

Estrutura genética de populações naturais de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.)

Genetic structure of natural populations of pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.)

Afrânio Farias de Melo Júnior
Dulcinéia de Carvalho
Joema Souza Rodrigues Póvoa
Eduardo Bearzoti

RESUMO: *Caryocar brasiliense* Camb. é uma frutífera de ocorrência comum nos Cerrados, de grande importância sócio-econômica na região Norte de Minas Gerais. Entretanto, a fragmentação das áreas de Cerrado e o extrativismo intensivo colocam em risco a conservação dessa espécie. Com o objetivo de determinar os níveis de variabilidade dentro e entre populações, o fluxo gênico e tamanho efetivo, foram estudadas quatro populações naturais de *C. brasiliense*, por meio de isoenzimas. Essas populações localizam-se nos municípios de Japonvar, Montes Claros, Francisco Sá e Bocaiúva. Em cada uma das populações foram amostrados 60 indivíduos. Pela análise isoenzimática, foram obtidos 10 locos e 30 alelos. Os resultados revelaram 100% de polimorfismo (P) nas populações, sendo o limite de frequência igual ou superior a 0,99. O número médio de alelos por loco (\bar{A}) nas populações variou de 2,6 a 3,0 e foram encontrados elevados níveis de heterozigosidade esperada (\hat{H}_e), que variou de 0,450 a 0,530, e heterozigosidade observada (\hat{H}_o), que variou de 0,583 a 0,817. Verificou-se ausência de endogamia dentro ($\hat{F} = -0,449$) e no conjunto das populações ($\hat{F} = -0,420$). O estudo de variabilidade revelou baixa divergência entre as populações ($\hat{\theta} = 0,020$); entretanto, a população de Francisco Sá apresentou significante divergência ($\hat{\theta} = 0,015$) das demais populações. O fluxo gênico (N_m) foi alto, 5,16 em média. As estimativas de tamanho efetivo (N_e) foram superiores ao número de indivíduos amostrados, sendo 82 o número recomendado de matrizes para coleta garantindo a variabilidade genética nas populações.

PALAVRAS-CHAVE: Pequi, Isoenzimas, Variabilidade genética, Tamanho efetivo, Frutífera

ABSTRACT: The species *Caryocar brasiliense* Camb is a common tree in Cerrado, of great importance in Northern Minas Gerais State. However, the fragmentation of areas of Cerrado and the intensive exploitation risk the conservation of that species. The objective of this research was to determine the variability levels maintained in the populations, the gene flow and the effective population size of *C. brasiliense*, by isozyme markers. Such populations are located in the counties of Japonvar, Montes Claros, Francisco Sá and Bocaiúva. In each of these populations, 60 individuals were sampled. Ten enzyme systems were evaluated (total of 30 alleles). The results presented 100% polymorphism (P). The average number of alleles per locus (\bar{A}) varied from 2.6 to 3.0; and the expected heterozygosity (\hat{H}_e) ranged from 0.450 to 0.530, and the observed heterozygosity (\hat{H}_o) was from 0.583 to 0.817. The analysis did not reveal inbreeding in the populations ($\hat{F} = -0.420$). The study demonstrated low divergence between populations ($\hat{\theta} = 0.020$); however, Francisco Sá showed significant divergence ($\hat{\theta} = 0.015$) compared to others. The gene flow (N_m) was 5.16. The effective size (N_e) was higher than the size of samples; usually, 82 is the recommend number of individuals for collection of seeds to guarantee maintenance of genetic variability in the populations.

KEYWORDS: Pequi, Isozymes, Genetic variability, Effective size

INTRODUÇÃO

O Cerrado vem sofrendo acelerado processo de fragmentação nos últimos anos, principalmente em decorrência da expansão urbana e das atividades ligadas ao crescimento populacional. As implicações diretas da fragmentação sobre a biodiversidade são a redução indiscriminada das áreas dos biomas e extinção de espécies, além do comprometimento evolutivo das espécies em função da perda de variabilidade genética, que reduz a capacidade das populações naturais de se adaptarem às mudanças ambientais.

Apesar de possuir grande diversidade de flora, incluindo inúmeras frutíferas de importância extrativista para os habitantes dos cerrados, os estudos deste bioma têm contemplado um número relativamente baixo de espécies, no que se refere à conservação genética, se comparado a outros ecossistemas.

Uma das espécies que têm se destacado nesse bioma é o pequizeiro, *Caryocar brasiliense* Camb., que é uma frutífera de grande importância na região Norte de Minas Gerais, onde o extrativismo dos seus frutos é de grande relevância para a alimentação do sertanejo, além de constituir-se numa importante fonte de renda (Chávez Pozo, 1997).

Entretanto, a expansão das fronteiras agrícolas e a exploração intensiva dos cerrados para produção de carvão vegetal nativo têm colocado em risco a preservação e a variabilidade genética do pequizeiro. Aliado a isso, o extrativismo intensivo do pequizeiro pode gerar perdas de material genético, já que quase todos os frutos de qualidade, originados de genótipos superiores, são coletados e consumidos ou comercializados, o que impede a reprodução natural a partir destes frutos. Dessa forma, a caracterização dos níveis de variabilidade e o entendimento da dinâmica de movimentação de alelos nas populações naturais da espécie podem trazer subsídios para a maximização de estratégias de conservação e o acompanhamento do processo de extrativismo da espécie. Nessa perspectiva, e considerando a importância da espécie, foram estudadas quatro populações naturais de *C. brasiliense* na região Norte de Minas Gerais, nos municípios de Japonvar, Montes Claros, Francisco Sá e Bocaiúva, quanto à distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações, a partir da eletroforese de isoenzimas.

Os objetivos foram analisar a estrutura genética de populações naturais desta espécie, determinar o fluxo gênico inter e intrapopulacionais e o tamanho efetivo das populações.

METODOLOGIA

C. brasiliense (Caryocaraceae) é conhecido popularmente por diversos nomes: piqui, pequi, piqui-do-cerrado, almendro, barbasco, jiquiá, pequizeiro, piquirana. A árvore do pequi é frondosa, esgalhada de altura variável, podendo ultrapassar 10 m. A casca é espessa, com fendas de cor escura amarela ou pardo-claro-amarelo, bastante pesada e resistente a agentes de deterioração (Rizzini, 1971; Ferreira, 1980; Braga, 1976).

O pequizeiro é uma planta comum nos cerrados brasileiros (Araújo, 1994), ocorrendo no cerrado distrófico e mesotrófico, cerrado denso, cerrado sensu strictu e cerrado ralo. Distribui-se por Bahia, Ceará, Distrito Federal, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará, Piauí, Rio de Janeiro, São Paulo e Tocantins (Almeida, 1994).

As flores do pequizeiro são tipicamente quipróterofilas, apresentado modelo morfológico do tipo pincel de estames. A planta apresenta uma proporção de frutos formados por polinização cruzada significativamente maior do que a formada por autopolinização. Pelo menos cinco espécies de morcego já foram observadas como polinizadores potenciais (Gribel, 1993).

O pequizeiro é uma planta com dispersão tipicamente zoocórica. Entre os consumidores dos frutos, a ema (*Rhea americana*) é a espécie com maior potencial como agente dispersor, com capacidade de dispersar os diásporos por endozocoria, seguida da gralha (*Cyanocorax corostellus*) e da cotia (*Dasyprocta* sp.), as quais podem atuar como dispersoras de sementes a pequenas distâncias por sinzocoria (Gribel, 1986).

O material genético deste estudo consistiu de amostras de quatro populações naturais localizadas na região dos cerrados no norte do estado de Minas Gerais. As populações distanciam-se entre si de aproximadamente 35 km a 100 km, variando em altitude e quanto à presença/ausência de extrativismo intensivo de frutos (Tabela 1).

Tabela 1

Locais de coleta, coordenadas geográficas, altitude, classificação climática e presença/ausência de extrativismo intensivo de frutos de *Caryocar brasiliense*.

(Gather area, geographic coordinates, altitude, climatic classification and intensive exploitation presence/absence of *Caryocar brasiliense* fruits)

População	Longitude	Latitude	Altitude (m)	Classificação climática ¹	Extrativismo (intensivo)
Japonvar	15°29'S	44°22'W	580	Aw	presente
Montes Claros	16°43'S	43°52'W	638	Aw	presente
Francisco Sá	16°34'S	42°53'W	950	Cwa	ausente
Bocaiúva	17°07'S	43°48'W	700	Aw	presente

¹(Köppen, 1931)

As populações dos municípios de Japonvar, Montes Claros e Bocaiúva localizam-se, em parte, num cerrado *sensu stricto* e outra parte em região de pastagens, sendo formadas por indivíduos remanescentes da vegetação nativa. Nessas três áreas, ocorre intensa coleta de frutos por agricultores destas regiões. A população de Francisco Sá encontra-se numa área de cerrado pouco antropizada, na região da Serra do Espinhaço. Esta população encontra-se mais preservada que as demais por se tratar de uma área de topografia acidentada, com baixa aptidão para agropecuária. Em torno desta área, há grandes cultivos de *Eucalyptus* sp. e *Pinus* sp. Além disso, o pequizeiro ocorre, neste local, com menor densidade do que nos demais.

Foram amostrados, ao acaso, 60 indivíduos adultos por população, com uma distância mínima de 100 m entre eles. Coletaram-se amostras foliares para extração do material de estudo. Todas as árvores foram identificadas no caule com número correspondente e georeferenciadas com aparelho de GPS. A coleta foi realizada no mês de outubro de 2001 e a extração isoenzimática ocorreu logo após o término da coleta, no Laboratório de Melhoramento Florestal e Recursos Genéticos do Departamento de Ciências Florestais da UFPA.

No procedimento de extração, foram usados 200 mg de tecido do limbo foliar (folhas adultas), 0,5 mg de polivinil-pirrolidona – PVP, e 1 mL de solução tampão nº 1 de Alfenas (1998), modificada pela ausência de 2-mercaptoetanol. A eletroforese de isoenzimas foi conduzida em cuba vertical, utilizando gel de poliacrilamida como suporte, sendo de 4% o gel de concentração e 7,5% o gel de separação. Após migrações das amostras no gel, foram feitas as revelações a partir da metodologia de Alfenas (1998).

Após serem testados 21 sistemas enzimáticos, dez foram escolhidos em função de presen-

tares locos e alelos passíveis de interpretação. Os sistemas utilizados foram: álcool desidrogenase (ADH), β -esterase (b-EST), β -galactose desidrogenase (GLDH), glutamato desidrogenase (GTDH), isocitrato desidrogenase (IDH), malato desidrogenase (MDH), enzima málica (ME) peroxidase (PO), sorbitol desidrogenase (SDH) e xiquimato desidrogenase (SKDH).

A variabilidade genética foi caracterizada a partir das estimativas de frequências alélicas e dos índices de diversidade (heterozigosidade esperada e observada, porcentagem de locos polimórficos e número médio de alelos por loco). Para estas estimativas, foi empregado o programa BYOSIS-1 (Swoford e Selander, 1989) que fornece ainda índices de fixação de Wright em nível de loco, média entre locos e média entre as populações.

Os coeficientes de coancestralidade foram estimados a partir da decomposição dos componentes de variação da análise de variância das frequências alélicas individuais, de acordo com o procedimento de Cockerham (1969). A análise de variância foi realizada com a utilização do programa GDA (Lewis e Zaykin, 1999).

O fluxo gênico entre as populações foi estimado a partir da relação entre a quantidade de migrantes (\hat{N}_m) e a divergência entre populações (\hat{F}_{ST}), de acordo com Crow e Aoki (1984). Para o cálculo do estimador do tamanho efetivo das populações, foram utilizados métodos baseados em variância das frequências alélicas, conforme Vencovsky (1992), de acordo com as situações:

a) Estimador do \hat{N}_e para indivíduos adultos de uma simples população:

$$\hat{N}_e = \frac{n}{1+f}$$

em que n é o número de indivíduos e f o coeficiente de endogamia médio da população.

b) Estimador do \hat{N}_e para várias populações:

$$\hat{N}_e = \frac{0,5}{\theta_p \left[\frac{1+C_p}{n} - \frac{1}{n} \right] + \frac{1+F}{2n}}$$

sendo: θ_p a coancestria entre indivíduos dentro de populações, ou divergência genética entre populações; p o número de populações avaliadas; C_p o quadrado do coeficiente de variação do número de indivíduos (n_i) sobre populações; n o número total de indivíduos avaliados nas populações ($n = \sum n_i$) e F o índice de fixação para o conjunto das populações.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De maneira geral, as freqüências alélicas foram semelhantes em todas as populações. Os alelos mais comuns e os mais raros tenderam a ser os mesmos (Tabela 2). Entretanto, na população de Francisco Sá, a freqüência do alelo 2 para todos os locos, em todos sistemas enzimáticos revelados, apresentou-se ligeiramente maior do que nas demais populações.

Em todas as populações, o alelo 3 de todos os locos apresentou baixa freqüência, exceto para o loco EST (0,395) da população de Japonvar. Neste caso, o alelo 1 apresentou baixa freqüência (0,088). Verificou-se, também, ausência do alelo 3 nos locos IDH, MDH, ME, SKDH, na população de Francisco Sá e nos locos EST, GLDH, MDH e na população de Bocaiúva.

Não foi verificada fixação de alelos em nenhum dos locos das populações estudadas. No conjunto das populações, não houve grandes alterações das freqüências alélicas. As freqüências alélicas apontam para a perda do alelo 3 nas populações. Esta eventual perda pode estar acontecendo devido à deriva genética ou seleção nas populações. Entretanto, esta hipótese só poderá ser confirmada em trabalhos futuros, utilizando-se as progênies destas populações.

A proporção de locos polimórficos encontrada foi de 100,0% para todas as populações (Tabela 3). O número de alelos por loco variou de 2,60 nas populações de Bocaiúva e Francisco Sá a 3,0 na população de Japonvar e Montes Claros.

Tabela 2

Freqüências alélicas e tamanho da amostra (n) nos indivíduos das quatro populações naturais de *Caryocar brasiliense*.

(Alleles frequency and sample size (n) in individuals of four natural populations of *Caryocar brasiliense*)

Loco	Alelo	Populações			
		Japonvar	M. Claros	F. Sá	Bocaiúva
ADH	1	0,397	0,404	0,331	0,432
	2	0,595	0,570	0,661	0,559
	3	0,009	0,026	0,008	0,008
	N	58	57	59	59
EST	1	0,088	0,375	0,214	0,448
	2	0,518	0,583	0,759	0,552
	3	0,395	0,042	0,027	-
	N	57	48	56	48
GLDH	1	0,390	0,360	0,373	0,390
	2	0,585	0,605	0,618	0,610
	3	0,025	0,035	0,009	-
	N	59	57	55	59
GTDH	1	0,386	0,408	0,311	0,424
	2	0,570	0,550	0,679	0,576
	3	0,044	0,042	0,009	-
	N	57	60	53	59
IDH	1	0,417	0,368	0,309	0,400
	2	0,533	0,561	0,691	0,583
	3	0,050	0,070	-	0,017
	N	60	57	55	60
MDH	1	0,430	0,370	0,304	0,407
	2	0,535	0,565	0,696	0,585
	3	0,035	0,065	-	0,008
	N	57	54	51	59
ME	1	0,400	0,375	0,402	0,448
	2	0,592	0,596	0,598	0,526
	3	0,008	0,029	-	0,026
	N	60	52	51	58
PO	1	0,415	0,377	0,288	0,300
	2	0,551	0,566	0,695	0,691
	3	0,034	0,057	0,017	0,009
	N	59	53	59	55
SDH	1	0,347	0,328	0,289	0,432
	2	0,636	0,595	0,684	0,568
	3	0,017	0,078	0,026	-
	N	59	58	57	59
SKDH	1	0,465	0,409	0,465	0,475
	2	0,500	0,536	0,535	0,517
	3	0,035	0,055	-	0,008
	N	57	55	57	60
Total	N	60	60	60	60

Tabela 3

Variabilidade genética de quatro populações naturais de *Caryocar brasiliense* com base em dez locos e dez sistemas e enzimáticos.

(Genetic variability of four natural populations of *Caryocar brasiliense* determined by 10 loci and 10 enzymatic systems)

	Populações			
	Japonvar	M. Claros	F.Sá	Bocaiúva
Número médio de alelos por loco	3,00 (0,000)	3,00 (0,000)	2,60 (0,200)	2,60 (0,200)
Porcentagem de locos polimórficos (0,99)	100,0	100,0	100,0	100,0
Heterozigosidade observada (\hat{H}_o)	0,739 (0,031)	0,817 (0,017)	0,583 (0,039)	0,743 (0,034)
Heterozigosidade esperada (\hat{H}_e)	0,522 (0,009)	0,530 (0,005)	0,450 (0,011)	0,495 (0,008)
Índice de fixação (\hat{f})	-0,421*	-0,548*	-0,299*	-0,5088
	[-0,5;-0,2]	[-0,6;-0,4]	[-0,3;-0,1]	[-0,6;-0,3]
Tamanho da amostra (n)	60	60	60	60

() = desvio padrão (nível de probabilidade de 5%);

[] = intervalo de confiança (nível de probabilidade de 5%);

* = significativo ao nível de 5% de probabilidade.

Estes valores estão bem próximos aos encontrados por Oliveira (1998), em trabalho com progênies de pequiizeiro no estado de Goiás. Nesse trabalho, também foi encontrado 100% de locos polimórficos para a maioria das populações estudadas, utilizando o critério do alelo mais comum com frequência igual ou inferior a 95% e o número de alelos por loco variou de 2,80 a 3,20.

A heterozigosidade média esperada (\hat{H}_e) nas populações variou de 0,450 a 0,530 e a observada (\hat{H}_o) de 0,583 a 0,817. Esses valores foram superiores aos encontrados no estudo de Oliveira (1998), que foram 0,317 a 0,413 e 0,186 a 0,310 para heterozigosidade esperada e observada, respectivamente. Collevatti et al. (2001), utilizando marcadores microssatélites, também encontraram valores elevados de heterozigosidade esperada e observada em populações naturais de pequiizeiro de diversas regiões do Brasil. Segundo os autores, estes valores se devem ao grande número de alelos por loco, que é característico dos marcadores microssatélites.

A heterozigosidade observada neste estudo foi mais elevada, se comparada com outras espécies como *Euterpe edulis* (Reis, 1996), *Cryptocarya moschata* (Moraes, 1997), *Machaerium villosum* (Giudice-Neto, 1999), *Cedrela fissilis* (Póvoa, 2002). A heterozigosidade média observada, também, foi elevada mesmo tendo sido empregados apenas locos polimórficos.

Os índices de fixação (\hat{f}) variaram de -0,548 a -0,299 nas populações e foram significativamente diferentes de zero. Estes valores indicam provável ausência de endogamia, refletindo o excesso de heterozigotos nestas populações. Estes resultados sugerem a existência de mecanismos

seletivos atuando em favor dos heterozigotos. Resultados semelhantes foram obtidos em outros trabalhos como o de Hamrick et al. (1993) e Reis (1996). Segundo este último, a seleção em favor dos heterozigotos se fundamenta também na diferença da quantidade de heterozigotos entre progênies e adultos. Por isto, observam-se índices de fixação/endogamia reduzidos, porém consistentes, nas progênies e negativos nos indivíduos adultos.

Entretanto, como no presente estudo não foram utilizadas progênies, é importante que trabalhos futuros nessas populações contemplem o estudo periódico de progênies e ou plantas jovens nas diversas gerações, para que se possa averiguar se ocorre ou não a manutenção dos heterozigotos ao longo das gerações.

De maneira geral, os valores encontrados para os índices de diversidade (heterozigosidade, número de alelos por loco polimórfico e porcentagem de locos polimórficos) foram elevados, sempre similares ou superiores à maioria de outras espécies tropicais. Weir (1990) considera que a frequência de heterozigotos representa bem a variação existente em uma população. Além disso, a porcentagem de locos polimórficos e o número médio de alelos por loco polimórfico têm sido empregados como índices de diversidade em populações naturais, no sentido de caracterizar e comparar os níveis de variação genética nessas populações (Reis, 1996).

Para pequiizeiro, Oliveira (1998) encontrou valores positivos de (\hat{f}) variando de 0,21 a 0,50 indicando endogamia nas progênies analisadas. Valores altos de endogamia não são comuns em progênies de espécies arbóreas nativas. Possi-

velmente, esses valores podem ter sido devido à amostragem e também ao fato de que os indivíduos adultos que deram origem às progêneses possivelmente sofreram conseqüências com os processos de fragmentação. O tamanho efetivo pode ter diminuído, ao ponto de acentuar a endogamia observada nas progêneses estudadas.

Outros trabalhos mostraram valores baixos ou negativos de \hat{f} , o que configura um indicativo de seleção para heterozigotos, como por exemplo em *Pithecellobium pedicellare* (O'Maley e Bawa, 1987), *Astrocaryum mexicanum* (Eguiarte et al, 1992), *Shorea magistophylla* (Murawski et al, 1994) *Cryptocaria maschata* (Moraes, 1997), *Chorisia speciosa* (Souza, 1997), *Cedrela fissilis* (Gandara, 1996; Póvoa 2002), *Copaifera langsdorffii* (Oliveira, 2000), entre outros. No entanto, nestes trabalhos os valores baixos ou negativos dos índices de fixação foram observados nas populações de indivíduos adultos em relação às suas progêneses.

As estimativas de coancestralidade obtidas indicam ausência de endogamia dentro ($\hat{f} = -0,449$) e, também, no conjunto das populações ($\hat{F} = -0,420$) (Tabela 4). Tendo em vista os intervalos de confiança, esta ausência de endogamia é estatisticamente diferente de zero. Assim, estas estimativas são condizentes com o excesso de heterozigotos discutidos anteriormente.

Tabela 4

Coeficientes de coancestralidade entre populações de *Caryocar brasiliense*.
(Coancestry coefficients among populations of *Caryocar brasiliense*)

Loco	\hat{f}	\hat{F}	$\hat{\theta}_p$
ADH	-0,496	-0,490	0,004
EST	-0,038	0,092	0,126
GLDH	-0,445	-0,450	-0,003
GTDH	-0,513	-0,501	0,008
IDH	-0,448	-0,432	0,011
ME	-0,543	-0,542	0,001
MDH	-0,486	-0,468	0,012
PO	-0,439	-0,416	0,016
SDH	-0,466	-0,451	0,010
SKDK	-0,600	0,600	-
	-0,449*	-0,420*	0,020*
Média	[-0,515; -0,350]	[-0,507; -0,288]	[0,004; 0,046]

[] = intervalo de confiança (nível de probabilidade de 5%);
* = significativo ao nível de 5% de probabilidade.

O estudo de variabilidade revelou um valor médio de $\hat{\theta}_p = 0,020$, significativo para o conjunto das populações, indicando que 2% da variabilidade genética encontra-se entre e 98% dentro das populações. A divergência populacional observada não se distribuiu igualmente entre as populações. Isto pode ser observado comparando-se os valores de $\hat{\theta}_p$ em cada par de populações (Tabela 5).

Os valores de $\hat{\theta}_p$ não diferiram muito entre si, com exceção do pareamento Montes Claros / Bocaiúva (0,004). Entretanto, os pareamentos só foram estatisticamente significativos quando feitos incluindo a população de Francisco Sá. Isto indica que as populações de Japonvar, Montes Claros e Bocaiúva são mais similares entre si e tendem a divergir da população de Francisco Sá. Esse argumento pode ser sustentado pelo fato de que a população de Francisco Sá encontra-se numa altitude maior que as demais. Aliado a isso, está sujeita a menor grau de antropismo e a condição climática distinta. Este conjunto de fatores pode estar causando esta divergência entre populações, por deriva e/ou seleção, relacionadas às diferenças de ambiente. Este fato pode ser confirmado ao se agrupar as populações de Japonvar, Montes Claros e Bocaiúva e analisando o conjunto destas populações com a de Francisco Sá.

Analisando-se a divergência genética do agrupamento das três populações em questão, em relação a Francisco Sá, obteve-se $\hat{\theta}_p$ igual a 0,015, significativo, indicando que houve uma divergência de 1,5% entre os grupos, que pode estar sustentado na diferença de ambientes entre as populações em questão. De qualquer forma, apesar de significativa, as divergências entre as populações, ou mesmo entre o grupo de populações (Japonvar, Montes Claros e Bocaiúva) e a população de Francisco Sá são relativamente baixas. Estes resultados parecem razoáveis para uma espécie com ampla distribuição geográfica, como é o caso do pequizeiro. Portanto, pode-se sugerir que as populações analisadas são integrantes de uma população contínua.

O desmatamento que deu origem a uma vegetação fragmentada nos cerrados do Norte de Minas Gerais é relativamente recente (Costa et al, 1998), e o tempo decorrido desde que se iniciou esse processo ainda é insuficiente para que se fixassem as eventuais divergências genéticas, seja por seleção ou deriva, uma vez que esta espécie é perene (de ciclo longo). Assim, estas populações podem ser compostas, em sua maioria, por indivíduos que se encontravam presentes antes da fragmentação.

Tabela 5

Fluxo gênico (\hat{N}_m) para populações de *Caryocar brasiliense*.
Gene flow (\hat{N}_m) for populations of *Caryocar brasiliense*.

Populações	N	np	$\hat{\theta}_p$	\hat{N}_m
Japonvar e M. Claros	120	2	0,018 [-0,0021 a 0,053]	3,60
Japonvar e F.Sá	120	2	0,031 [0,0052 a 0,069]*	1,95
Japonvar e Bocaiúva	120	2	0,029 [-0,0004 a 0,078]	2,09
M. Claros e F. Sá	120	2	0,014 [0,0057 a 0,0251]*	4,40
M. Claros e Bocaiúva	120	2	0,004 [-0,000004 a 0,0083]	15,56
F. Sá e Bocaiúva	120	2	0,018 [0,0048 a 0,0375]*	3,41
Média				5,16
Todas Populações	240	4	0,020 [0,004 a 0,046]*	12,25

N = número de indivíduos amostrados;

np = número de populações;

[] = intervalo de confiança (nível de probabilidade de 5%);

* = significativo ao nível de 5% de probabilidade

As estimativas de fluxo gênico foram realizadas conforme a relação entre a divergência genética e a quantidade de migrantes N_m e foram feitas para cada par de populações avaliadas (Tabela 5). O \hat{N}_m médio estimado das populações foi 5,16; para o conjunto das populações, foi 12,25. Estes resultados mostram-se convergentes com o valor de ($\hat{\theta}_p = 0,02$). Resultados com a mesma tendência foram encontrados para outras espécies, como em *Euterpe edulis* (Reis, 1996), *Maachaerium villosum* (Giudice-Neto, 1999) e *Cariniana legalis* (Sebbenn, 2001).

Segundo Slatkin e Barton (1989), os valores de \hat{N}_m determinam se a deriva genética, por si só, pode produzir variabilidade genética substancial entre locais: se \hat{N}_m for maior que 1,00, o fluxo gênico será alto o suficiente para prevenir uma diferenciação em função da deriva genética.

Neste trabalho, a estimativa do número médio de migrantes por geração foi alta ($\hat{N}_m = 5,16$). Isto aponta para um fluxo gênico suficientemente capaz de impedir a ocorrência dos efeitos de deriva genética. Apesar disso, os altos valores de fluxo gênico entre populações parecem estar relacionados à baixa divergência entre elas (2%) que ocorreram em função dos elevados índices de heteroziosidade encontrados.

No caso do pequiizeiro, o alto fluxo gênico e a baixa divergência entre populações podem estar relacionados ao seu sistema de polinização, que é realizada principalmente pelo morcego, cujo vôo atinge grandes distâncias, e também à dispersão das sementes que é realizada por mamíferos e grandes aves (Vilela, 1998).

Os valores estimados de fluxo gênico indicam maior similaridade entre as populações de Montes Claros e Bocaiúva ($\hat{N}_m = 15,56$). Isto é plausível,

tendo em vista a menor divergência entre estas duas populações (0,004). Além disso, estas populações estão mais próximas entre si (em torno de 35km) do que as demais (aproximadamente 100 km).

As estimativas do tamanho efetivo populacional foram obtidas a partir dos coeficientes de divergência genética entre populações (θ_p) e coeficientes de endogamia médio para o conjunto das populações. Para todas as populações, as estimativas de \hat{N}_e (Tabela 6) foram superiores ao número de indivíduos amostrados (60 de cada população). Os valores do tamanho efetivo foram 104, 133, 86 e 122 indivíduos, respectivamente para Japonvar, Montes Claros, Francisco Sá e Bocaiúva. Estes valores representam, geneticamente, populações com grande potencial panmítico.

Tabela 6

Tamanho efetivo (\hat{N}_e), número de indivíduos (N) de quatro populações naturais de *Caryocar brasiliense* a partir dos dados de indivíduos adultos. Effective size (\hat{N}_e), number of individuals (N) of four natural populations of *Caryocar brasiliense* obtained from adults individuals data.

População	\hat{N}_e	N	\hat{N}_e / N
Japonvar	103,63	60	1,73
Montes Claros	132,74	60	2,21
Francisco Sá	85,59	60	1,43
Bocaiúva	122,20	60	2,04
Conjunto	81,63	240	0,34

As evidências coletadas neste trabalho reafirmam a inexistência de endogamia nessas populações, uma vez que o tamanho efetivo calculado para cada uma delas foi superior ao número de indivíduos amostrados. Além disso, as taxas de heteroziosidade encontradas foram altas. Se-

gundo Póvoa (2002), os heterozigotos, por carregarem dois alelos por loco, representam um maior número de indivíduos na população.

Para maximização da eficiência das atividades de coleta de sementes, é importante se ter informações sobre a representatividade genética das matrizes da população. Isto possibilitará o cálculo do número de matrizes a serem amostradas (Vencovsky, 1987).

Para a coleta de sementes de *C. brasiliense*, nestas populações, baseado no tamanho efetivo, recomenda-se amostrar, pelo menos, 82 matrizes para que se garanta a manutenção da variabilidade genética nas sementes (Tabela 6). No enriquecimento da vegetação ou recuperação de áreas, a coleta de sementes a partir deste princípio proporcionará novas recombinações genotípicas na população, elevando seu potencial evolutivo (Kageyama, 1987). Além disso, no caso do pequizeiro, que sofre intenso extrativismo dos seus frutos, seria de grande importância que, a partir do conhecimento do tamanho efetivo dessas populações, se deixassem cotas de frutos para regeneração natural, uma vez que, com a atividade extrativista, a maioria dos frutos acaba sendo coletada. Esta é uma questão de suma importância, tendo em vista a grande relevância que o extrativismo da espécie representa para os moradores do Cerrado.

CONCLUSÃO

O estudo das populações de *C. brasiliense*, por meio de dados isoenzimáticos, possibilitou chegar as seguintes conclusões:

As frequências alélicas variam tanto dentro quanto entre as populações. Grande parte da variação se encontra dentro das populações e não ocorre fixação de alelos;

Os altos índices de diversidade encontrados sugerem a existência de seleção em favor dos heterozigotos e, conseqüentemente, baixa endogamia nas populações estudadas;

As populações de Japonvar, Montes Claros e Bocaiúva tendem a ser mais semelhantes entre si e divergentes da população de Francisco Sá. De maneira geral, ocorreu baixa diversidade entre as populações, que pode ser explicada pelos altos níveis de fluxo gênico entre estas. As populações mais similares entre si são Montes Claros e Bocaiúva que, também apresentam a menor distância física entre si (35 Km);

A estimativa de tamanho efetivo populacional para *C. brasiliense* sugere um valor mínimo para coleta de germoplasma de 82 matrizes para que se garanta a manutenção da variabilidade genética nas sementes.

AUTORES E AGRADECIMENTOS

AFRÂNIO FARIAS DE MELO JÚNIOR é Mestre em Manejo Ambiental pela Universidade Federal de Lavras – Caixa Postal 37 – Lavras, MG – 37200-000 e Professor do Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Montes Claros - UNIMONTES – E-mail: afraniofarias@zipmail.com.br

DULCINÉIA DE CARVALHO é Professora do Departamento de Ciências Florestais da Universidade Federal de Lavras – Caixa Postal 37 – Lavras, MG – 372000-000 – E-mail: dulce@ufla.br

JOEMA SOUZA RODRIGUES PÓVOA é Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal de Lavras – Caixa Postal 37 – Lavras, MG – 372000-000 – E-mail:joema.souza@posgrad.ufla.br

EDUARDO BEARZOTI é Professor do Departamento de Ciências Exatas Universidade Federal de Lavras – Caixa Postal 37 – Lavras, MG – 372000-000. E-mail: bearzoti@ufla.br

Este artigo é parte da dissertação de Mestrado do primeiro autor, apresentada à Universidade Federal de Lavras.

Os autores agradecem aos Professores Paulo Sérgio Nascimento Lopes da UFMG, pelo apoio durante os trabalhos; ao graduando da UFLA Lucas Guida Soares, ao Engenheiro Florestal Anderson Neves e toda equipe do Laboratório de Melhoramento Florestal e Recursos Genéticos do DCF-UFLA. Os autores agradecem também ao CNPq pela bolsa de Mestrado concedida ao primeiro autor e pela bolsa de Produtividade em Pesquisa concedida a Dulcinéia de Carvalho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFENAS, C.A.; PETERS, I.; BRUNE, W.; PASSADOR, G.C. **Eletroforese de proteínas e isoenzimas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos**. Viçosa: UFV, 1998. 574p.
- ALMEIDA, S.P.; SILVA, J.A. Piqui e buriti: importância alimentar à população dos cerrados. **Documentos. Embrapa / CPAC**, n.54, p.1-38, 1994.

- ARAÚJO, F.D. **The ecology, ethnobotany and management of *Caryocar brasiliense* Camb. around Montes Claros, MG, Brasil.** Oxford, 1994. 175p. Tese (Doutorado). Oxford University.
- BRAGA, R. **Plantas do Nordeste, especialmente do Ceará.** 3.ed. Fortaleza: Imprensa Oficial, 1976. 540p.
- CHÉVEZ POZO, O.V. **O pequi (*Caryocar brasiliense*): uma alternativa para o desenvolvimento sustentável do cerrado no Norte de Minas Gerais.** Lavras, 1997. 100p. Dissertação (Mestrado). Departamento de Administração Rural. Universidade Federal de Lavras
- COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, v.23, n.1, p.72-84, 1969.
- COLLEVATTI, R.G.; GRATTAPAGLIA, D.; HAY, J.D. Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. **Molecular ecology**, v.10, p.349-356, 2001.
- COSTA, C.M.R.; HERRMANN, G.; MARTINS, C.S.; LINS, L.V.; LAMAS, I.R. **Biodiversidade em Minas Gerais: um atlas para sua conservação.** Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 1998. 94p.
- CROW, J.F.; AOKI, K. Group selection for polygenic behavioral trait: estimating the degree of population subdivision. **Proceedings of the Natural Academy of Sciences of the United States of America**, v.81, p.6073-6077, 1984.
- EGUIARTE, L.E.; PEREZ-NASSER, N.; PIÑERO, D. Genetic structure, outcrossing rate and heterosis in *Astrocarium mexicanum* (tropical palm): implications for evolution and conservation. **Heredity**, v.69, n.3, p.217-228, 1992.
- FERREIRA, M.B. Frutos comestíveis nativos de cerrado em Minas Gerais. **Informe agropecuário**, v.6, n.61, 1980.
- GANDARA, F.B. **Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae).** Campinas, 1996. 69p. Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual de Campinas
- GRIBEL, R. **Ecologia da polinização e da dispersão de *Caryocar brasiliense* Camb. (Cariocaraceae) na região do Distrito Federal.** Brasília, 1986. Dissertação (Mestrado) – Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília
- GRIBEL, R; HAY, J.D. Pollination ecology of *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae) in Central Brazil cerrado vegetation. **Journal of tropical ecology**, v.9, n.2, p.199-211, 1993.
- GIUDICE-NETO, J. **Estrutura genética por isoenzimas em populações naturais de Jacarandá paulista (*Machaerium villosum* Vog.).** Piracicaba, 1999. 128p. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo
- HAMRICK J.L.; MURAWSKI, D.A.; NASON, J.D. The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations. **Vegetation**, v.107/108, p.281-297, 1993.
- KAGEYAMA, P.Y. Conservação in situ dos recursos genéticos de plantas. **IPEF**, v.35, p.7-48, 1987.
- KÖPPEN, W.P. **Grundriss der klimakunde: zweite, verbesserte auflage der klimate der erde.** Berlin: Walter de Gruyter, 1931.
- LEWIS, P.; ZAYKIN, D. **Genetic data analysis: Versão 1.0 para Windows 3.1.** 1999.
- MORAES, P.L.R. **Estrutura genética de populações de *Cryptocarya moschata* Nees e Martius Ex Nees (Lauraceae).** Rio Claro, 1997. 190p. Tese (Doutorado). Faculdade de Ciências Biológicas. Universidade Estadual Paulista.
- MURAWSKI, D.A.; DAYANANDAN, B.; BAWA, K.S. Outcrossing rates of two endemic Shorea species from Sri Lanka tropical rain forest. **Biotropica**, v.26, n.1, p.23-29, 1994.
- OLIVEIRA, A.F. **Estrutura genética de populações naturais de *Copaifera langsdorffii* Desf. a partir de isoenzimas.** Lavras, 2000. 114p. Dissertação (Mestrado). Departamento de Ciências Florestais. Universidade Federal de Lavras
- OLIVEIRA, A.K.B. **Variedade genética entre e dentro de populações naturais de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) do Estado de Goiás.** Goiânia, 1998. 105p. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Agronomia. Universidade Federal de Goiás.
- O'MALEY, D.M.; BAWA, K.S. Mating system of a tropical rain forest tree species. **American journal of botany**, v.74, n.8, p.1143-49, 1987.
- PÓVOA, J.S.R. **Distribuição da variabilidade genética de *Cedrela fissilis* Vell. em fragmentos florestais no sul de Minas Gerais, por meio de isoenzimas.** Lavras, 2002. 95p. Dissertação (Mestrado). Departamento de Ciências Florestais. Universidade Federal de Lavras
- REIS, M.S. **Distribuição e dinâmica da variabilidade genética em populações naturais de palmitero (*Euterpe edulis*).** Piracicaba, 1996. 209p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo
- RIZZINI, C.T. Árvores e arbustos do cerrado. **Rodriguésia**, v.26, n.38, p.63-77, 1971.
- SEBBENN, A.M. **Distribuição da variação genética de populações de jequitibá-rosa (*Cariniana legalis* (Mart.) O.Ktze) por caracteres quantitativos e isoenzimas.** Piracicaba, 2001. 210p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo

- SLATKIN, M.; BARTON, N.H. A comparison of three methods for estimating average levels of gene flow. **Evolution**, v.43, n.7, p.1349-1368, 1989.
- SOUZA, L.M.F.I. **Estrutura genética de populações naturais de *Chorisia speciosa* St. Hil. (Bombacaceae) em fragmentos florestais na região de Bauru (SP) – Brasil**. Piracicaba, 1997. 76p. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo
- SWOFORD, D.L.; SELANDER, R.B. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. **Journal of Heredity**, v.72. p.282-283, 1989.
- VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. **IPEF**, v.35, p.79-84, 1987.
- VENCOVSKY, R. Análise de variância de frequências alélicas. **Revista brasileira de genética**, v.15 (suplemento 1), p.53-60, 1992.
- VILELA, G.F. **Variações naturais de *Caryocar brasiliense* Camb. (Cariocaraceae): fenológicas, genéticas e de valores nutricionais de frutos**. Lavras, 1998. 88p. Dissertação (Mestrado). Departamento de Ciências Florestais. Universidade Federal de Lavras
- WEIR, B.S. Genetic data analysis: methods for discrete population genetic data. **Sunderland**, 1990. 377p.