



DIVERSIDADE GENÉTICA DE *COPAIFERA LANGSDORFFII* DESF. EM REMANESCENTES DE CERRADO DE PROPRIEDADES PARTICULARES RURAIS E UNIDADES DE CONSERVAÇÃO NO ESTADO DE SÃO PAULO.

Lia Maris Orth Ritter Antiqueira, Renata Gabriella Villegas de Castro e Souza, Maria Andréia Moreno, Elza Martins Ferraz, Paulo Yoshio Kageyama.

INTRODUÇÃO

A fragmentação do habitat e o avanço das fronteiras agrícolas têm alterado a dinâmica populacional de muitas espécies do cerrado. As conseqüências imediatas do desmatamento são redução da diversidade genética das espécies por deriva genética, a restrição do fluxo gênico e conseqüentemente o aumento da endogamia, que pode levar às espécies à extinção. Nas últimas décadas houve um crescente interesse em avaliar as conseqüências genéticas da fragmentação de habitats em espécies vegetais. Essa preocupação tem provocado debates sobre a redução da diversidade genética, diminuição da adaptabilidade de populações e estratégias de conservação, as quais demandam informações sobre as espécies que compõe os ecossistemas. *Copaifera langsdorffii* é uma espécie arbórea de ocorrência comum no Cerrado. Suas sementes são muito apreciadas pelas aves e sua dispersão natural é barocórica ocorrendo ainda por primatas, pela água e por formigas. Possui importância econômica devido ao óleo-resina de cor vermelha que produz, que é utilizado como combustível caseiro, para a produção de diversos produtos na indústria de cosméticos, como inseticida, aditivos para vernizes e tintas.

OBJETIVOS

Este estudo teve por objetivo estimar a diversidade genética e fluxo gênico aparente de *C. langsdorffii* em propriedades particulares rurais (PPRs) e Unidades de Conservação (UCs) no Estado de São Paulo, utilizando-se de marcadores moleculares microssatélites.

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada em quatro áreas de Cerrado do Estado de São Paulo, sendo duas em Assis, uma em Brotas e uma em Itirapina. Foram amostrados 100 indivíduos de *C. langsdorffii* acima de 5 cm de DAP em cada área estudada. As amostras foram secas imediatamente após coleta, em recipientes herméticos contendo sílica gel. A extração do DNA genômico total das amostras foi realizada seguindo o protocolo CTAB (Ferreira e Grattapaglia, 1998). Foram utilizados oito pares de iniciadores SSR específicos para *C. langsdorffii* desenvolvidos por Ciampi *et al.* (2000). Os fragmentos de DNA foram amplificados e segregados em gel desnaturante de poliacrilamida a 5%, em eletroforese de uma hora e trinta minutos em tampão TBE 1X em cuba vertical. Os fragmentos foram observados na forma de bandas, após coloração com nitrato de prata (Creste *et al.*, 2001). A análise de dados de estrutura e diversidade genética foi feita com os softwares SGS (Degen *et al.*, 2001), SPAGEDI (Hardy e Vekemans, 2002). O software FSTAT (Goudet, 2008) foi utilizado par estimar divergências genéticas das populações. O fluxo gênico aparente entre populações foi estimado de acordo com o modelo proposto por Crow e Aoki (1984). A área mínima viável para conservação genética in situ foi estimada em função do tamanho efetivo de referência proposto por Lynch (1996).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As quatro populações de *C. langsdorffii* analisadas apresentaram alta densidade de indivíduos por hectare e uma distribuição agregada. O número de alelos efetivos foi praticamente a metade dos alelos nas quatro populações analisadas. Isso indica que, apesar dos locos serem altamente polimórficos, há muitos alelos em baixa frequência. As estimativas médias de heterozigosidade genética esperada foram superiores às estimativas de médias de heterozigosidade observada. Estas, foram menores para as unidades de conservação do que para as propriedades particulares rurais. Verificou-se a não aderência às proporções esperadas pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg na maioria dos locos das populações analisadas. As unidades de conservação apresentaram, em média, índices de fixação mais altos e significativos do que as propriedades particulares rurais. Alelos exclusivos foram observados nas quatro populações de *C. langsdorffii*, sendo que a grande maioria deles é rara. As áreas particulares rurais apresentaram maior número de alelos exclusivos (29) em relação às unidades de conservação (13). A análise da estrutura genética espacial das quatro populações de *C. langsdorffii* demonstrou valores baixos, porém significativos de coancestria, indicando a formação de estrutura familiar por volta de 15 m de distância na Estação Ecológica de Assis e em Brotas. Nas classes de distância acima de 15 m houve uma disposição aleatória dos genótipos, ou seja, uma zona de panmixia. Na população particular rural de Assis foi detectada uma estrutura genética espacial até 20 m de distância e uma zona de panmixia nas classes de distância superiores. Já para Itirapina, a estrutura genética espacial foi pequena, porém significativa, a uma distância de até aproximadamente 45 m, onde as árvores tendem a ser mais aparentadas entre si, e que árvores mais distantes são geneticamente não relacionadas. Em geral, as populações estudadas indicaram uma baixa representatividade genética, com tamanho efetivo menor que 20 em todas as áreas de estudo. Baseando-se no tamanho efetivo de referência, a área mínima viável para conservação genética in situ das populações estudadas varia de 2,73 a 161,3 hectares, dependendo da área de estudo. A estimativa do fluxo gênico aparente mostrou que essas populações apresentaram um fluxo baixo, porém suficiente para contrapor os efeitos de deriva genética. A análise da distribuição da diversidade genética entre as populações, indicou uma baixa, porém significativa, diferenciação entre populações, evidenciando que aproximadamente, 93 % da diversidade genética se encontra dentro das populações.

CONCLUSÃO

As populações de *C. langsdorffii* localizadas nas propriedades particulares rurais apresentaram alta diversidade genética e uma quantidade de alelos exclusivos maior do que as Unidades de Conservação. A divergência genética entre as populações estudadas foi alta, indicando que cada população é considerada uma Unidade Independente para o Manejo (UIM) e, ao mesmo tempo, uma Unidade Evolutiva Significativa (USE). Os resultados apontam a importância das áreas particulares de cerrado, próximas das Unidades de Conservação, para a conservação da espécie no Estado de São Paulo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CIAMPI, A.Y.; BRONDANI, R.P.V.; GRATTAPAGLIA, D. Desenvolvimento de marcadores microssatélites para *Copaifera langsdorffii* Desf. (copaíba) Leguminosae – Caesalpinoideae e otimização de sistemas fluorescentes de genotipagem multiloco. Boletim de Pesquisa da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, v. 16, p. 1-40, 2000
- CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphism in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. Plant Molecular Biology Reporter, Athens, v. 19, n. 4, p. 299-306, 2001.
- CROW, J. F.; AOKI, K. Group selection for polygenic behavioral trait: estimating the degree of population subdivision. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, Washington, v. 81, p. 6073-6077, 1984.

DEGEN, B.; PETIT, R.; KREMER, A. SGS - Spatial Genetic Software: a computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. *Journal of Heredity*, Washington, v. 92, p. 447-448, 2001.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília: EMBRAPA, 1998. 220p.

GOUDET, J. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). 2001. Disponível em: . Acesso em: 07 mar. 2008.

HARDY, O.J.; VEKEMANS, X. SPAGeDI: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*, Oxford, v. 2, p. 618-620, 2002.

LYNCH, M.A quantitative-genetic perspective on conservation issues. In: AVISE, J; HAMRICK, J. (Ed.). *Conservation genetics: case histories from nature*: New York: Chapman and Hall, p. 471-501, 1996.