

## DETERMINAÇÃO DE ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA A CONSERVAÇÃO: UM INDICADOR GERAL BASEADO EM ÍNDICES GENÉTICOS POPULACIONAIS

Renara Bittencourt Vieira\*, Valdir Marcos Stefenon<sup>2</sup>

\*Aluna do curso de Gestão Ambiental em Universidade Federal do Pampa. Contato: [renaramariabittencourt@gmail.com](mailto:renaramariabittencourt@gmail.com)

### RESUMO

A determinação de estratégias e ações que permitam o equilíbrio entre a geração de renda e a conservação ambiental é um dos muitos papéis do Gestor Ambiental. Assim, a determinação de índices que complementem as atuais estratégias utilizadas para a escolha de áreas prioritárias para a conservação é uma ferramenta essencial para tomadas de decisões conscientes e cientificamente embasadas. Nesse trabalho, índices genéticos foram trabalhados e sistematizados visando sumarizar os componentes de diversidade genética estimados em populações naturais, de maneira padronizada. Para desenvolver o índice de conservação ( $c$ ), foram utilizados dados genéticos publicados para duas espécies arbóreas nativas do Rio Grande do Sul. O índice leva em consideração diferentes medidas de diversidade genética, as quais recebem valores correspondentes à sua importância para a conservação de populações da espécie em questão. Os resultados mostram que marcadores moleculares SSR possibilitam a obtenção de maiores valores totais ( $c$ ), devido ao maior número de indicadores de diversidade genética que esses marcadores geram. Contudo, marcadores dominantes AFLP também geraram valores de  $c$ , que permitem a identificação de áreas prioritárias para a conservação. Não existe, nos dados avaliados, um único indicador genético que se sobrepõem na determinação de  $c$ , demonstrando que o conjunto de todos os indicadores genéticos é essencial na avaliação. Conclui-se que a condensação de diferentes indicadores genéticos em um único índice de conservação permite a valoração dos índices genéticos como um indicador simples para a determinação de áreas prioritárias para conservação.

**PALAVRAS-CHAVE:** Diversidade genética, biodiversidade, área de conservação

### INTRODUÇÃO

Um dos papéis do Gestor Ambiental é determinar estratégias e ações que permitam o equilíbrio entre a geração de renda e a conservação ambiental. Essa atividade, por sua vez, acarreta em acompanhar a efetividade dessas estratégias e ações através de indicadores específicos. Uma alternativa de produção de renda aliada à conservação ambiental é o aproveitamento de ambientes florestais.

Contudo, a grande quantidade de bens e serviços providos pelas florestas cria um desafio aos tomadores de decisões a respeito de manejo (Ventrubova 2015), assim como na determinação de quais áreas devem ser priorizadas para a conservação. De acordo com a atual legislação Brasileira, áreas de preservação permanente são aquelas onde a vegetação nativa é fundamental para conter os processos de erosão, proteger rios e mananciais, morros, montanhas, serras, encostas em declividade, chapadas e restingas (Metzger, 2002). Apesar destes critérios serem importantes, a diversidade genética não tem sido considerada pelos tomadores de decisões na maioria dos casos.

Medidas de diversidade genética são consideradas ferramentas valiosas na restauração e mitigação em ecossistemas perturbados (Jahnke et al. 2015), além de estarem diretamente relacionados com a capacidade de sobrevivência e reprodução de populações naturais. Esse trabalho apresenta uma primeira tentativa objetivando o desenvolvimento de um indicador que possibilite sumarizar os componentes de diversidade genética estimados em populações naturais, de maneira padronizada. Apresenta-se um índice que possibilita ampliar os critérios de identificação de áreas prioritárias para a conservação de recursos naturais, incluindo nas tomadas de decisões, um único valor que reúne diversos aspectos genéticos diretamente relacionados com a capacidade de sobrevivência e resiliência das populações.

### METODOLOGIA

Objetivando desenvolver um índice de conservação ( $c$ ) que sume estimativas de índices genéticos, dados de diversidade genética estimados para cinco populações de *Luehea divaricata* (açoita-cavalo; Nagel et al., 2015) e nove de *S. molle* (aroeira-vermelha; Lemos et al., 2015) foram utilizados. Os índices genéticos estimados para *L. Divaricata*, obtidos a partir de marcadores microssatélites foram:  $H_e$  (heterozigosidade esperada),  $H_o$  (heterozigosidade observada),  $A_e$  (número efetivo de alelos),  $F$  (índice de endogamia) e  $Sp$  (nível de parentesco entre indivíduos em relação a sua distribuição geográfica dentro da população). Para *S. molle*, os índices genéticos estimados a partir de marcadores AFLP

foram  $H$  (diversidade genética, similar à heterozigosidade esperada)  $Br$  (riqueza de bandas) e PLP (porcentagem de locos polimórficos).

Para a computação do índice  $c$ , valores de  $c = 1$  a  $c = 10$  foram determinados para as estimativas de cada componente de diversidade genética (Tabela 1). Para os índices genéticos  $H_e$ ,  $H_o$ ,  $H$  e PLP, cuja estimativa varia de 0,0 a 1,0, foram determinados valores de 1 a 10 em escala crescente (Tabela 1). Para os índices  $A_e$ ,  $Sp$  e  $Br$ , cujas estimativas variam de 1,0 a  $\infty$ , o valor  $c = 10$  foi determinado para o maior valor de estimativa obtida entre as populações estudadas e para os demais realizou-se regra de três para obter os valores correspondentes (Tabela 1). O índice de endogamia  $F$ , por sua vez, varia de  $F = -1,0$  a  $F = +1,0$ , sendo  $F = 0,0$  indicador de que a população está em equilíbrio. Para esse índice genético, zero é considerada a melhor condição e equivale ao índice de conservação  $c = 10$ . Os demais valores, positivos ou negativos, determinam o desvio da população deste equilíbrio e forma valorados em módulo (Tabela 1). A soma dos valores de conservação provenientes de cada índice genético determinam o valor de importância de cada população para sua conservação  $c_i$ , sendo o maior valor determinado para a população com maior importância para a conservação dos recursos genéticos da espécie.

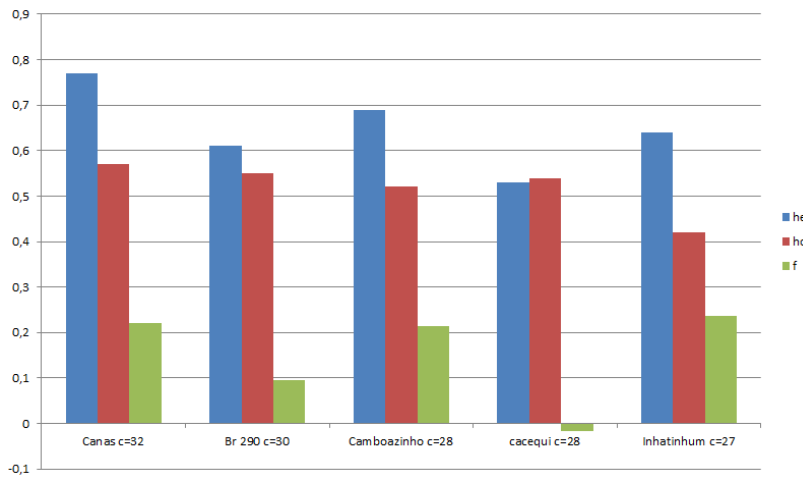
**Tabela 1:** Valores do índice de conservação ( $c$ ) determinados para cada valor estimado para os índices de diversidade genética.

$c$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$H$ , $H_e$ , $H_o$	0,0 a	1,1 a	2,1 a	3,1 a	4,1 a	5,1 a	6,1 a	7,1 a	8,1 a	9,1 a
PLP	1,0	2,0	3,0	4,0	5,0	6,0	7,0	8,0	9,0	10,0
$A_e$ , $Br$ , $Sp$	menor valor		Proporção						maior valor	
$F$	0,0 a 1,0	1,1 a 2,0	2,1 a 3,0	3,1 a 4,0	4,1 a 5,0	5,1 a 6,0	6,1 a 7,0	7,1 a 8,0	8,1 a 9,0	9,1 a 10,0

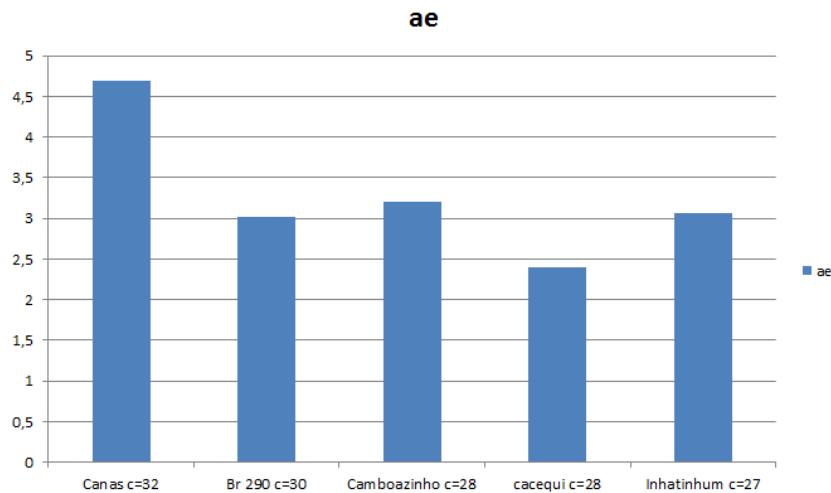
## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Devido ao fato de terem sido utilizados maior número de indicadores de diversidade genética provenientes de marcadores SSR (genética ( $H_e$ ,  $H_o$ ,  $A_e$ ,  $F$  e  $Sp$ )), os valores de  $c_i$  estimados foram muito maiores para as populações de *L. divaricata* (Tabela 2). O maior índice de conservação para *L. divaricata* foi observado para a população Canas, seguida por BR290, Camboazinho, Cacequi e Inhatinhum (Tabela 2). Para *S. molle*, o maior índice obtido foi nas populações BG e MV ( $c_i = 10$ ), seguidas por DP, SG, SL, AL e QR com  $c_i = 9,0$ , CS com  $c_i = 7,0$  e VN com  $c_i = 5,0$  (Tabela 2).

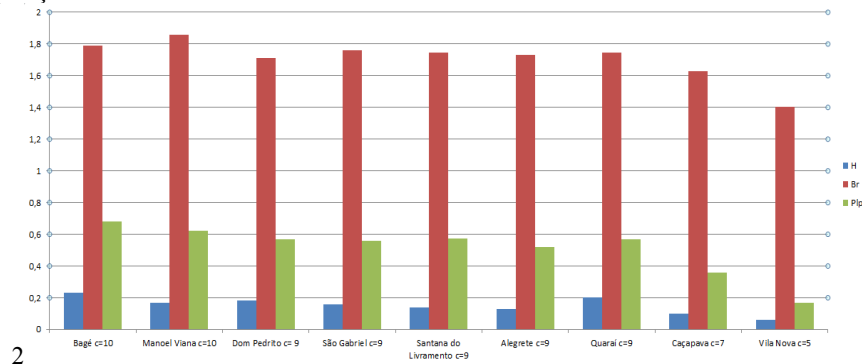
Conforme observado nas figuras 1, 2 e 3, pode-se afirmar que nenhum dos indicadores genéticos se sobressai na determinação do índice de conservação. A combinação dos diferentes índices genéticos determina o real valor de conservação de cada população. Essa resultado é coerente, visto que uma população com baixo número de alelos (i.e.  $A_e = 2,0$ ) pode apresentar uma alta proporção de heterozigotos ( $H_o$  e  $H_e$ ). Da mesma forma, o nível de parentesco relacionado à distribuição geográfica dos indivíduos dentro da população (determinado pelo índice genético  $Sp$ ) é importante pois está diretamente relacionado com o aumento do índice de endogamia e redução dos índices de diversidade  $H_o$ ,  $H_e$  e  $A_e$ . A riqueza alélica é um importante fator na manutenção da diversidade genética e, conseqüentemente, maior capacidade adaptativa e de sobrevivência. Por outro lado, a heterozigosidade também é considerada um importante fator na manutenção da diversidade genética, capacidade adaptativa e de sobrevivência. Assim, uma população depende da interação entre os diferentes índices genéticos para apresentar um alto valor para conservação dos recursos genéticos de uma espécie.



**Figura 1:** Estimativas de heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e Índice de endogamia ( $f$ ) para populações *Luehea divaricata* (Nagel et al., 2015). Valor de  $c_i$  de cada população é dado no eixo x.



**Figura 2:** Estimativas de número efetivo de alelos ( $A_e$ ) para populações *Luehea divaricata* (Nagel et al., 2015). Valor de  $c_i$  de cada população é dado no eixo x.



**Figura 3:** Estimativas de heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), riqueza de bandas ( $Br$ ) e porcentagem de locos polimórficos ( $Pp$ ) para populações *Schinus molle* (Lemos et al., 2015). Valor de  $c_i$  de cada população é dado no eixo x.

Jahnke et al. (2015) reportaram a existência de maior resistência e resiliência em indivíduos com maior diversidade genética e genotípica da espécie marinha *Posidonia oceanica*.

O presente trabalho demonstra que sumarizando os índices genéticos estimados para populações naturais é possível ampliar os indicadores utilizados para a determinação de áreas prioritárias para a conservação. A quantificação destes índices em uma escala padronizada e sua união em um único índice permitirá uma fácil avaliação dos diferentes

aspectos genéticos que determinam a capacidade adaptativa, de sobrevivência e de reprodução (*fitness*). Este índice também permitirá a comparação entre diversas populações, desde que o mesmo marcador e os mesmos índices genéticos sejam avaliados. Os próximos passos deste trabalho serão a ampliação dos testes para validação do índice  $c$  e o desenvolvimento de um programa computacional que realize a padronização, transformação dos dados e cálculo de  $c$  de maneira rápida e simples.

**Tabela 2:** Valores estimados para o índice de conservação ( $c_i$ ) para populações de *Luehea divaricata* (marcadores microssatélites) e de *Schinus molle* (marcadores AFLP) baseado em indicadores de diversidade genética.

*L. divaricata*

População	Canas	BR290	Camboazinho	Cacequi	Inhatingum
$c_i$	32	30	28	28	27

*S. molle*

População	BG	MV	DP	SG	SL	AL	QR	CS	VN
$c_i$	11	11	10	10	10	10	10	08	06

**Conclusões**

A condensação de diferentes índices genéticos em um único índice de conservação permite a valoração dos índices genéticos como um indicador simples para a determinação de áreas prioritárias para conservação.

**Referencias**

- Ventrubova K. (2015). Toolbox with Valuation of Forest Ecosystem Services Approaches. Forest Research Open Access 4:1. DOI: 10.4172/2168-9776.1000e114.
- Metzger J.P. (2002). Bases biológicas para a “reserva legal”. *Ciência Hoje*: 31, nº183. 48-49
- Jahnke, M., Olsen J.L., Procaccini G. (2015). A meta-analysis reveals a positive correlation between genetic diversity metrics and environmental status in the long-lived seagrass *Posidonia oceanica*. *Molecular Ecology* 24: 2336-2348. DOI: 10.1111/mec.13174.
- Nagel J.N., Ceconi D.E., Poletto I., Stefenon V.M. Historical gene flow within and among populations of *Luehea divaricata* in the Brazilian Pampa. *Genetica* 317-329. DOI: 10.1007/s10709-015-9830-9.
- Lemos R., D’Oliviera C., Stefenon V. (2015). Genetic structure and internal gene flow in populations of *Schinus molle* (Anacardiaceae) in the Brazilian Pampa. *Tree Genetics & Genomes* (no prelo)