



ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE *EREMANTHUS ERYTHROPAPPUS* (ASTERACEAE) NO ESTADO DE MINAS GERAIS

Joelma Aparecida Rabelo de Pádua

Murilo Malveira Brandão; Dulcinéia de Carvalho

Joelma Ap. Rabelo de Pádua Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, MG. joelma_padua@yahoo.com.br

Murilo Malveira Brandão - Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Setor de Ecologia Aplicada, Lavras, MG

Dulcinéia de Carvalho - Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, MG

INTRODUÇÃO

A estrutura genética de uma espécie pode ser definida como a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações e resulta da combinação entre mutação, migração, seleção e deriva genética. Espécies arbóreas de floresta tropical apresentam, em geral, alta proporção de locos polimórficos e elevados níveis de diversidade genética dentro das populações; isto é, a maior parte da variação genética é mantida dentro de populações e não entre elas (HAMRICK, 1994). Para a conservação de espécies, deve-se considerar a manutenção dos níveis naturais de variabilidade genética nas populações. Portanto, conhecer os níveis e distribuição da variação genética é fundamental para se estabelecer práticas conservacionistas efetivas. *Eremanthus erythropappus* (DC.) Macleish (candeia) é alvo deste estudo uma vez que suas populações, conhecidas como candeal, sofrem intensa intervenção antrópica, o que pode levar a alterações na estrutura genética de suas populações. A madeira desta espécie é valorizada, devido à durabilidade natural e produção do alfabisabolol, utilizado em indústrias farmacêuticas e de cosméticos.

OBJETIVOS

Descrever os níveis de diversidade genética intra e interpopulacional de *Eremanthus erythropappus*, em po-

pulações naturais distribuídas no Estado de Minas Gerais.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas amostras de DNA provenientes de tecido foliar de 200 indivíduos, coletados aleatoriamente em 10 populações naturais de *E. erythropappus*, distribuídas na área de ocorrência da espécie no Estado de Minas Gerais. Foram utilizados nove *primers* ISSR (Intersequências Simples Repetidas) que geraram 72 fragmentos amplificados de DNA, a partir dos quais se fizeram as estimativas da estrutura genética nas populações e cálculo do fluxo alélico histórico entre o conjunto das populações (McDermott & McDonald, 1993), com auxílio do programa POPGENE (v. 1.32) (YEH *et al.*, 1999). A estrutura genética foi obtida pela análise de variância molecular, utilizando o programa ARLEQUIN 3.11 (EXCOFFIER *et al.*, 2007).

RESULTADOS

Os resultados da AMOVA mostram que a maior parte da diversidade genética encontra-se dentro das populações de *E. erythropappus* (62,2%, $P < 0,001$). Este resultado é coerente com os descritos por Loveless & Hamrick (1987), nos quais as espécies arbóreas tropicais tendem a apresentar níveis altos de variabilidade

genética dentro das populações e baixa divergência entre elas. Outros trabalhos com *E. erythropappus* mostram o mesmo padrão de estrutura genética nas populações, Moura et. al (200x) observaram que 96,5% de variabilidade genética encontram - se dentro das populações e Freitas et al., (2008) observaram 85,7% de variabilidade genética intrapopulacional.

Foi observada uma diferença na magnitude dos valores da divergência genética, pois valor de diversidade dentro das populações estudadas foi inferior aos relatados na literatura. Observa - se que há uma alta diversidade genética entre as populações (30,8%) quando se compara aos trabalhos supracitados. Segundo Loveless & Hamrick (1984) se o fluxo alélico for restrito, as populações apresentam uma alta divergência entre si. Nesse caso, isso é confirmado, pois o valor de fluxo alélico encontrado para o conjunto de populações foi relativamente baixo, com valor de 1,4 migrantes por geração. O resultado de fluxo alélico observado pode ser explicado pelo isolamento entre as populações, causada pela distância geográfica entre elas (260 Km em média). Além disso, pode haver impedimentos, como barreiras naturais ou antrópicas, dificultando o fluxo alélico. Outro fator a ser considerado é a intensa exploração da espécie, pois o manejo dos candeais é feito, na grande maioria das vezes, sem obedecer nenhum critério que vise sua recuperação do ponto de vista genético.

CONCLUSÃO

A maior parte da diversidade genética encontra - se dentro das populações, porém com valor relativamente baixo, em relação a outros estudos, o que leva, por outro lado, a uma alta diversidade genética entre as populações.

O baixo nível de fluxo alélico pode ser reflexo do isolamento entre as populações, barreiras geográficas, fragmentação de habitats e intenso manejo das populações estudadas. (Agradecimento - CNPq)

REFERÊNCIAS

- EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. Arlequin: a software for population data analysis. Version 3.1. Disponível em: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3i>.
- FREITAS, V. L. O.; LEMOS FILHO, J. P.; LOVATO, M. B. Contrasting genetic diversity and differentiations of populations of two successional stages in a Neotropical pioneer tree (*Eremanthus erythropappus*, Asteraceae). *Genetics and Molecular Research*, v. 7, n. 2, p. 388 - 398, 2008.
- HAMRICK, J.L. Genetic diversity and conservation in tropical forest. In: DRYSDALE, M.; JOHN, S & YAPA, A.C. (eds) Proc. Int. Symp. Genetic Conservation Production of Tropical Forest Tree Seed. Asean - Canada Forest Tree Seed Center, p.1 - 9, 1994.
- LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Distribucion de la variacion em espécies de arboles tropicales. *Revista Biologia Tropicales*, Bogotá, v. 35, n. 1, p. 165 - 175, 1987.
- Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Annual Review of Ecology and Systematics*, v. 15, p. 65 - 95, Nov. 1984.
- MCDERMOTT, J. M.; MCDONALD, B. A. Gene flow in plant pathosystems. *Annual Review Phytopathology*, Palo Alto, v. 31, p. 353 - 373, 1993.
- MOURA, M. C. O. Distribuição da variabilidade genética em populações naturais de *Eremanthus erythropappus* (DC) MacLeish por isoenzimas e RAPD. 2005. 165 p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.
- YEH, F. C.; YANG, R. C.; BOYLE, T. B. J.; YE, Z. H.; MAO, J. X. POPGENE, the user - friendly shareware for population genetic analysis molecular biology and biotechnology centre. Edmonton. 1999.