersão de pólen e sementes a curta distância. Estes cruzamentos, segundo Wright (1978), proporcionam a formação de demes panmíticos e reduzem a proporção de heterozigotos na população, a qual pode ser quantificada pelo índice de fixação, a partir do teorema de Hardy-Weinberg. O presente estudo visou determinar o fluxo gênico e a distribuição espacial dos genótipos em populações naturais fragmentadas de *Protium spruceanum* com diferentes tamanhos populacionais.

### Material e Métodos

Foram analisadas quatro populações de *P. spruceanum* em remanescentes florestais localizados na cidade de Lavras, região do Alto Rio Grande, sul de Minas Gerais. A espécie *P. spruceanum* (Burseraceae), conhecida como breu, é uma planta arbórea secundária, seletiva higrófila e com síndromes de entomofilia e ornitocoria. A vegetação local pode ser definida como uma disjunção do bioma cerrado, inserida dentro da área de distribuição das florestas estacionais semidecíduais do Sudeste brasileiro (Castro, 2004). A cobertura vegetal da região encontra-se reduzida a remanescentes de vegetação primitiva, já que sua ocorrência coincide com solos mais férteis e úmidos e, portanto, mais visados pela agropecuária. A área dos remanescentes e a densidade de indivíduos de *P. spruceanum* (Castro, 2004) são, respectivamente, população 1 (7,2 ha e 50,0 ind.ha<sup>-1</sup>), população 2 (11,8 ha e 8,3 ind.ha<sup>-1</sup>), população 3 (1,0 ha e 850,0 ind.ha<sup>-1</sup>) e população 4 (7,8 ha e 175,0 ind.ha<sup>-1</sup>). A distância entre as populações varia entre 630 m (populações 3 e 4) e 1323 m (populações 2 e 4). A partir do emprego de marcadores isoenzimáticos, revelados pela eletroforese em gel de poliacrilamida, realizou-se a caracterização genética das populações analisadas, seguindo-se as recomendações de Alfenas et al. (1991). Para isto, dez locos isoenzimáticos polimórficos foram utilizados para estimar as frequências alélicas referentes a 30 indivíduos adultos de cada remanescente. Todos os indivíduos foram georeferenciados com auxílio de trena e bússola. Foram obtidas estimativas indiretas do número de migrantes a cada geração (fluxo gênico -  $N_m$ ) entre populações, bem como seus tamanhos efetivos intrapopulacionais e metapopulacional ( $N_e$ ), a estimativa do número de indivíduos que trocam alelos ao acaso (tamanho de vizinhança -  $N_b$ ) e a autocorrelação espacial dos genótipos por meio da estatística I de Moran. Estas análises foram realizadas com auxílio dos programas GDA (Lewis & Zaykin, 2000) e SGS (Degen, 2001). Testou-se ainda o modelo de isolamento pela distância, com a realização de um teste de Mantel, empregando-se o programa NTSYS 1.5 (Rohlf, 1989).

### Resultados e Discussão

Foram obtidas as frequências alélicas de 20 alelos distribuídos em 10 locos isoenzimáticos em cada população de *P. spruceanum*. Os índices de fixação ( $f$ ) variaram de -0,003 a -0,248 nos remanescentes analisados. Estes valores indicam provável ausência de endogamia nestas populações, refletindo o excesso de heterozigotos. Entretanto, na população 2 a proporção de indivíduos heterozigotos em relação a indivíduos homozigotos é menor (-0,003), quando comparada às outras populações ( $f < -0,169$ ). O tamanho efetivo intra e metapopulacional foi superior ao número de indivíduos amostrados ( $N_e > 30$ ), no entanto, a relação tamanho efetivo/tamanho amostral na população 2 foi menor ( $N_e/n = 1,0$ ), em virtude da menor heterozigosidade observada, indicando que um menor número de indivíduos participarão na produção da próxima geração. A divergência genética entre populações ( $?_p = 5,1\%$ ) está de acordo com a relatada em outras espécies arbóreas tropicais, ou seja, a maior proporção da variabilidade genética encontra-se dentro das populações (94,9%). Os pareamentos só foram estatisticamente significativos quando feitos incluindo a população 2 ( $?_p > 4,8\%$ ;  $p < 0,05$ ). Isto indica que as populações 1, 3 e 4 são mais similares entre si e tendem a divergir da população 2. Esse argumento pode ser sustentado pelo fato de que a população 3, que é a de

menor área, estar localizada entre as populações 1 e 4 e, provavelmente, atua como um “stepping-stone”. Considerando ainda que os frutos de *P. spruceanum* são dispersos por aves, e que as populações 1, 3 e 4, apresentam maior densidade de indivíduos da espécie (Castro, 2004), é provável que tais dispersores estejam definindo sua rota de alimentação visitando estas três populações. Os valores de fluxo gênico e tamanho de vizinhança ( $N_m > 9,46$ ;  $N_b > 59,52$ , respectivamente) entre as populações 1, 3 e 4 corroboram esta hipótese. Não foi detectada presença de estruturação espacial nas populações, o que sugere distribuição aleatória dos genótipos dentro delas. Contudo, na população 2 é possível observar uma mudança substancial pelos valores I de Moran distanciados de zero nas três primeiras classes de distâncias, tendendo a uma formação de estrutura familiar. Isto, provavelmente, está relacionado com o menor tamanho efetivo da população, ao baixo fluxo gênico ( $N_m < 4,53$ ) e vizinhança ( $N_b < 28,42$ ) com as outras populações e da baixa densidade de indivíduos de *P. spruceanum* (8,3 ind.ha<sup>-1</sup>) neste remanescente. Tais valores apontam para a ocorrência de efeitos de deriva genética em curto prazo na população 2. Peregini (2000) comenta que o arranjo espacial dos genótipos em estruturação de famílias pode ser causado por alguns fatores ecológicos como a restrita dispersão do pólen e sementes. Além disso, não foi detectada associação entre distâncias genéticas e distâncias geográficas ( $r_m = 0,30$ ;  $p > 0,05$ ), sugerindo que a divergência detectada entre populações não pode ser explicada pelo modelo de isolamento por distâncias.

### Conclusões

Os resultados indicam que remanescentes pequenos são importantes na paisagem fragmentada, desempenhando papel fundamental na conexão entre remanescentes maiores, o que contribui para o fluxo gênico entre as populações. A autocorrelação espacial dos genótipos demonstrou início de estruturação na população 2 de *P. spruceanum*, indicando isolamento genético em consequência do menor tamanho populacional e dos baixos valores do número de migrantes e de indivíduos que trocam alelos ao acaso. (Agradecimentos: FAPEMIG e CAPES)

### Referências bibliográficas

- Alfenas, A.C.; Peters, I.; Brune, V.; Passador, G.C. (1991). Eletroforese de proteínas e isoenzimas de fungos e essências florestais. UFV, Viçosa.
- Castro, G.C. (2004). Análise da estrutura, diversidade florística e variações espaciais do componente arbóreo de corredores de vegetação na região do Alto Rio Grande, MG. Lavras: UFLA, 83p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras.
- Degen B.; Petit R.; Kremer A. (2001). SGS-spatial genetic software: a computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. *Journal of Heredity* 92: 447-449.
- Lewis, P.O.; Zaykin, D. (2000). Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d15). <http://alleyn.eeb.uconn.edu/gda/2000>.
- Loiselle, B.A.; Sork, V.L.; Nason, J.; Graham, C. (1995). Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany* 82:1420-1425.
- Peregini, M.B. (2000) Diversidade genética em populações naturais de espécies de espinheira-santa, *Maytenus aquifolia* Mart. e *M. ilicifolia* Mart. ex Reiss. (Celastraceae). Piracicaba. 134p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- Rohlf, F.J. (1989). NTSYS-Pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exeter Publishers, New York.
- Shapcott, A. (1995). The spatial genetic structure in natural populations of the Australian temperate rainforest tree *Atherosperma moschatum* (Labill.) (Monimiaceae). *Heredity* 74: 28-38.
- Wright, S. (1978) Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations. Chicago: University of Chicago Press, 4, 423p.