

Conseqüências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas

Paulo Y. Kageyama
Flávio Bertin Gandara

ESALQ/USP

Lina M. Inglez de Souza

Camará - Centro de Apoio às Sociedades Sustentáveis

RESUMO: A necessidade de conservação, manejo e recuperação dos fragmentos florestais requer uma abordagem que envolva tanto ecologia como genética de populações. Neste sentido, utilizamos parâmetros que trabalhem estas duas vertentes, como tamanho efetivo populacional, estrutura espacial genética, diversidade e estrutura genética etc. As principais conseqüências teóricas da fragmentação e redução populacional são deriva genética, aumento da endogamia e diminuição do fluxo gênico. Neste trabalho são apresentados dados que permitem identificar alguns destes fenômenos em duas espécies arbóreas da Mata Atlântica: *Cedrela fissilis* e *Chorisia speciosa*. Em *C. fissilis* foi encontrado um aumento significativo da estrutura genética espacial em uma área secundária fragmentada. Em *C. speciosa* foi observada a perda de alelos por deriva genética em populações fragmentadas. Dados como estes permitem propor ações que podem diminuir as conseqüências genético-demográficas da fragmentação.

INTRODUÇÃO

Com a necessidade premente da conservação, manejo e recuperação dos fragmentos, do que resta da Floresta Tropical Atlântica, é imprescindível que conceitos teóricos básicos dos ecossistemas tropicais sejam invocados, para a construção de tecnologias adequadas para essas ações. Para análise da estrutura da população, julga-se fundamental a junção de conceitos da ecologia de populações e da genética de populações de forma a orientar as ações a serem efetuadas e definir parâmetros adequados para o monitoramento das mesmas.

Em função da alta riqueza de espécies arbóreas da maioria das florestas tropicais, frequentemente com 100 a 400 diferentes espécies por hectare, é importante que se defina quais



espécies devem ser consideradas, tomando suas populações como referências. Se de fato se quer a sustentabilidade desses fragmentos, além do aspecto demográfico dessas espécies, deve-se acrescentar também o de genética de suas populações, já que nem sempre um número grande de indivíduos identifica uma população normal, ou geneticamente viável.

Tomando um tamanho efetivo populacional (N_e) referência de 500 como suficiente para manutenção a longo prazo de uma população, pode-se inferir que as espécies muito comuns (alta densidade de indivíduos por área) não necessitam grandes áreas (poucos hectares). Ao contrário, as espécies muito raras (baixa densidade de indivíduos por área) requerem áreas muito extensas (milhares de hectares) para a manutenção de sua população. Uma espécie no limite da raridade, que a literatura aponta como sendo de 1 árvore adulta por hectare, exige cerca de 500 hectares para representar uma população mínima viável, que poderia ser uma referência para a discussão das ações (Kageyama e Gandara, 1995).

Por outro lado, que parâmetros genéticos nas populações dessas espécies se deve tomar, e que limites estabelecer na avaliação da qualidade genética das populações nos fragmentos, são questões fundamentais e uma forma adequada de se analisar o problema. Como referencial teórico para essa avaliação, serão tomadas a deriva genética (drift) e a endogamia (inbreeding) como os efeitos genéticos da fragmentação, para a discussão do problema genético de populações pequenas, como denominado na literatura (Falconer, 1965; Barret e Kohn, 1991; Young et al., 1996).

Finalmente, quanto às ações a serem tomadas, no sentido de minimizar os efeitos genéticos e aumentar a probabilidade de manutenção das populações das espécies nos fragmentos, deve-se primeiro ter uma visão como paisagem, e segundo resgatar o conceito de metapopulação. Dessa forma, o mosaico de fragmentos, o corredor de fluxo gênico, a distância mínima entre fragmentos pequenos, assim como os efeitos estocásticos de muitas gerações em várias subpopulações, são aspectos importantes para fundamentar teoricamente as ações.

FRAGMENTAÇÃO E ESTRUTURA GENÉTICA

A partir da última década vêm-se intensificando os estudos genéticos em populações de espécies arbóreas de florestas tropicais, com amostragens adequadas tanto de populações como dentro das mesmas, além do uso de tecnologias genéticas adequadas para quantificar essa diversidade. Esse acúmulo de dados vem apontando algumas direções importantes para se tomar como referência para as ações de minimização dos impactos ambientais nesses ecossistemas. Estudos genético-ecológicos em espécies representativas, tanto em florestas não perturbadas como em matas secundárias, vêm mostrando o efeito das ações antrópicas em suas populações, auxiliando na definição dos parâmetros genéticos mais adequados para orientar e monitorar as ações nesses ecossistemas.

Fluxo Gênico em Fragmentos

O fluxo gênico principalmente via pólen, ou o potencial de deslocamento dos genes via animais polinizadores, tem sido pouco mensurado, considerando que a grande maioria das espécies arbóreas tropicais é alógama e polinizada por animais (Bawa, 1974 e Bawa et al.,



1985). Tanto por medidas indiretas, como pelo estudo do comportamento dos diferentes grupos de vetores de pólen, os autores têm feito referência a distâncias consideráveis para o fluxo gênico (atingindo centenas de metros), demonstrando que muitos polinizadores são de vôo longo. Da mesma forma, poucos dados existem que quantifiquem a real importância da falta dos polinizadores em paisagens fragmentadas.

As estimativas de distâncias de fluxo gênico efetivo em espécies arbóreas muito raras e muito comuns podem ser avaliadas e comparadas pelos trabalhos de Gandara (1996) e de Lepsch-Cunha (1996) com duas espécies muito raras (*Cedrela fissilis* e *Couratari multiflora*, respectivamente), juntamente com o de Reis (1996) a partir de uma espécie muito comum (*Euterpe edulis*). Os resultados mostram que *Cedrela fissilis* (1 indivíduo adulto a cada 8 ha) na Floresta Atlântica (FA) e *Couratari multiflora* (1 árvore a cada 10 ha) na Amazônia (AM) têm distâncias de fluxo gênico, quantificadas através de isoenzimas, de 950 metros e 1000 metros, respectivamente, e *Euterpe edulis* (122 indivíduos por ha) na FA de 56 metros. Por outro lado, Murawski e Hamrick (1991), trabalhando com uma espécie arbórea rara, *Cavanillesia platanifolia* da Ilha de Barro Colorado - Panamá, encontrou diferentes taxas de fecundação cruzada em situações variáveis de densidade de indivíduos na floresta.

Usando a técnica de marcação de pólen com pó fluorescente em uma árvore doadora, e a coleta de estigmas a diferentes distâncias em árvores receptoras, Santos (1994) encontrou até a distância de 400 metros, considerável quantidade de pólen marcado em *Bauhinia forficata*, uma espécie da FA polinizada por morcegos. Chase et al. (1996), através da técnica de paternidade com uso de marcadores baseados em DNA (microsatélites), determinou a distância de fluxo gênico efetivo máximo equivalente a 350 metros, em *Pithecellobium elegans* em uma floresta tropical da Costa Rica.

Em relação ao efeito da fragmentação na população de polinizadores, Aizen e Feinsinger (1994), trabalhando com duas espécies arbóreas do norte da Argentina, encontraram diferenças significativas entre a floresta contínua e fragmentos pequenos, para a frequência de visitas de insetos polinizadores. Os autores encontraram ainda um aumento na frequência de visitas de *Apis mellifera* (exótica), da área de floresta contínua para os fragmentos, em duas espécies nativas da região, *Prosopis nigra* e *Cercidium australe*.

Efeitos Genéticos da Fragmentação

A fragmentação florestal provoca a diminuição do número de indivíduos de uma população, favorecendo a perda de variação genética. A população remanescente passa a ter um tamanho menor que o mínimo adequado (N_e mínimo) para que o mesmo possa ter sua normal continuidade e evolução. Nessa população pequena pode ocorrer, a curto prazo, deriva genética, o que significa ter as frequências de seus genes afastadas daquelas da população original, inclusive chegando a perder alelos. A mais longo prazo, ainda pode haver um aumento da endogamia, decorrente da maior probabilidade de autofecundação e acasalamento entre indivíduos aparentados.

Os poucos exemplos existentes de quantificação da perda da diversidade genética pela fragmentação se referem a espécies arbóreas e herbáceas de clima temperado, com poucos casos estudados de espécies arbóreas tropicais. A redução da variação genética foi observada nas espécies herbáceas *Salvia pratensis*, *Scabiosa columbaria* e *Gentiana pneumonanthe* e na arbórea



Eucalyptus albens (Young et al., 1996). Hall et al. (1996) observaram menores níveis de diversidade genética em populações menores de *Pithecelobium elegans*.

Na Floresta Tropical Atlântica, o LARGEA (ESALQ/USP) conduziu dois projetos específicos de análise do efeito de fragmentação e perturbação antrópica em populações de espécies arbóreas tropicais, com duas espécies raras, utilizando eletroforese de isoenzimas para a obtenção de marcadores genéticos. Os resultados de estrutura genética de *Cedrela fissilis*, tanto em floresta primária como em floresta secundária, apontam várias mudanças significativas e marcantes para suas populações (Gandara et al., 1997). Da mesma forma, a análise do efeito da fragmentação real e simulada em *Chorisia speciosa* mostra quais parâmetros genéticos são mais adequados para expressar o efeito da deriva nas populações fragmentadas (Souza, 1997).

Em resultados de pesquisas ainda não publicados, verificou-se que a densidade de indivíduos de *Cedrela fissilis* pode aumentar de florestas primárias para secundárias, porém com riscos de provocar uma estruturação familiar na nova população antrópica, ou seja, com parentesco entre os indivíduos mais próximos. Nas gerações seguintes deverá ocorrer o problema de endogamia, e suas prováveis implicações negativas de má adaptação da população, com perda de vigor e má reprodução em seus indivíduos. A forma mais adequada para quantificar essa estrutura familiar na população é através da análise de autocorrelação espacial, através do Índice I de Moran (com escala de -1,0 a +1,0), comparando-se os vizinhos mais próximos. Enquanto em uma população normal na floresta primária, onde a densidade do cedro era de 1 indivíduo adulto por hectare, o I de Moran não foi significativamente diferente de zero, indicando ausência de estrutura familiar, na floresta secundária, com 30 indivíduos por hectare, o I de Moran atingiu o valor médio de 0,43, mostrando a existência de estruturação familiar (Tabela 1).

Souza (1997) constatou que a heterozigiosidade (H_T), um dos principais parâmetros para expressar a diversidade genética em populações, não é adequado para quantificar as mudanças genéticas após a fragmentação. Ao contrário, quando as freqüências alélicas foram diretamente analisadas, foi possível observar a perda e fixação de alelos, assim como a oscilação aleatória das freqüências alélicas. A porcentagem de alelos perdidos (alelos raros) pareceu ser o melhor indicativo para demonstrar a perda de variabilidade genética em simulação de fragmentação de uma população de *Chorisia speciosa*. Quando o estudo foi aplicado a fragmentos reais de tamanhos diferentes, ou seja, um fragmento grande de 200,0 hectares e 3 fragmentos pequenos (25,0, 23,0 e 50,0 ha), houve perdas de alelos que variaram de 5 a 16% devido ao efeito da fragmentação. Além disso, outro parâmetro genético que permitiu verificar o fenômeno de deriva genética nos fragmentos foi o F_{st} (divergência genética interpopulacional) que foi estimado em 0,183; o que indica um alto nível de divergência genética entre as quatro populações estudadas (Tabela 2).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Várias ações podem ser consideradas prioritárias em relação ao aspecto genético dos fragmentos da Floresta Atlântica, visando garantir a sustentabilidade das populações das espécies neles existentes, assim como aumentar a eficiência dos mesmos quanto ao seu papel de conservação de populações de espécies indicadoras. Essas ações se referem tanto à priorização dos fragmentos mais aptos para esse fim, através do monitoramento do tamanho efetivo (N_e) em



Tabela 1

Coefficientes de autocorrelação espacial (índice I de Moran) de alelos de *Cedrela fissilis*, para o pareamento de vizinhos mais próximos (I_{vmp}), distância média entre indivíduos pareados e número de comparações em uma população em floresta primária – Parque Estadual Intervales (Sete Barras-SP) – e em uma população em floresta secundária – Reserva do Matão (Arapoti-PR).

Loco	Alelo	I_{vmp}	
		Floresta Primária	Floresta Secundária
Pgi-2	1	0,117 ^{ns}	0,334**
Idh	1	-0,194 ^{ns}	0,456**
	2	-0,125 ^{ns}	0,451**
Mdh-3	1	0,173 ^{ns}	0,370**
Mdh-4	1	-0,181 ^{ns}	0,546**
Distância média (m)		94,0	14,6
Número de comparações		24	40

^{ns} significativamente não diferente de zero; ** diferente de zero a 1%

Tabela 2

Perda de alelos de populações naturais de *Chorisia speciosa* em fragmentos florestais na Região de Bauru – SP.

	Fragmento				Metapopulação*
	1	2	3	4	
Área (ha)	200	25	23	50	-
Nº de alelos observados	18	16	18	18	19
Nº de alelos perdidos	2	3	2	2	-

*os quatro fragmentos analisados conjuntamente.

espécies referências, como também medidas de melhoria da eficiência do papel de conservação dos fragmentos.

Em relação ao tamanho, por exemplo, os fragmentos pequenos, na faixa de dezenas de hectares, poderiam ser mais adequados para a conservação de espécies comuns (alta densidade) e endêmicas, e os fragmentos grandes, na faixa de centenas de hectares, poderiam ser destinados à conservação de espécies referência de baixa densidade. Por outro lado, o papel de conservação pode ser potencializado através de: i) enriquecimento genético de matas secundárias, com a inclusão de espécies localmente extintas ou muito erosionadas; ii) troca artificial de sementes ou propágulos entre fragmentos não distantes, para populações sabidamente com erosão genética; iii) aumento do tamanho de fragmentos com plantio misto



de espécies nativas, a partir de sementes coletadas adequadamente quanto ao N_e ; e iv) implantar corredores de fluxo gênico, possibilitando a conectividade gênica entre fragmentos com populações pequenas.

Um ponto de fundamental importância, e que tem merecido pouca atenção dada sua dificuldade de abordagem, é o de estudos de reintrodução de espécies da fauna (aves, morcegos e insetos) que tenham função de dispersão das espécies referência. Como identificar as espécies prioritárias e como monitorar essas ações deve ser uma linha de pesquisa fundamental no futuro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AIZEN, M.A.; FEINSINGER, P. "Habitat fragmentation, native insect pollinators, and feral honey bees in Argentine 'Chaco Serrano'". *Ecological applications*, v. 4, n. 2, p. 378-392, 1994.
- BARRET, S.C.H.; KOHN, J.R. Genetic and evolutionary consequences of small population size in plants: implications for conservation. In: FALK, D.A.; HOLSINGER, K.E., ed. *Genetics and conservation of rare plants*. Oxford: Oxford University Press, 1991. p. 3-30.
- BAWA, K.S. "Breeding system of tree species of a lowland tropical community". *Evolution*, v. 28, p. 85-92, 1974.
- BAWA, K.S.; PERRY, D.R.; BEACH, J.H. "Reproductive biology of tropical lowland rain forest trees. I. Sexual systems and incompatibility mechanisms". *American journal of botany*, v. 72, p. 331-45, 1985.
- CHASE, M.R.; MOLLER, C.; KESSELI, R.; BAWA, K.S. "Long distance gene flow in a fragmented tropical tree population". *Nature*, 1996.
- FALCONER, D.S. *Introducción a la genética cuantitativa*. México: Editora Continental, 1970. 430p.
- GANDARA, F.B. *Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de Cedrela fissilis Vell. (Meliaceae)*. Campinas, 1996. 83p. (Dissertação de Mestrado - IB/UNICAMP)
- GANDARA, F.B.; GRATTAPAGLIA, D.; KAGEYAMA, P.Y. et al. Towards the development of genetic and ecological parameters for in situ conservation of forest genetics resources. In: WORKSHOP INTERNACIONAL SOBRE MONITORAMENTO DA BIODIVERSIDADE EM UNIDADES DE CONSERVAÇÃO FEDERAIS, Pirenópolis, 1997. *Proceedings*. Brasília: Ibama/Gtz, 1997. p. 105-111.
- HALL, P.; WALKER, S.; BAWA, K.S. "Effect of forest fragmentation on genetic diversity and mating system in tropical tree *Pithecellobium elegans*". *Conservation biology*, v. 10, n. 3, p. 757-768, 1996.
- KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B. Dinâmica de populações de espécies arbóreas: implicações para o manejo e a conservação. In: SIMPÓSIO DE ECOSISTEMAS DA COSTA BRASILEIRA, 3, São Paulo, 1993. *Anais*. São Paulo: Academia de Ciências do Estado de São Paulo, 1993. p. 1-9.
- LEPSCH-CUNHA, N.M. *Estrutura genética e fenologia de espécies raras de Couratari spp. (Lecythidaceae) na Amazônia Central*. Piracicaba, 1996. 147p. (Dissertação de Mestrado - ESALQ/USP).
- MURAWSKI, D.A.; HAMRICK, J.L. "The effect of the density of flowering individuals on the mating system of nine tropical tree species". *Heredity*, v. 67, p. 167-174, 1991.
- REIS, M.S. *Distribuição e dinâmica da variabilidade genética em populações naturais de palmeiro (Euterpe edulis Mart.)*. Piracicaba, 1996. 203p. (Tese de Doutorado - ESALQ/USP).
- SANTOS, E.M.G. *Ecologia de polinização, fluxo de pólen e taxa de cruzamento em Bauhinia forficata Link. (Caesalpinaceae)*. Piracicaba, 1994. 78p. (Dissertação de Mestrado - ESALQ/USP).
- SOUZA, L.M.I. *Estrutura genética de populações naturais de Chorisia speciosa St. Hill. (Bombacaceae) em fragmentos florestais na região de Bauru (SP) - Brasil*. Piracicaba, 1997. 76p. (Dissertação de Mestrado - ESALQ/USP).
- YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. "The population genetics consequences of habitat fragmentation for plants". *Tree*, v. 11, n. 10, p. 413-418, 1996.