



# ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL EM POPULAÇÕES NATURAIS DE *CARYOCAR BRASILIENSE* CAMB. NO NORTE DE MINAS GERAIS.

Afrânio Farias de Melo Júnior<sup>1</sup>, Fábio de Almeida Vieira<sup>1</sup>, Dulcinéia de Carvalho<sup>1</sup>, Joema Souza Rodrigues Póvoa<sup>1</sup>

Universidade Federal de Lavras - Departamento de Ciências Florestais [afarias@unimontes.br](mailto:afarias@unimontes.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. Especialmente em populações de tamanho reduzido, a taxa de homocigotos tenderá a crescer com a autofecundação, assim como os cruzamentos de indivíduos aparentados que estão próximos em decorrência de dispersão de pólen e sementes a curta distância. Estes cruzamentos proporcionam a formação de demes panmíticos e reduzem a proporção de heterocigotos na população (Wright, 1978), a qual pode ser quantificada pelo índice de fixação, a partir do teorema de Hardy-Weinberg. Paralelamente, a estrutura espacial dos genótipos tem sido analisada a partir de estimativas de parentesco ou coeficientes de coancestralidade (Ritland, 1996). O presente estudo visou determinar a distribuição espacial dos genótipos em populações naturais de *Caryocar brasiliense* Camb. com diferentes estágios de conservação, em regiões de Cerrado no Norte de Minas Gerais.

## MATERIAL E MÉTODOS

O material para estudo foi obtido a partir de quatro populações naturais de *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocareceae), nos municípios de Japonvar, Montes Claros, Francisco Sá e Bocaiúva, localizados na região norte do estado de Minas Gerais. O pequizeiro, como é mais conhecido, é uma frutífera de grande importância para as regiões de cerrado. Foram amostrados ao acaso 60 indivíduos adultos por população com uma distância mínima de 100 metros entre cada indivíduo. As populações amostradas apresentam um distanciamento variando de 35 a 100 km. As populações dos municípios de Japonvar e Montes Claros localizam-se em parte num cerrado *sensu stricto*, e outra parte em áreas de pastagem que são formadas por

indivíduos remanescentes da vegetação nativa; a população de Bocaiúva encontra-se numa região muito antropizada, sendo que os indivíduos amostrados estão em áreas de pastagem com poucos remanescentes de Cerrado. A população de Francisco Sá está mais preservada por se tratar de uma área de topografia acidentada, com menos aptidão para agropecuária. Dez locos isoenzimáticos polimórficos (Melo Júnior, 2004) foram utilizados para estimar as frequências alélicas referentes a 60 indivíduos adultos de cada população. Todos os indivíduos foram georeferenciados com auxílio de GPS. Foram obtidas estimativas das frequências alélicas, do número médio de alelos por loco ( $A$ ) e do índice de fixação de Wright ( $f$ ), com auxílio do programa GDA (Lewis & Zaykin, 2000). A estrutura espacial dos genótipos dentro das populações foi quantificada pelo coeficiente de coancestria ( $\hat{r}_{xy}$ ) (Ritland, 1996) entre plantas para cada classe de distância, utilizando-se o programa SPAGeDi 1.2 (Hardy & Vekemans, 2002). O erro padrão da média das estimativas foi obtido por reamostragem *jackknife* entre locos e, a partir dele, foram construídos intervalos de confiança a 95% de probabilidade do coeficiente de coancestria médio estimado para cada classe de distância, utilizando-se 1.000 permutações.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram obtidas as frequências alélicas de 30 alelos distribuídos em 10 locos isoenzimáticos em cada população de *C. brasiliense*. Os índices de fixação ( $f$ ) variaram de -0,299 a -0,548 nas populações analisadas. Estes valores indicam provável ausência de endogamia nestas populações, refletindo o excesso significativo de heterocigotos, conforme intervalo de confiança a 95% de probabilidade. Foi observada tendência a distribuição aleatória dos genótipos ao estimar o coeficiente de coancestria para os indivíduos das populações de Montes Claros e Francisco Sá, sendo

os valores, para a maioria das distâncias de classes, próximos a zero ou negativos e não significativos a 95% de probabilidade. A ocorrência de distribuição aleatória dos genótipos de *C. brasiliense* nestas populações se deve, possivelmente, ao fato de o fluxo gênico estar ocorrendo em quantidade suficiente para evitar a divergência aleatória das frequências gênicas locais. Outros estudos também não detectaram estruturação genética espacial em populações de algumas espécies arbóreas tropicais, associando isso a densidade de árvores adultas, competição intra-específica, heterogeneidade ambiental e mortalidade aleatória entre plantas (Epperson & Alvarez-Buylla, 1997). Por outro lado, foi detectada estrutura genética espacial significativa dos indivíduos de *C. brasiliense* na população de Bocaiúva na primeira classe de distância (303 m;  $\tilde{r}_{xy} = 0,001$ ;  $P = 0,035$ ), indicando agrupamentos de indivíduos provavelmente aparentados. Isso pode ser decorrente da dispersão limitada de pólen e sementes, que tem sido reportada como a maior causa da estrutura genética espacial dentro das populações (Smouse & Peakall, 1999). Provavelmente, os vetores de dispersão de sementes, nesta população muito antropizada, não são suficientemente eficientes e, com isso, muitas das sementes podem ser dispersas nas vizinhanças das árvores maternas, dando origem à estrutura genética espacial, na qual indivíduos próximos tendem a serem mais semelhantes entre si do que indivíduos espacialmente distantes. Para a população de Japonvar nota-se uma tendência de estruturação em classes menores que diminui à medida que a distância aumenta, ocorrendo então, autocorrelações negativas e significativa na última classe de distância (1.337 m;  $\tilde{r}_{xy} = -0,020$ ;  $P < 0,001$ ). Isto sugere que as árvores da espécie localizadas até 448 m distantes entre si, possam apresentar algum grau de parentesco e a partir dessa distância as árvores passam a apresentar um padrão aleatório e divergente em termos de frequências alélicas. Em especial nas populações de Bocaiúva e Japonvar, o padrão espacial é evidenciado pelos valores positivos nas menores classes e negativos nas últimas classes de distância.

## CONCLUSÕES

Houve tendência à distribuição aleatória dos genótipos nas populações de Montes Claros e Francisco Sá, possivelmente devido ao fato de que o fluxo gênico estar ocorrendo em quantidade suficiente para evitar a divergência aleatória das frequências gênicas locais. A autocorrelação espacial dos genótipos de *C. brasiliense* demonstrou estruturação na população de Bocaiúva, indicando

agrupamentos de indivíduos provavelmente aparentados. (Agradecimentos FAPEMIG e CNPq).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Epperson, B.K. & Alvarez-Buylla, E.R. 1997** Limited seed dispersal and genetic structure in life stages of *Cecropia obtusifolia*. *Evolution* 51:275-282.
- Hardy, O. & Vekemans, X. 2002** SPAGeDi 1.2: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*, 2: 618-620. Disponível em: <http://www.ulb.ac.be/sciences/lagev/software.html>.
- Lewis, P.O. & Zaykin, D. 2000** *Genetic Data Analysis*: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d15). Disponível em: <http://alleyn.eeb.uconn.edu/gda/>.
- Melo Júnior, A.F.; Carvalho, D.; Póvoa, J.S.R.; Beazorti, E. 2004** Estrutura genética de populações naturais de pequiheiro (*Caryocar brasiliense* Camb.). *Scientia Forestalis*, 66: 56-65.
- Ritland, K. 1996** Estimators for pairwise relatedness and individual inbreeding coefficients. *Genetics Research*, 67(2): 175-185.
- Smouse, P.E. & Peakall, R. 1999** Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. *Heredity*, 82(5): 561-573.
- Wright, S. 1978** *Evolution and the genetics of populations*. Variability within and among natural populations. Chicago: University of Chicago Press, 4, 423p.