

---

# Estruturação genética na escala de paisagem

MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES<sup>1</sup> \*  
ROGÉRIO PEREIRA BASTOS<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

<sup>2</sup> Departamento de Ecologia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

\* e-mail: mpctelles@pq.cnpq.br

## RESUMO

O aumento na disponibilidade de bancos de dados geo-referenciados em escala regional, aliado aos numerosos marcadores genéticos disponíveis e às inovações nas análises estatístico-espaciais, resultou em um enorme avanço na habilidade de estudar a influência das variáveis da paisagem na determinação da variação/estrutura genética nas populações. Como consequência, surgiu uma abordagem que integra ecologia de paisagem, estatística espacial e genética de populações (*Landscape Genetics*), permitindo o aprimoramento dos estudos tradicionais em genética de populações. Essa abordagem utiliza análises que permitem testar de forma explícita a influência das características do ambiente/paisagem no fluxo gênico, criando descontinuidades genéticas e estruturando geneticamente as populações. Existem várias questões básicas e aplicadas que podem ser estudadas com essa abordagem, mas em todos os casos um ponto que deve ser avaliado com cautela é o delineamento amostral para a coleta de material biológico, que nos estudos genético-populacionais normalmente é realizado de maneira “oportunistamente” em locais conhecidos ou de fácil acesso. A consequência é a possível falha na detecção da variação espacial nos dados genéticos, resultando em dificuldades no entendimento dos processos espaciais ou na inferência errônea do modelo ecológico-evolutivo subjacente aos padrões. Algumas dessas metodologias foram utilizadas para analisar a estrutura genética de *Physalaemus cuvieri* (Anura: Leptodactylidae) no Cerrado, com base em marcadores RAPD, relacionando-a aos padrões de ocupação humana no Estado de Goiás. Pode-se verificar que a variabilidade genética está estruturada nas populações e a análise de descontinuidade genética mostrou que existem características da ocupação humana que afetam a divergência genética entre populações de *P. cuvieri*. Levando-se em conta estas informações, foi possível estabelecer de forma mais efetiva e complexa, unidades operacionais intrapopulacionais que conservem a variabilidade genética existente e auxiliem na definição de áreas que contenham populações mínimas viáveis. Embora os estudos de genética na escala de paisagem ainda possam ser considerados recentes, espera-se, para um futuro próximo, que um avanço nessa área dependerá do aprimoramento dos novos métodos, bem como de uma melhor amostragem de dados genéticos a fim de que estes possam ser analisados pelas técnicas espaciais e de ecologia da paisagem. Deste modo, existe uma diversidade de vocabulário, métodos e idéias sendo disponibilizados e somente será possível considerar “genética da paisagem” como uma disciplina, quando geneticistas de populações, ecólogos da paisagem e estatísticos espaciais comunicarem regularmente, disponibilizando tanto as ferramentas quanto a forma correta de uso das mesmas para a comunidade científica.

## ABSTRACT

The increase availability of many georeferences databanks at regional scale, associated with many recently developed molecular markers and innovations in spatial data analysis techniques resulted in a great advance in our ability to study the influence of explanatory variables measured at landscape scale in the determination of population genetic variation. As a consequence, a new approach emerged, by integrating landscape ecology, spatial statistics and population genetics (Landscape genetics), improving the more traditional studies of population genetics. This new approach uses analyses that allow a direct test of how environment creates genetic discontinuities and drives population genetics structures. There are many basic and applied questions that can be studied with this new approach, but in all cases an important issue is that answering them require a much better sampling within and among local populations, which is currently performed in an opportunistic way. In this paper I used some of the methodologies developed in the context of landscape genetics to evaluate population structure of *Physalaemus cuvieri* (Anura: Leptodactylidae) in Cerrado, based on RAPD molecular markers and relating the patterns found with patterns of human occupation in the Goiás State. It was possible to detect a clear population structure in data, and analyses of genetic discontinuities showed that it is associated to elements of human occupation throughout the region. Taking all evidence into account, it was possible to establish in a more effective way intraspecific operational units for conservation. Although landscape genetic studies are still recent, it is expected that advances in this new area will depend on the development of new methods, as well as a better sampling of new genetic data that can be analyzed using such techniques of spatial analyses and landscape ecology. Thus, there is currently a diversity of terms, methods and ideas being formalized and only when population geneticists, landscape ecologists and spatial statisticians are able to freely communicate, making available well-developed and applied tools, landscape genetics will be considered a new and independent discipline.

## INTRODUÇÃO

O aumento na disponibilidade de bancos de dados georeferenciados em escala regional, aliado aos numerosos marcadores genéticos moleculares disponíveis e às inovações nas análises estatístico-espaciais, resultou em um enorme avanço na habilidade de estudar a influência das variáveis da paisagem na determinação da variação/estrutura genética existente nas populações naturais. Como consequência, surgiu uma abordagem que integra ecologia de paisagem, estatística espacial e genética de populações (*Landscape genetics*), permitindo o aprimoramento dos estudos tradicionais em genética de populações (Manel *et al.*, 2003; Guillot *et al.*, 2005).

A análise genética em escala de paisagem é uma área que está historicamente ligada aos trabalhos desenvolvidos por Robert R. Sokal e colaboradores a partir dos anos 70, recentemente inseridos em um contexto maior de genética geográfica (Epperson, 2003). Nessa nova área, diversas metodologias de análise estatística espacial são aplicadas com o objetivo de descrever

padrões espaciais da variabilidade genética e revelar os processos microevolutivos subjacentes a esses padrões entre e dentro de populações de uma mesma espécie (Manel *et al.*, 2003). A aplicação dessas técnicas se ampliou nos últimos anos (Manel *et al.*, 2007; Storfer *et al.*, 2007), embora a maior parte dos trabalhos que avaliam componentes geográficos da variabilidade genética seja realizada em um contexto de filogeografia, que considera de forma espacialmente não-explícita de que modo linhagens filogenéticas definidas com base em marcadores moleculares (normalmente de DNA mitocondrial ou de cloroplasto) estão distribuídas no espaço geográfico em grandes escalas (regionais, continentais ou globais) (Avice, 2004; Diniz-Filho *et al.*, 2008).

Holderegger & Wagner (2006) acreditam que essa nova área de pesquisa irá induzir os ecólogos da paisagem a pensar mais sobre os processos subjacentes aos padrões espaciais, do mesmo modo como os geneticistas de populações deverão entender que os padrões na paisagem e atividades humanas podem estar associados à dinâmica dos processos microevolutivos que geram

divergência entre indivíduos e populações. Consequentemente, os ecólogos poderão utilizar melhor os métodos moleculares modernos e os geneticistas de populações poderão formular e testar de maneira mais adequada hipóteses incorporando explicitamente as características da paisagem.

A nova abordagem pretende entender a estruturação genética na escala de paisagem e, para tanto, necessita de análises que permitam testar de forma explícita a influência das características do ambiente e/ou paisagem nos padrões de fluxo gênico, gerando descontinuidades que poderão influenciar na estruturação da variabilidade geneticamente presente nas populações. De um modo geral, a proposta é avaliar o poder de explicação adicional dessas características, levando-se em consideração a escala de paisagem no processo de modelagem, quando comparado ao efeito simples das distâncias geográficas que, seguindo as abordagens clássicas em genética de populações, seria o “modelo nulo” a ser utilizado (Holderegger & Wagner, 2006).

Outras aplicações possíveis, a partir dessa abordagem, é a de identificação dos limites da distribuição geográfica das espécies crípticas, que são gerados por interrupções ao fluxo gênico entre as populações centrais e periféricas e que não podem ser explicadas por nenhuma outra causa óbvia, bem como a detecção de zonas de contato secundário entre populações que estiveram separadas anteriormente (Storfer *et al.*, 2007). Nesse contexto, para contribuir efetivamente para o entendimento de como os processos microevolutivos podem gerar estruturação genética espacial, os dados devem ser coletados com maior precisão e em uma escala espacial refinada, diferente dos estudos filogenéticos tradicionais (Manel *et al.*, 2003).

Os dois passos-chave para os estudos de genética na escala de paisagem são a detecção das “descontinuidades genéticas” e a estimativa da correlação destas com as características ambientais e da própria paisagem, tais como barreiras (por exemplo, montanhas, gradiente de umidade, regiões de intensa ocupação humana, padrões de matriz-manchas etc.). Essa abordagem propicia informações que podem ser úteis em diversas áreas de pesquisa. Para biólogos evolucionistas e ecólogos, pode auxiliar no entendimento de quais e como ocorre a influência do movimento dos indivíduos e/ou dos gametas na estruturação genética de uma população. Entender a dinâmica do fluxo gênico também é fundamental para conhecer os fatores que possibilitam ou previnem a adaptação local, além de possibilitar inferir como ocorre a difusão de novas mutações benéficas na população (Sork *et al.*, 1999; Sork & Smouse, 2006).

Contudo, uma das principais dificuldades da maioria dos biólogos e conservacionistas é exatamente determinar o que se constitui uma barreira natural ou artificial ao fluxo gênico, dentro e entre populações, que está diretamente ligado à persistência da mesma em médio e longo prazo. Neste contexto, as respostas advindas dessa área poderão auxiliar no aprimoramento, por exemplo, da habilidade em delinear Unidades Evolutivas Significativas (*Evolutionary Significant Units*), Unidades de Manejo (*Management Units*), Unidades de Conservação (*Conservation Units*) ou Unidades Operacionais (*Operational Units*) mais eficientes, que são dependentes da detecção da existência bem como da estimativa da magnitude da subdivisão genética entre as populações (Moritz, 1994; Crandall *et al.*, 2000; Moritz, 2002; Diniz-Filho & Telles, 2002; Diniz-Filho *et al.*, 2008).

Existem várias questões básicas e aplicadas a serem examinadas com essa nova abordagem de análise genética na escala de paisagem que podem ser sintetizadas em cinco categorias: 1) quantificar a influência da configuração das populações e variáveis da paisagem na variação genética; 2) identificar barreiras que reduzem o fluxo gênico; 3) identificar dinâmica de fonte-sumidouro e movimentos em corredor; 4) entender as escalas espaciais e temporais dos processos ecológicos; e 5) testar hipóteses ecológicas espécie-específicas (Storfer *et al.*, 2007).

As categorias 1 e 2 têm sido o escopo principal da maioria dos trabalhos, de modo que o objetivo principal dessas novas aplicações é quantificar o efeito da configuração da paisagem nas estimativas indiretas de fluxo gênico e estruturação populacional (Telles *et al.*, 2007; Soares *et al.*, 2008). Neste contexto, os dados genéticos têm sido utilizados para identificar descontinuidades genéticas através da identificação de barreiras que geram interrupções muito ou pouco abruptas ao fluxo gênico, dependendo do tipo de barreira presente nas áreas de estudo (Storfer *et al.*, 2007). A possibilidade de identificar essas barreiras tem implicações importantes para o melhor entendimento dos fatores ecológicos, dos processos microevolutivos e contribuir para o delineamento de estratégias eficientes de conservação biológica (Dodd *et al.*, 2004; Gee, 2004; Funk *et al.*, 2005).

Entender a dinâmica de fonte-sumidouro e a variação qualitativa entre habitats pode ser útil para identificar movimentos em corredor e auxiliar na proposição de delineamentos de reservas para a conservação. Outra possibilidade é a detecção de padrão de fluxo gênico assimétrico, utilizando dados gerados por alelos privados, para identificar habitats que contem populações fonte e sumidouro e estimar o número de migrantes entre as

populações, usando uma abordagem de coalescência (Avice, 2000; Beerli & Felsenstein, 2001) ou “assignment test” (Wilson & Rannala, 2003).

A título de exemplo, em seguida serão apresentados os resultados de um trabalho que utiliza essa abordagem de análise genético-populacional na escala de paisagem. O objetivo geral do trabalho foi analisar a estrutura genética de populações de *Physalaemus cuvieri* (Amphibia: Anura: Leptodactylidae) do Cerrado, utilizando marcadores RAPD, relacionando-a aos padrões de ocupação humana no Estado de Goiás e, com base nos padrões de autocorrelação espacial, delineando Unidades Operacionais que permitem definir estratégias ótimas para a conservação da variabilidade genética da espécie.

#### DEFINIÇÃO DE UNIDADES OPERACIONAIS PARA A CONSERVAÇÃO DE *PHYSALAE MUS CUVIERI* (ANURA) E PADRÕES DE OCUPAÇÃO HUMANA DO ESTADO DE GOIÁS

Um dos maiores desafios científicos deste século é desenvolver e programar estratégias para evitar a perda de uma parcela importante da biodiversidade global devida principalmente ao aumento acelerado das atividades humanas (Fahring, 2003; Ewers, 2005). De fato, em diversos biomas brasileiros, notadamente a Mata Atlântica e o Cerrado, o processo de ocupação humana fez com que fragmentos pequenos e isolados sejam os únicos representantes atuais da antes abundante cobertura vegetal (Oliveira & Marquis, 2002).

Conforme já discutido, está claro que o conhecimento da estrutura genética das populações naturais, especialmente quando estabelecido a partir de dados moleculares (marcadores neutros), pode ser de grande importância para estabelecer programas de manejo e conservação destas populações (Crozier, 1997; Frankham *et al.*, 2003; Avice, 2004). Em um sentido amplo, o problema na conservação dos Cerrados, como ocorre em diversas regiões do mundo, tem raízes nas políticas agrícolas e de ocupação territorial impróprias, bem como no crescimento rápido da população humana. Historicamente, a expansão agropastoril e o extrativismo mineral no Cerrado têm se caracterizado por um modelo de expansão de área com baixa eficiência relativa, com elevado impacto ao meio ambiente (Klink & Moreira, 2002; Galinkin, 2003).

Os anfíbios, de uma maneira geral, têm sido utilizados como bio-indicadores de ambientes alterados por serem animais muito sensíveis às mudanças no seu habitat natural, como os causados pelos processos descritos acima. Investigações sobre as respostas desses

organismos às alterações ambientais são importantes para a biologia da conservação, pois existem evidências quantitativas sobre o declínio de várias de suas populações em todo o mundo (Stuart *et al.*, 2004). Espécies que são localmente abundantes e/ou têm maior área de distribuição geográfica, tais como *Bufo paracnemis*, *Hyla albopunctata*, *H. minuta*, *Leptodactylus ocellatus* e *Physalaemus cuvieri*, entre outras, poderiam servir como organismos-modelo para avaliar esses processos de fragmentação da paisagem e da perda de habitats na região do Cerrado (Colli *et al.*, 2002) e avaliar as consequências dessas modificações da paisagem na dinâmica microevolutiva das populações de cada espécie. A fim de ilustrar a aplicação de algumas técnicas de análise genética na escala de paisagem, foram analisadas 18 populações locais de *Physalaemus cuvieri* no Estado de Goiás, seguindo a metodologia discutida em detalhe por Telles *et al.* (2006, 2007).

#### Variabilidade genética entre e dentro de populações locais

De uma maneira geral as populações de *Physalaemus cuvieri* apresentam uma considerável variabilidade genética considerando os 9 primers de RAPD selecionados. O número de locos por *primer* variou entre 4 e 17, totalizando 126 locos nas 18 populações analisadas. A proporção de locos polimórficos variou entre 81% e 94% nas populações, com um valor global de 97%. A diversidade genética ou heterozigose esperada foi relativamente alta e não variou muito entre as populações, alcançando valores entre 0,318 e 0,389 nas populações, com um valor global de 0,408.

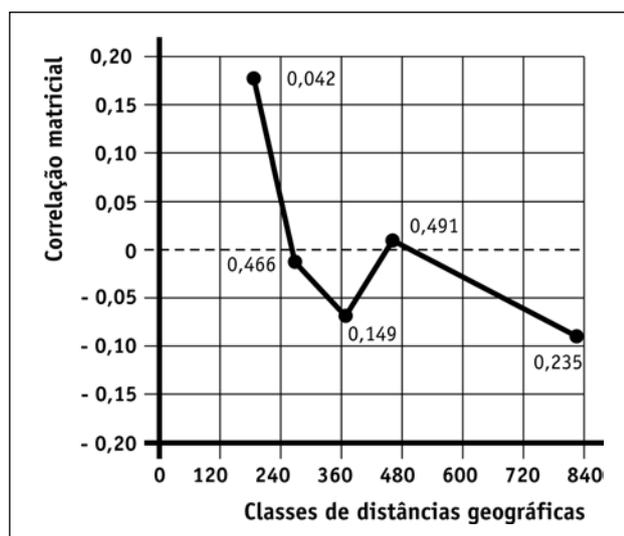
A avaliação da estruturação da variabilidade genética utilizando uma Análise de Variância Molecular (AMOVA) forneceu uma estimativa global de  $\Phi_{ST} = 0,101$  ( $P < 0,0002$ , com 5000 permutações), de modo que 89,86% da variância genética está no componente intrapopulacional. Considerando a escala geográfica em estudo (maior distância igual a 845,1 km), mesmo populações que estão próximas geograficamente já apresentam uma considerável divergência genética.

#### Padrões espaciais da divergência genética das populações

A partir das análises de variabilidade genética entre e dentro das populações pode-se observar que existe diferenciação significativa entre as populações. A etapa seguinte é verificar como a variabilidade genética está estruturada no espaço. As distâncias genéticas obtidas pela AMOVA ( $\Phi_{ST}$  entre os pares de populações) variaram entre 0,012 e 0,175. Em função da

alta dimensionalidade dos dados genéticos utilizados (RAPD), não foi possível representar de forma satisfatória as distâncias genéticas utilizando técnicas de agrupamento ou ordenação, como UPGMA ou NMDS. Isso mostra que não existe um padrão espacial claro que possibilite a interpretação global da estruturação da variabilidade genética, sugerindo que investigações mais detalhadas e que levem em conta outras variáveis que possivelmente estejam interferindo na microevolução destas populações devem ser realizadas. De fato, o teste de Mantel revelou que há uma correlação matricial baixa e não significativa entre distância genética e geográfica, igual a 0,140 ( $P = 0,129$ , com 5000 permutações). Esses resultados sinalizam que a distância geográfica sozinha não é capaz de explicar o padrão espacial da variabilidade genética entre essas populações de *P. cuvieri*.

Um correlograma multivariado pode ser obtido como uma extensão do teste de Mantel e permite relacionar o coeficiente de correlação matricial com o aumento das distâncias geográficas (Figura 1), sugerindo haver um padrão de isolamento-por-distância na variação genética, com populações próximas no espaço geográfico, situadas entre si a distâncias menores do que 180 quilômetros, tendendo a ser mais similares geneticamente entre si do que o esperado pelo acaso ( $r = 0,169$ ,  $p = 0,042$  com 5000 permutações). À medida que as distâncias geográficas aumentam as correlações matriciais diminuem e deixam de ser significativas.



**FIGURA 1** – Correlograma de Mantel construído com base nas distâncias genéticas ( $\Phi_{ST}$ ) entre 18 populações de *P. cuvieri*, ao longo de cinco classes de distâncias geográficas. Os números indicam a probabilidade de erro tipo I obtida usando 5.000 permutações pelo teste de Mantel.

### Correspondência entre Distâncias Genéticas e Dados Sócio-Econômicos e Ambientais

Uma análise de descontinuidade foi realizada selecionando-se 20% dos maiores desvios na relação entre distâncias genéticas e distâncias geográficas, mostrando que uma série de descontinuidades aparecem nas regiões Sudeste e Noroeste do Estado de Goiás, separando inclusive populações muito próximas no espaço geográfico.

Uma inspeção visual das distâncias genéticas nessas conexões em relação ao mapa de fragmentos naturais remanescentes no Estado de Goiás com área > 100 ha, disponibilizado pela SMARH do Estado de Goiás, sugere que efeitos antrópicos ligados à fragmentação da paisagem podem estar interferindo nos padrões de divergência genética e nas descontinuidades. A fim de avaliar de modo quantitativo essa hipótese, pareou-se as distâncias genéticas ao longo das conexões de Delaunay, com dados médios ou somas de algumas variáveis mais associadas a esse processo: Distâncias geográficas, em escala logarítmica (G); Ano médio de instalação dos municípios (A); População humana no ano 2000, em escala logarítmica (P); Renda per capita (R); Número de municípios ao longo da conexão de Delaunay (NM); Número de fragmentos naturais (NF); Área dos fragmentos naturais (AF). Essas variáveis foram combinadas a fim de gerar 12 modelos (Tabela 1), que foram então comparados pelo critério de Akaike (AIC) a fim de selecionar o modelo mais parcimonioso.

O menor valor de AIC foi obtido para o modelo que usa como preditores população humana e ano médio de instalação dos municípios ( $P + A$ , com  $AIC_c = 11,0909$ ), seguido pelo modelo com as duas variáveis de fragmentação ( $AF + NF$ , com  $AIC_c = 11,0932$ ) e pelo modelo envolvendo distâncias geográficas e ano de instalação dos municípios ( $G + A$ , com  $AIC_c = 11,0933$ ). No modelo mais explicativo, distâncias genéticas mais elevadas aparecem em conexões com maior população humana e com anos médios de instalação mais elevados (menos tempo até o presente). Pode-se perceber que a combinação dos efeitos dessas duas variáveis preditoras ( $P$  e  $A$ ) explica diferentes conjuntos de barreiras, o que é esperado considerando a baixa correlação entre  $P$  e  $A$  ao longo da rede ( $r = -0,019$ ).

### Estratégias para a conservação da variabilidade genética

Os resultados deste estudo mostram importantes efeitos de uma dinâmica diferenciada de ocupação humana entre as regiões do Estado de Goiás, que por sua vez determinam consequências diversas para a paisagem

**TABELA 1** – Resultados da seleção de modelos para explicar a divergência genética ao longo das conexões na rede de Delaunay, utilizando o critério de Akaike. Valores de  $\Delta_i$  menores do que 2 indicam modelos mais informativos.

	MODELOS*	$AIC_c$	$\Delta_i$	$w_i$	$R^2$
1	Saturado	40,51240	29,42150	0,00000	0,34560
2	G + A	11,09330	<b>0,00240</b>	0,28843	0,13570
3	G + A + P	15,01392	3,92302	0,04062	0,26540
4	G + A + P + R	19,64992	8,55902	0,00400	0,28480
5	G + A + P + R + NM	25,21308	14,12218	0,00025	0,30970
6	NF + AF	11,09325	<b>0,00235</b>	0,28844	0,13850
7	NF + AF + P	15,01321	3,92231	0,04063	0,30280
8	NF + AF + P + NM	19,64956	8,55866	0,00400	0,30380
9	NF + AF + P + NM + R	25,21302	14,12212	0,00025	0,31320
10	A + G + NF + AF	19,65230	8,56140	0,00399	0,15930
11	P + R + NM	15,01367	3,92277	0,04062	0,27870
12	P + A	11,09090	<b>0,00000</b>	0,28878	0,26260

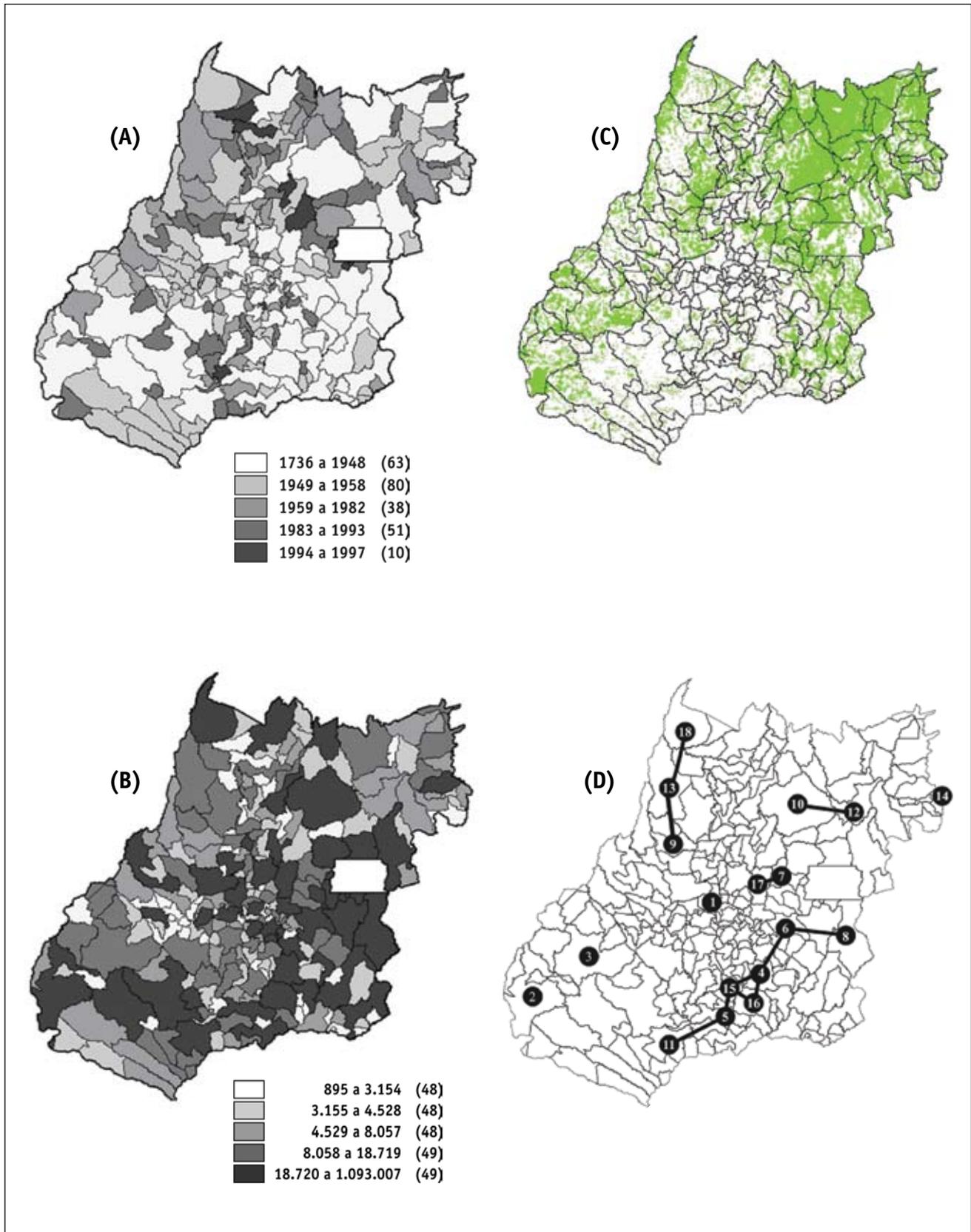
(\*) Variáveis preditores nos modelos: Distâncias geográficas, em escala logarítmica (G); Ano médio de instalação dos municípios (A); População humana no ano 2000, em escala logarítmica (P); Renda per capita (R); Número de municípios ao longo da conexão de Delaunay (NM); Número de fragmentos naturais (NF); Área dos fragmentos naturais (AF).

natural. De fato, o mapa de remanescentes de vegetação natural mostra que nesta região restam áreas pequenas e muito fragmentadas de ambientes naturais (Figura 2). Assim, apesar do processo de ocupação humana ser relativamente recente, em termos de tempo ecológico-evolutivo, os resultados das análises genéticas já permitiram verificar que essa região, de fato, será um problema para a definição de estratégias de conservação para esta espécie e para biodiversidade como um todo. No caso de *P. cuvieri*, especificamente, populações viáveis podem ocupar áreas relativamente pequenas, de modo que mesmo essas regiões nas quais praticamente não existem fragmentos representativos na vegetação nativa, podem conter habitats adequados para esta espécie. Sendo assim, o problema a ser resolvido seria encontrar uma forma de possibilitar a conectividade entre estas pequenas “ilhas” para permitir o fluxo gênico e, conseqüentemente, a viabilidade das populações desta espécie a médio e longo prazo.

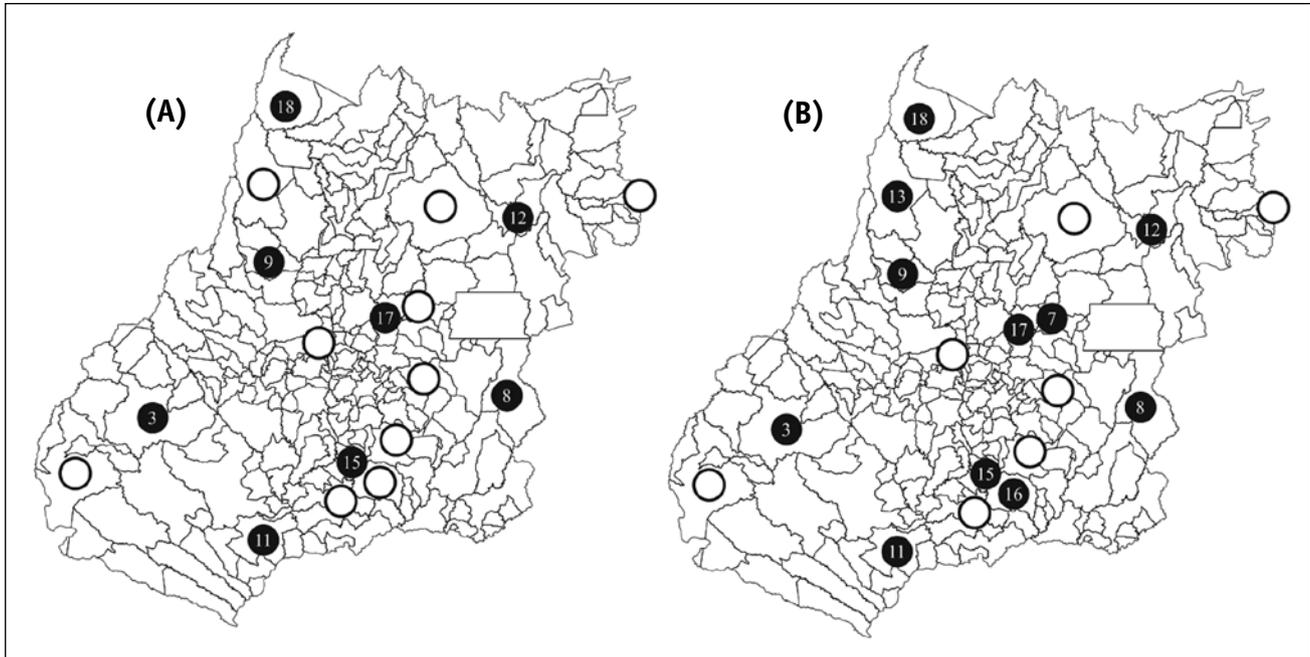
Seguindo a metodologia proposta por Diniz-Filho & Telles (2002), as populações de *P. cuvieri* (amostras) distantes entre si até cerca de 180 km (o intercepto do correlograma) podem ser consideradas como Unidades Operacionais (*Operational Units*), ou seja, unidades genéticas independentes para a conservação da variabilidade genética desta espécie. Embora existam muitas outras populações de *P. cuvieri* que não foram amostradas

neste trabalho, utilizou-se a configuração espacial das 18 populações analisadas geneticamente a fim de propor um conjunto mínimo de populações que permitiriam a manutenção da maior parte da diversidade genética quantificada via marcadores RAPD. A rede de Unidades Operacionais (UO) pode ser desencadeada a partir da localidade com maior variabilidade genética intra-populacional. Para *P. cuvieri* a população de Pontalina apresentou maior índice de diversidade genética e maior número de locos polimórficos, e pelo menos um indivíduo que contém bandas nos 126 locos analisados. A partir da população de Pontalina foram selecionadas apenas populações que distem entre si aproximadamente 180km, totalizando assim oito Unidades Operacionais (Figura 3A).

Entretanto, mesmo populações próximas geograficamente podem apresentar descontinuidades genéticas em função dos processos de ocupação humana, principalmente nas regiões sudoeste e sul do Estado, conforme já discutido. Essa descontinuidade causa inclusive uma subestimativa da magnitude da redundância na variabilidade genética medida pelo teste de Mantel. Assim, o procedimento de escolha de Unidades Operacionais precisa ser modificado a fim de corrigir essas descontinuidades espaciais. Para levar em consideração esse efeito de descontinuidades genéticas, a rede com 8 Unidades Operacionais definida anteriormente foi



**FIGURA 2** – (A) Mapa do ano de instalação dos municípios do Estado de Goiás; (B) Mapa da população residente nos municípios do Estado de Goiás em 2000 (PNUD, 2003); (C) Remanescentes Florestais no Estado de Goiás (SEMARH, 2004); (D) Análise de descontinuidade genética sobre a rede de Delaunay, com as linhas cheias indicando presença de barreiras.



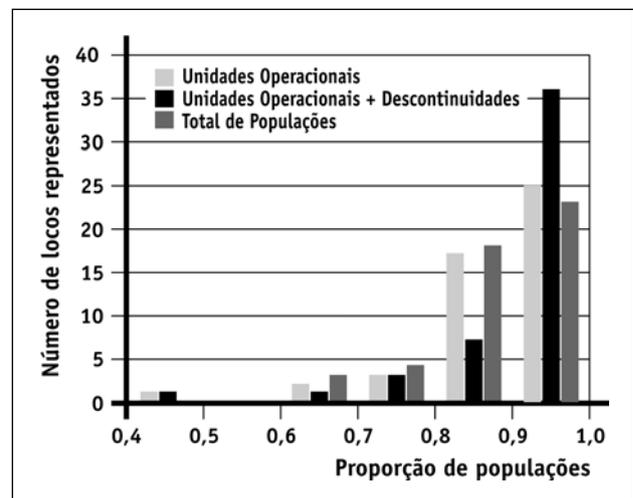
**FIGURA 3** – (A) Definição de Unidades Operacionais Intraespecíficas definidas com base no correlograma multivariado; (B) Uma possibilidade para a definição de Unidades Operacionais Intraespecíficas, definidas com base no correlograma multivariado, levando-se em conta a presença de descontinuidade.

modificada, adicionando-se como novas unidades que apresentassem descontinuidade, desde que essa nova Unidade não fosse geneticamente redundante em relação à outra Unidade. Por este procedimento foram adicionadas mais três Unidades Operacionais (Figura 3B).

Como do total dos 126 locos RAPD analisados, 78 estão representados em pelo menos um indivíduo das 18 populações, a análise de representatividade dos dois conjuntos de Unidades Operacionais definidas anteriormente foi feita utilizando-se os 48 locos restantes. A representação das bandas destes locos nos conjuntos de Unidades Operacionais mostra que quando se leva em consideração a existência de descontinuidades, a maior parte dos locos está contida em uma maior proporção de Unidades Operacionais na rede (Figura 4). Deste modo essa seria a solução mais eficiente na definição de Unidades Operacionais para a conservação da variabilidade genética existente.

De qualquer modo é preciso chamar a atenção para o elevado nível de fragmentação das regiões sudoeste e sul do Estado de Goiás, nas quais estariam concentradas algumas Unidades. Nesses casos, a persistência da variabilidade genética nas populações provavelmente poderia ser mantida, pelo menos em curto prazo, por uma estrutura metapopulacional (Smith & Green, 2005; mas ver Higgins & Lynch, 2001), de modo que a

Unidade Operacional seria composta por um conjunto de populações locais vivendo em pequenos fragmentos que devem estar conectados de modo eficiente para permitir a ocorrência de fluxo gênico que mantenha a variabilidade genética em níveis considerados bons para a espécie.



**FIGURA 4** – Distribuição do número de locos representados com diferentes proporções no conjunto de populações locais utilizadas como unidades operacionais para a conservação.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Embora os estudos de genética na escala de paisagem ainda possam ser considerados recentes, espera-se, para um futuro próximo, que um avanço nessa área dependerá do aprimoramento dos novos métodos, permitindo tanto a obtenção quanto a transformação correta dos dados genéticos, de modo que eles possam ser analisados pelas técnicas espaciais e de ecologia da paisagem, que já estão bem desenvolvidas. Atualmente existem várias correntes de pesquisas que já disponibilizaram um volume de informações que permite direcionar e melhorar a nossa habilidade de integrar dados de genética de populações com análises em nível de paisagem. Dentre eles pode-se ressaltar: 1) melhoria da representação dos dados genéticos para análises espaciais; 2) incremento do poder de análise de dados ecológicos e 3); aumento de técnicas disponíveis, incluindo abordagens multivariadas, validação de modelos e simulação da paisagem para avaliar mudanças na distribuição das espécies. Deste modo, existe uma diversidade de vocabulário, métodos e idéias sendo disponibilizados e somente será possível considerar “genética da paisagem” como uma disciplina, quando geneticistas de populações, ecólogos da paisagem e estatísticos espaciais comunicarem regularmente, disponibilizando tanto as ferramentas quanto a forma correta de uso das mesmas para a comunidade científica.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço aos Drs. José Maria Cardoso da Silva e José Alexandre Felizola Diniz-Filho pelo convite para participar do simpósio “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil”, realizado durante o XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia. Ao CNPq pelo apoio financeiro (proc. 471492/2007-8) e bolsas (proc. 309404/2007-0; 152441/2007-7).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Avise, J.C. 2000. *Phylogeography*. Harvard University press, Cambridge, Massachusetts.

Avise, J.C. 2004. *Molecular Markers, Natural History, and Evolution*. SINAUER, USA.

Beerli, P., J. Felsenstein. 2001. Maximum likelihood estimation of a migration matrix and effective population sizes in *n* subpopulations by using a coalescent approach. *PNAS* 98: 4563-4568.

Colli, G.R., R.P. Bastos & A.F.B. Araújo 2002. The character and dynamics of Cerrado herpetofauna. In *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna* (eds P.S. Oliveira & R.J. Marquis), pp. 223-239. Columbia University Press, New York.

Crandall K.A., O.R.P. Bininda-Emonds, G.M. Mace & R.K. Wayne, 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution* 15: 290-295.

Crozier, R.H. 1997. Preserving the information content of species: genetic diversity, phylogeny and conservation worth. *Annual Review Ecology and Systematics* 28: 243-268.

Diniz-Filho, J.A.F. & M.P.C. Telles. 2002. Spatial autocorrelation and the identification of operational units for conservation in continuous populations. *Conservation Biology* 16: 924-935.

Diniz-Filho, J.A.F., M.P.C. Telles, S.L. Bonatto, E. Eizirik, T.R.O. Freitas, P. De Marco, F.R. Santos, A. Sole-Cava & T.N. Soares. 2008. Mapping the evolutionary twilight zone: molecular markers, populations and geography. *Journal of Biogeography* 35: 753-763.

Dodd C.K., W.J. Barichivich, L.L. Smith. 2004. Effectiveness of a barrier wall and culverts in reducing wildlife mortality on a heavily traveled highway in Florida. *Biological Conservation* 118: 619-631.

Epperson B.K., 2003. *Geographical Genetics*. Princeton University Press, New Jersey.

Ewers, R.M. 2005 Are conservation and development compatible? *Trends in Ecology and Evolution* 20(4): 159.

Fahring, L. 2003. Effects of fragmentation on biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 34: 487-515.

Frankham R., J.D. Ballou & D.A. Briscoe. 2003. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge.

Funk, W.C., M.S. Blouin, P.S. Corn, B.A. Maxell, D.S. Pilliod, S. Amish & F.W. Allendorf. 2005. Population structure of Columbia spotted frogs (*Rana luteiventris*) is strongly affected by the landscape. *Molecular Ecology* 14: 483-496.

Galinkin, M. 2003. *GeoGoiás: Estado Ambiental de Goiás 2002*. Fundação CEBRAC: PNUMA:SEMARH, Goiânia.

Gee, J.M. 2004. Gene flow across a climatic barrier between hybridizing avian species, California and gambel's quail (*Callipepla californica* and *C. gambelli*). *Evolution* 58:5: 1.108-1.121.

Guillot, G., A. Estoup, F. Mortier, J.F. Cosson. 2005. A Spatial Statistical Model for Landscape Genetics. *Genetics* 170: 1261-1280.

Higgins K. & M. Lynch, 2001. Metapopulation extinction caused by mutation accumulation. *PNAS* 98(5): 2928-2933.

Holderegger, R. & H.H. Wagner (2006). A brief guide to Landscape Genetics. *Landscape Ecology* 21: 793-796.

Manel, S., M.K. Schwartz, G. Luikart & P. Taberlet. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 189-197.

Manel, S., F. Berthoud, E. Bellemain, M. Gaudeul, G. Luikart, J.E. Swenson, L.P. Waits, P. Taberlet & IntraBiodiv Consortium. 2007. A new individual-based spatial approach for identifying genetic discontinuities in natural populations. *Molecular Ecology* 16: 2031-2043.

- Moritz, C. 1994. Defining “evolutionarily significant units” for conservation. *TREE* 9: 373-75.
- Moritz, C. 2002. Strategies to Protect Biological Diversity and the Evolutionary Processes That Sustain It. *Systematic Biology* 51(2): 238-254.
- Klink, C.A., A.G. Moreira. 2002. Past and current human occupation, and land use. In *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna* (Oliveira O.S. & R.J. Marquis eds). Columbia University Press, New York.
- Oliveira, P.S. & R.J. Marquis. 2002. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, New York.
- PNUD, 2003. Atlas do Desenvolvimento Humano no Brasil versão 1.0.1. Fundação João Pinheiro – FJP, Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada – IPEA.
- SEMARH (Secretaria do Meio Ambiente e dos Recursos Hídricos), 2004. I Workshop de Planejamento e Uso Sustentável dos Recursos Naturais do Estado de Goiás, 9 e 10 de dezembro. Goiânia.
- Smith M.A. & D.M. Green. 2005. Dispersal and the metapopulation paradigm in amphibian ecology and conservation: are all amphibian populations metapopulations? *Ecography* 28: 110-128.
- Soares, T.N., L.J. Chaves, M.P.C. Telles, J.A.F. Diniz-Filho & L.V.R. 2008. Landscape conservation genetics of *Dipteryx alata* (“baru” tree: Fabaceae) from Cerrado region of central Brazil. *Genetica* 132:9-19.
- Sork, V.L., J. Nason, D.R. Campbell & J.F. Fernandez. 1999. Landscape approaches to historical and contemporary gene flow in plants - *Trends in Ecology & Evolution*, 14(6): 219-224.
- Sork, V.L., P.E. Smouse. 2006. Genetic analysis of landscape connectivity in tree populations. *Landscape Ecology* 21(6): 821-836.
- Storfer, A., M.A. Murphy, J.S. Evans, C.S. Goldberg, S. Robinson, S.F. Spear, R. Dezzani, E. Delmelle, L. Vierling & L.P. Waits. 2007. Putting the ‘landscape’ in landscape genetics. *Heredity* 98:128-142.
- Stuart, S.N., J.S. Chanson, N.A. Cox, B.E. Young, A.S.L. Rodrigues, D.L. Fischman & R.W. Waller. 2004. Status and Trends of Amphibian Declines and Extinctions Worldwide. *Science* 306:1783-1786.
- Telles M.P.C, R.P. Bastos, T.N. Soares, L.V. Resende & J.A.F. Diniz-Filho. 2006. RAPD variation and population genetic structure of *Physalaemus cuvieri* (Anura: Leptodactylidae) in Central Brazil. *Genetica* 128:323-332.
- Telles, M.P.C, J.A.F. Diniz-Filho, R.P. Bastos, T.N. Soares, L.D. Guimarães & L. P. Lima. 2007. Landscape genetics of *Physalaemus cuvieri* in Brazilian Cerrado: Correspondence between population structure and patterns of human occupation and habitat loss. *Biological Conservation* 139: 37-46.
- Wilson G.A. & B. Rannala. 2003. Bayesian Inference of Recent Migration Rates Using Multilocus Genotypes. *Genetics* 163:1177-1191.