

# AUTOCORRELAÇÃO ESPACIAL DE CARACTERES MORFOLÓGICOS EM POPULAÇÕES NATURAIS DE GONÇALO-ALVES (*ASTRONIUM FRAXINIFOLIUM* SCHOTT.)

## SPACIAL AUTOCORRELATION OF MORPHOLOGICAL TRAITS IN NATURAL POPULATIONS OF *ASTRONIUM FRAXINIFOLIUM* SCHOTT

Ananda Virginia de AGUIAR<sup>1</sup>, Alexandre Siqueira Guedes COELHO<sup>2</sup>, Mara Fernandes MOURA<sup>1</sup>, Lizz Kezzy de MORAIS<sup>1</sup>, José Baldin PINHEIRO<sup>3</sup>, Mario Luiz Teixeira de MORAES<sup>4</sup>, Maria Imaculada ZUCCHI<sup>5</sup>, Nara Fernandes MOURA<sup>6</sup>, Roland VENCOVSKY<sup>3</sup>

**RESUMO:** Dados de oito caracteres morfológicos referentes a sessenta indivíduos de duas populações de gonçalo-alves localizadas nas margens de rodovias, obtidos através de um teste de progênie, foram submetidos à análise de autocorrelação espacial. Os oitos correlogramas obtidos suportam as hipóteses de migração aleatória, levando à inexistência de padrão espacial, e de que as duas populações consideradas são estruturadas de forma aleatória. Dessa forma, a análise de autocorrelação sugere que os processos estocásticos, tais como migração (principalmente através da colonização), são os mais indicados para explicar a falta de padrão espacial encontrado nas populações ou indivíduos de gonçalo-alves. A inexistência de padrão espacial na variação genética é importante para compreender como está ocorrendo a dinâmica de alelos entre os indivíduos dessa espécie, gerando uma importante informação para otimizar a amostragem da variabilidade genética. Dada a inexistência de padrão de estruturação espacial da variação genética nas populações estudadas, em uma escala de 1 a 78km, sugere-se que a amostragem dentro destes limites pode ser realizada de maneira aleatória.

**UNITERMOS:** Conservação genética; Estrutura espacial; Fatores evolutivos

### INTRODUÇÃO

O gonçalo-alves é uma espécie perene, da família *Anacardiaceae*. No Brasil, as diferentes espécies dessa família têm sido encontradas na mata atlântica, no cerrado e na caatinga (SANTIN, 1989). A espécie *Astronium fraxinifolium* é considerada a de maior amplitude de distribuição no Brasil. Habita terrenos rochosos e secos, onde forma agrupamentos descontínuos (LORENZI, 1992). Segundo Aguiar (2001) e Allem (1991), essa espécie tem sido encontrada em habitats totalmente degradados pelo homem, restringindo a sua ocorrência principalmente à margem de rodovias ou em pequenos fragmentos florestais. As árvores de gonçalo-alves possuem flores masculinas e femininas na mesma planta (monóica) ou em plantas diferentes (dióica). A polinização é entomófila, tendo o vento uma participação reduzida nos processos que conduzem à fecundação, ao contrário do que ocorre com a dispersão das sementes, já que as árvores de gonçalo-alves produzem

anualmente grande quantidade de sementes facilmente disseminadas pelo vento (ALLEM, 1991).

A diversidade genética das populações de espécies nativas, como o gonçalo-alves, tem sido alvo de estudo em diferentes trabalhos de pesquisa. Vários parâmetros são estimados para melhor compreender o grau de estruturação da diversidade, em termos espaciais e temporais. Em geral se utilizam para este fim dados obtidos por marcadores moleculares e/ou bioquímicos ou de caracteres morfológicos de natureza quantitativa, tanto em condições naturais como em testes de progênies.

Sob condições naturais, a manutenção e a dinâmica da estrutura genética de uma população são devidas à interação entre um conjunto de fatores macroevolutivos e microevolutivos. O entendimento de tais fatores resulta em subsídios para o estabelecimento de estratégias de conservação e manejo (utilização racional) das populações naturais de plantas, bem como para o estabelecimento de programas de domesticação e melhoramento genético das

<sup>1</sup>Doutorandas do Programa de Pós-graduação da Escola de Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia.

<sup>2</sup>Professor do Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Uberlândia.

<sup>3</sup>Professor, Departamento de Genética da Escola Superior Luiz de Queiroz –ESALQ – USP.

<sup>4</sup> Professor do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-Economia- UNESP.

<sup>5</sup>Doutoranda do Programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da ESALQ/ USP

<sup>6</sup>Mestranda do Programa de Pós-graduação da

Escola de Agronomia/UFG

Received: 18/12/02    Accept: 08/08/03

espécies de interesse econômico (ARAÚJO, 1996). Sendo assim, é de suma importância a utilização de análises que permitam realizar inferência sobre tais processos.

Os estudos relacionados à distribuição e organização da diversidade genética nos diferentes níveis têm se restringido à utilização das estatísticas-F de Wright (1951), a análise de variância de frequências alélicas proposta por Cockerham (1969) ou a análise de diversidade de Nei (1973), no caso em que se utilizam dados de marcadores moleculares, e análise de variância (ANOVA), nos casos em que se utilizam dados de caracteres quantitativos (REIS et al., 1996). Apesar de serem muito importantes para os estudos de caracterização da variabilidade genética existente, essas abordagens permitem apenas uma descrição da variabilidade genética existente entre e dentro dos níveis considerados. Tais metodologias podem ser enquadradas como uma análise de heterogeneidade espacial da variabilidade existente (BARBUJANI, 1987).

Sabendo-se que os processos biológicos em nível populacional, tais como seleção, dispersão, migração e deriva genética, ocorrem usualmente em um contexto espacial (SOKAL; WARTENBERG, 1981), é notória a necessidade de utilização de abordagens que levem em consideração tais fatos.

Para estudos da variabilidade genética em populações locais em nível espacial, Sokal e Wartenberg (1981) e Sokal (1983, 1986) estabeleceram vários protocolos de análise de autocorrelação espacial, com base em resultados obtidos por simulações: com ou sem heterogeneidade espacial e com ou sem padrão espacial. Essa metodologia foi primeiramente descrita para estudos de processos evolucionários por Sokal (1979) e Sokal e Oden (1978a e b) e tem sido aplicada a numerosos conjuntos de dados de animais, planta e humanos (SOKAL et al., 1986; 1987a e b; SOKAL ; WATENBERG, 1989).

A metodologia de análise de autocorrelação espacial proposta por Cliff e Ord (1973) testa se o valor observado de uma variável em uma determinada localidade é significativamente dependente dos valores da variável em localidades vizinhas.

Sokal e Oden (1978b) incluíram nessa metodologia a computação de correlogramas espaciais que apresentam o coeficiente de autocorrelação como uma função das distâncias entre os pares de localidades. Os correlogramas resumem os padrões de variação geográfica demonstrada pela superfície de resposta de uma dada variável. Enquanto idênticos padrões de variação levarão a idênticos correlogramas, diferentes padrões, podem, ou não, produzir diferentes correlogramas. Similaridade nos correlogramas de diferentes padrões de variações sugerem similaridade na geração de mecanismo do padrão.

O objetivo principal desse trabalho é analisar o padrão espacial associado à variação genética presente em duas populações naturais de gonçalo-alves utilizando a metodologia

de análise de autocorrelação espacial aplicada aos dados morfológicos obtidos de famílias dessas populações, no sentido de contribuir para o melhor conhecimento acerca dos fatores microevolucionários operantes na espécie.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Material

As sementes provenientes de duas populações naturais de gonçalo-alves foram amostradas em setembro de 1995. Essas foram colhidas em 30 árvores matrizes para cada população. Uma população foi obtida às margens da rodovia SP 595, entre os municípios de Ilha Solteira-SP e Santa Fé do Sul-SP e a outra população foi obtida às margens da rodovia BR 158, no município de Selvíria-MS. Cada árvore matriz das populações de gonçalo-alves teve sua localização obtida por GPS (Global Positioning System), identificando-se assim sua respectiva localização geográfica (altitude, latitude e longitude).

### Métodos

#### Instalação dos testes de progênes

As progênes de gonçalo-alves foram plantadas em consórcio com 30 progênes de Jacarandá-caroba (*Jacaranda cuspidifolia*) na Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS/UNESP em 26/03/96 situada à margem direita do rio Paraná, no município de Selvíria-MS, próximo ao local de ocorrência de uma das populações, localizada nas coordenadas geográficas 20° 19'S, 51° 26'W e temperatura média anual é de 23,7 °C, sendo a média dos meses mais quentes (janeiro e fevereiro) de 25,7 °C e a dos mais frios (junho e julho) de 20,5 °C. A precipitação média anual é de 1300 mm. A vegetação original encontrada na área experimental era do tipo cerrado.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados, com 30 tratamentos (famílias) e 5 repetições. As parcelas do experimento foram instaladas, obedecendo a uma disposição linear, com 10 plantas por parcela, no espaçamento de 3,0 x 3,0 m, em plantio alternado, sendo que todas as plantas de gonçalo-alves foram utilizadas na coleta de dados.

#### Coleta de dados

A coleta dos dados silviculturais teve início em 1999 quando as plantas estavam com três anos de idade. Os dados de altura de plantas foram obtidos em quatro anos: 1997 (ALT1), 1998 (ALT2), 1999 (ALT3) e 2000 (ALT4); diâmetro médio da copa (DMC), diâmetro do fuste (DA3), forma do fuste (FOR) e espessura da casca (ESP) foram coletados somente em 1999.

**a. Altura das plantas (ALT1, ALT2, ALT3, ALT4)**

As alturas totais das árvores de gonçalo-alves foram obtidas com o auxílio de uma régua graduada em centímetros, considerando o ramo mais alto da copa da planta (metro).

**b. Diâmetro médio da copa (DMC)**

O diâmetro médio da copa foi obtido através da estimativa da média entre as medidas da projeção da copa na linha e nas entrelinhas do plantio, conforme a fórmula abaixo (Aguiar, 2001):

$$DMC = \frac{D_1 + D_2}{2}, \text{ onde:}$$

DMC é o diâmetro médio da copa; D1 e D2 são os diâmetros cruzados, sendo D1 perpendicular a D2 (metro).

**c. Diâmetro do fuste com casca à altura de 30 cm do solo (DA3)**

Este caráter foi avaliado a 30 cm do solo, utilizando um paquímetro. Para os indivíduos que se apresentaram bifurcados, a partir do solo, todos os fustes foram medidos, calculando-se uma média (cm).

**d. Forma do fuste (FOR)**

A forma do fuste principal das plantas foi avaliada através da atribuição de notas, de acordo com a sua arquitetura e número de bifurcações apresentadas. Assim, a nota do fuste corresponde a nota da tortuosidade e a quantidade de bifurcações. Conforme o grau de tortuosidade e bifurcações acima do número da escala era descontado 0,5 da nota máxima que o mesmo recebia. A seguir tem-se o esquema de notas utilizado: 1 = 2 bifurcações a partir do solo; 2 = bifurcações nos primeiros 0,50 m de altura; 3 = bifurcações entre 0,50 m e 1,00 m de altura; 4 = bifurcações entre 1,00 m e 1,50 m de altura; 5 = bifurcações entre 1,50 m e 2,00 m de altura; 6 = bifurcações entre 2,00 m e 2,50 m de altura; 7 = bifurcações a acima 2,50 m de altura do solo; 8 = sem bifurcações com média tortuosidade; 9 = sem bifurcações com pouca tortuosidade; 10 = sem bifurcações e sem tortuosidade.

**e. Espessura da casca (ESP)**

As amostras de casca para obtenção da espessura foram retiradas a altura de 30 cm do solo com a ajuda de um cilindro, medindo-se a espessura das mesmas com um paquímetro (mm).

Análise de variância e correlação das matrizes de distâncias genéticas e geográficas

Para cada caráter foi realizada a análise de variância estimando-se os efeitos de famílias, famílias dentro de populações, envolvendo as progênies das duas populações de gonçalo-alves.

A correlação entre as distâncias genéticas e geográficas foi obtida a partir das matrizes da distância de

Mahalanobis, estimada apenas quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais estimadas a partir de ensaios experimentais (CRUZ; REGAZZI, 1997), contendo as distâncias genéticas, e da matriz de distâncias geográficas, com os dados de localização dos indivíduos (latitude e longitude). O valor obtido para esta correlação foi avaliado pela estatística de Mantel (1967):

$$Z_m = \sum_i \sum_j (m_{ij} e_{ij})$$

onde  $m_{ij}$  e  $e_{ij}$  são elementos das matrizes  $\mathbf{M}$  e  $\mathbf{E}$  a serem comparadas. A significância do  $Z_m$  tem sido usualmente estabelecida por métodos de randomização (MANLY, 1991).

**Análise de autocorrelação espacial**

O padrão espacial em cada um dos caracteres morfológicos foi avaliado através dos procedimentos de autocorrelação espacial (SOKAL; ODEN, 1978a e b).

A autocorrelação espacial em caracteres genéticos tem sido usualmente mensurada através do Índice I de Moran (1950), dado por:

$$I = (n/w) [\sum_i \sum_j (p_i - \bar{p})(p_j - \bar{p})w_{ij} / \sum_j (p_i - \bar{p})^2]$$

onde  $n$  é o número de populações ou indivíduos locais analisados;  $p_i$  e  $p_j$  são os valores dos caracteres morfológicos nas populações ou famílias  $i$  e  $j$ ;  $\bar{p}$  é o valor médio de  $p$ ;  $w_{ij}$  é o elemento da matriz quadrada e simétrica  $\mathbf{W}$ , com dimensões  $n \times n$ , que expressa a relação espacial entre as  $n$  populações ou famílias locais e cuja soma, ao longo de  $i$  e  $j$ , é igual ao valor de  $w$ . O valor de  $I$  é padronizado, de modo que seus valores são independentes da variância de  $p$ , sendo função apenas da forma da superfície formada por  $p$  sobre o espaço. O índice de Moran varia entre -1,0 a 1,0, sendo seus máximos para autocorrelações negativas e positivas, respectivamente, sendo assim sua interpretação é análoga à de um coeficiente de correlação, como o de Pearson.

Os índices de Moran descrevem os padrões de autocorrelação espacial ao longo de toda superfície de variação. Assim, eles só podem ser calculados para grupos de subpopulações afastadas entre si por uma dada distância, ou intervalo ( $h$ ). Portanto, a matriz de distâncias geográficas  $\mathbf{W}$ , com  $n(n-1)/2$  observações, pode ser divididas em diversas matrizes de conectividade  $\mathbf{W}_k$ , cada uma delas ligando sucessiva e exclusivamente pares de subpopulações afastadas por um intervalo  $h$  crescente, para cada uma das  $k$  classes de distância. Quando os índices  $I$  de Moran são calculados, para uma mesma variável, utilizando essas diversas matrizes  $\mathbf{W}_k$  e contrastados com esse aumento no intervalo na distância geográfica, obtém-se um correlograma espacial (SOKAL; ODEN, 1978a e b).

Deste modo, é possível descrever o quanto as subpopulações, a uma dada distância, são similares para a variável analisada e como essa similaridade muda com o aumento das distâncias geográficas. Por isso, a matriz  $\mathbf{W}$  deve ser bem definida em uma análise de autocorrelação, pois essa matriz pode conter uma simples medida de

conectividade, ou vizinhança, entre populações. Nessa matriz o valor  $w_{ij} = 1,0$  indica que as localidades  $i$  e  $j$  estão conectadas espacialmente e valor zero em caso contrário.

Assim, para construir-se um correlograma espacial é necessário avaliar como as populações ou indivíduos estão distribuídos no espaço e definir as classes de distâncias geográficas (ou intervalo  $h$ ), que serão utilizadas para estabelecer as diversas matrizes de conectividade  $W_k$ . E com base nessas matrizes são calculados os índices de Moran para cada classe de distância, para uma mesma variável, que formarão o correlograma espacial. Desta forma, as classes de distâncias são estabelecidas de forma irregular, de modo que as matrizes  $W_k$  possuam aproximadamente o mesmo número de conexões, tornando assim os índices  $I$  de Moran, que compõem o correlograma, comparáveis e com erros de estimativa semelhantes.

Quando diversos caracteres são analisados simultaneamente em diferentes populações ou indivíduos, é possível fazer inferências microevolutivas através das comparações entre os correlogramas gerados por cada variável entre si, na comparação das variáveis (“superfícies”) e na associação dessas duas comparações (DINIZ-FILHO, 1998).

O programa GENES foi utilizado para obter as distâncias de Mahalanobis, o programa NTSYS (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis Program) para aplicação dos teste de Mantel (ROHLF, 1989) e o SAAP 4.3 (Spatial Autocorrelation Analysis Program) para as análises de autocorrelação espacial dos dados dos marcadores morfológicos (WARTENBERG, 1989).

## RESULTADOS

As análises de variância individual e conjunta para os caracteres morfológicos avaliados para duas populações de gonçalo-alves indicam a existência de diferenças significativas associadas aos efeitos de famílias, denotando a existência de diversidade genética dentro de populações, embora não tenham sido detectadas diferenças significativas entre as duas populações consideradas. Assim, tais populações podem ser consideradas como uma única população. Diante de tais resultados, a análise de autocorrelação espacial foi aplicada para cada população separadamente e considerando as duas populações em conjunto (Tabela 1).

**Tabela 1.** Estimativas dos valores de “F” para os efeitos de populações (P) e de famílias dentro de populações (F/P), na análise conjunta, envolvendo as duas populações de gonçalo-alves, de Selvíria, MS e de Ilha Solteira, SP, para todos os caracteres estudados.

	CARACTERES							
	ALT1	ALT2	ALT3	ALT4	DMC	DA3	FOR	ESP
FV								
P	0,53	0,48	1,01	1,14	0,34	1,35	0,80	1,60
F/P	2,94**	2,62**	2,89**	3,40**	3,19**	2,66**	3,24**	4,49**

(\*\*) - valores de F significativos em nível de 1% de probabilidade.

A baixa magnitude do coeficiente de correlação entre as matrizes de distâncias genéticas e distâncias geográficas ( $r = -0,13$ ;  $p = 0,4706$  pelo teste de Mantel com 9999 permutações) indicam que estas distâncias não estão significativamente correlacionadas, ou seja, a variabilidade genética encontra-se distribuída aleatoriamente no espaço.

Dos 80 coeficientes de  $I$  de Moran calculados para o conjunto de dados (8 caracteres x 10 classes de distâncias), apenas 2 foram significativos ( $-0,12$  e  $0,12$ ) considerando-se como crítico o nível de significância de  $0,05$ . Nenhum dos correlogramas foram significativos de acordo com o critério de Bonferroni (Tabela 2 e Figura 1a). Portanto, os dados não sugerem a existência de qualquer tipo de padrão espacial da variação genética. O

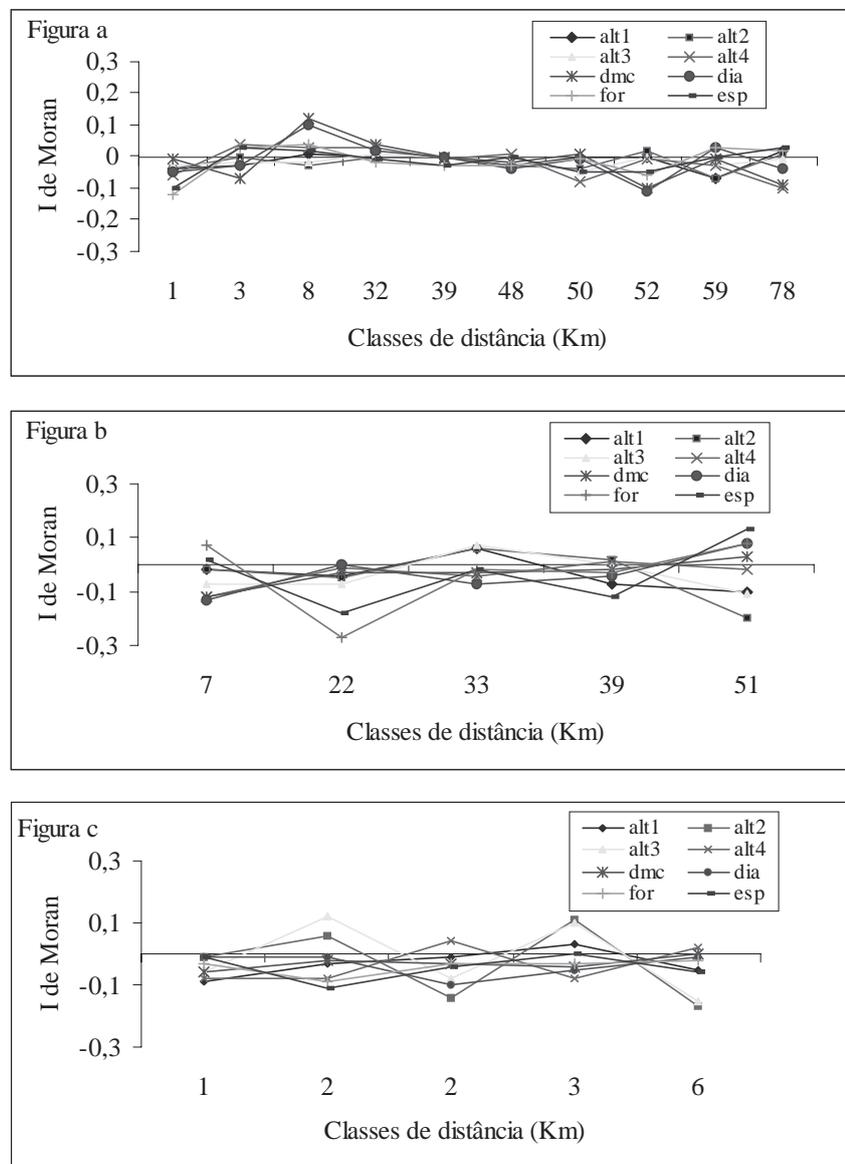
correlograma médio indica que  $I$  de Moran permaneceu em torno de zero com o aumento da distância geográfica, apresentando uma baixa variação em torno deste valor médio. Portanto, há pouca diferença no comportamento dos diversos caracteres nas diferentes distâncias consideradas.

Quando a análise de autocorrelação foi aplicada nas populações separadamente o resultado foram detectados somente quatro valores significativos para o  $I$  de Moran, ao nível de  $0,05$  de probabilidade, para a população de Ilha Solteira ( $-0,27$ ;  $-0,20$ ;  $-0,18$ ;  $0,13$ ) e apenas dois na população de Selvíria ( $-0,17$  e  $0,11$ ) (Tabelas 3 e 4, Figuras 1a e b).

**Tabela 2.** Índices de Moran para 10 classes de distância entre os 60 indivíduos das duas populações de gonçalo-alves. O valor p indica a significância do correlograma como um todo segundo o critério de Bonferroni, para cada correlograma.

Caracteres	Classe de distância (km)										p
	1	3	8	32	39	48	50	52	59	78	
ALT1	-0,04	0,00	-0,03	0,00	0,00	-0,03	-0,04	0,02	-0,07	0,02	1,000
ALT2	-0,03	-0,02	-0,02	0,01	0,00	-0,02	-0,05	0,00	-0,03	0,01	1,000
ALT3	-0,06	0,04	0,03	0,03	-0,01	0,01	-0,08	-0,01	-0,03	-0,01	1,000
ALT4	-0,01	-0,07	0,12*	0,04	0,00	-0,02	0,01	-0,10	-0,01	-0,10	0,686
DMC	-0,05	-0,03	0,1	0,02	0,00	-0,04	-0,01	-0,11	0,03	-0,09	0,274
DIA	-0,12*	0,03	0,04	-0,02	-0,03	-0,03	-0,01	-0,06	0,03	-0,04	0,555
FOR	-0,10	0,03	0,02	-0,01	-0,03	0,00	-0,05	-0,05	0,00	0,02	0,371
ESP	-0,06	-0,01	0,03	0,01	-0,01	-0,02	-0,03	-0,04	-0,02	0,03	0,620
Média	-0,06	-0,01	0,03	0,01	-0,01	-0,02	-0,03	-0,04	-0,02	-0,02	

\*- P<0,05;



**Figura 1.** Correlogramas espaciais dos oito caracteres morfológicos para os 60 indivíduos de duas populações de gonçalo-alves (figura a), 30 indivíduos da população de gonçalo-alves de Ilha Solteira-SP (figura b) e 30 indivíduos da população de gonçalo-alves de Selvíria-MS (figura c).

**Tabela 3.** Índices de Moran para 5 classes de distância entre os 30 indivíduos da população de Ilha Solteira-SP de gonçalo-alves. O valor p indica a significância do correlograma como um todo segundo o critério de Bonferroni, para cada correlograma.

Caracteres	Classe de distância (km)					p
	7	22	33	39	51	
ALT1	-0,02	-0,04	0,06	-0,07	-0,10	0,606
ALT2	-0,02	-0,05	0,06	0,02	-0,20*	0,081
ALT3	-0,07	-0,07	0,07	0,00	-0,11	0,439
ALT4	-0,12	-0,01	-0,04	0,01	-0,02	0,717
DMC	-0,12	-0,03	-0,03	-0,02	0,03	0,638
DIA	-0,13	0,00	-0,07	-0,04	0,08	0,363
FOR	0,07	-0,27**	-0,02	-0,03	0,08	0,012
ESP	0,02	-0,18*	-0,02	-0,12	0,13*	0,092
MÉDIA	-0,05	-0,08	-0,01	-0,03	-0,02	

\*-  $P < 0,05$ ; \*\*-  $P < 0,01$ ;

**Tabela 4.** Índices de Moran para 5 classes de distância entre os 30 indivíduos da população de Selvíria-MS de gonçalo-alves. O valor p indica a significância do correlograma como um todo segundo o critério de Bonferroni, para cada correlograma.

Caracteres	Classe de distância (km)					p
	1	2	3	6		
ALT1	-0,09	-0,03	-0,01	0,03	-0,05	1,000
ALT2	0,01	0,06	-0,14	0,11*	-0,17*	0,197
ALT3	-0,06	0,12	-0,08	0,10	-0,15	0,290
ALT4	-0,08	-0,08	0,04	-0,08	0,02	0,705
DMC	-0,06	-0,02	-0,03	-0,04	0,00	1,000
DIA	-0,01	0,01	-0,1	-0,05	-0,01	0,988
FOR	-0,03	-0,09	-0,03	-0,03	-0,02	1,000
ESP	-0,01	-0,11	-0,04	0,00	-0,06	1,000
Média	-0,04	-0,02	-0,05	-0,01	-0,06	

\*-  $P < 0,05$ ;

## DISCUSSÃO

A porcentagem de coeficientes de I de Moran significativos ( $p < 0,05$ ) foi muito baixa para cada matriz de conectividade, sugerindo que as duas populações não apresentam estrutura espacial, denotando a ação de fatores aleatórios não estruturados espacialmente sobre a variação genética estudada. Fatores evolutivos como a migração podem estar atuando nas duas populações consideradas, levando à ausência de estruturação espacial.

Segundo Diniz-Filho (1998), correlogramas não significativos pelo critério de Bonferroni, obviamente, indicam que a variabilidade entre os caracteres morfológicos estudados está distribuída aleatoriamente sobre o espaço, ou seja, não existe padrão espacial. É importante lembrar que alguns índices de Moran, isoladamente, podem ser significativos simplesmente por acaso.

Tais resultados podem ser visualizados nas Figuras 1a, b e c, onde os correlogramas obtidos são praticamente similares para os diferentes caracteres morfológicos. Estas similaridades devem-se às regiões não significativas dos correlogramas, o que praticamente ocorreu na grande maioria das classes de distâncias consideradas. Dessa forma, verifica-se uma situação em que, dada a inexistência de padrões definidos, os valores da autocorrelação espacial são praticamente similares ao longo das diversas classes de distâncias. A análise de autocorrelação espacial não permite afirmar se os caracteres analisados estão correlacionados ou não. Segundo Diniz-Filho et al. (2000), caracteres correlacionados necessariamente produzem comportamentos similares nos correlogramas, o que pode no mínimo explicar um pouco das similaridades encontradas nos padrões espaciais observados.

Sokal; Wartemberg (1981) listam três razões para

similaridades de padrões: (1) necessárias associações funcionais entre os caracteres estudados; (2) migração de alelos estando fortemente ligados ou difusão entre indivíduos (subpopulações) para os caracteres estudados; (3) tais variáveis similares acompanham os mesmos padrões ambientais. Já os padrões de superfície dissimilar podem tanto produzir correlogramas dissimilares ou similares, conforme Sokal ; Watenberg (1981). Padrões de superfícies dissimilares entre variáveis são explicados por estes autores como sendo devido a: (1) processos aleatórios, como deriva genética; (2) migração em proporções desiguais de diferentes populações (indivíduos) fonte; (3) o acompanhamento de diferentes ambientes por diversas variáveis. A princípio nenhuma dessas explanações podem ser aplicadas neste trabalho, devido a inexistência de um padrão espacial nas duas populações de gonçalo-alves estudadas.

Os perfis dos 8 caracteres morfológicos com correlogramas não significativos são bastante semelhantes (Figuras 1b e c), indicando que os indivíduos de locais separados por diferentes distâncias têm o mesmo nível de divergência para esses caracteres considerados. As duas populações de gonçalo-alves podem ser consideradas como uma única população não estruturada espacialmente onde todo fluxo de sementes (principalmente) e pólen está ocorrendo aleatoriamente. Tal fato, poderia ser melhor comprovado com a utilização de marcadores moleculares codominantes, como os microsatélites, por exemplo, para se monitorar o fluxo gênico.

Sokal e Oden (1978b) explicam que uma significativa heterogeneidade na ausência de padrão espacial pode ocorrer no mínimo em três situações diferentes: 1) deriva é que determina o caráter, quando a migração e seleção são fracas; 2) ocorrem freqüentes extinções locais seguidas pelo estabelecimento de novas colônias (pequenas) por fundadores e quando a migração e seleção são ausentes; 3) os agentes seletivos são tanto não padronizados quanto padronizados, tais padrões são compostos de componentes muito menores do que a distância média entre localidades.

O gonçalo-alves apresenta uma sincronia no florescimento, sendo que na região de estudo a floração ocorre entre os meses de agosto a setembro. A polinização é feita por insetos e a dispersão das sementes é feita pelo vento, podendo as sementes alcançar grandes distâncias. Portanto, além dos próprios aspectos da biologia da espécie, um fator que deve ser levado em consideração para explicar os padrões espaciais encontrados é o local onde ocorrem as populações dessas espécies (margens de rodovias). Espécies que habitam tais locais sofrem muito com os efeitos da poluição (AGUIAR et al., 2001). Os sintomas causados pela poluição são variáveis e, geralmente, dependem da espécie e do estágio de crescimento, do tipo e da concentração de poluentes e dos fatores ambientais a que está exposta. Dessa forma, a dinâmica de populações

de espécies que ocorrem às margens de rodovias é bem maior do que de espécies que habitam ambientes menos estressantes. Assim, extinções e colonizações podem ocorrer com maior freqüência nesses locais. No caso do gonçalo-alves a forma de dispersão (vento) e os próprios veículos podem ajudar na colonização de novas áreas.

Já a homogeneidade entre as duas populações consideradas pode ser explicada pela relativa uniformidade na área, sugerindo uma correspondente uniformidade das pressões de seleção. Um outro fator importante que deve estar contribuindo para essa homogeneização é a migração seja por troca de pólen ou de sementes. Neste sentido, para esta espécie, o fluxo de sementes pode ser o maior determinante dessa homogeneização.

O conhecimento de como a variabilidade genética está estruturada no espaço, aliado a outras características da espécie, pode fornecer também subsídios para os programas de conservação "in situ" e "ex situ", manejo sustentável, domesticação e melhoramento genético das espécies (KAGEYAMA; GANDARA, 1994). Por exemplo, o intercepto dos perfis dos correlogramas é normalmente interpretado como sendo o raio médio de alcance do fluxo gênico, que restringe o efeito da evolução independente por deriva (EPPERSON, 1997; SOKAL, 1979). Nos correlogramas dos diversos caracteres estudados de gonçalo-alves, o intercepto ocorre em diferentes distâncias. Assim, sugere-se que a amostragem visando à conservação genética dessa espécie pode ser feita coletando-se indivíduos a qualquer distância, de 1 a 78 km.

A análise de autocorrelação sugere, portanto, que os processos estocásticos, tais como migração (colonização), parecem ser os determinantes da inexistência de padrão espacial encontrado nas populações ou indivíduos de gonçalo-alves. Além disso, a inexistência de padrão espacial na variação genética é importante para compreender como está ocorrendo a dinâmica de alelos entre os indivíduos dessa espécie, gerando uma importante informação para otimizar a amostragem da variabilidade genética visando a sua conservação.

## CONCLUSÃO

A análise de autocorrelação espacial não detectou padrão espacial entre os indivíduos de gonçalo-alves das duas populações estudadas.

A inexistência de padrão espacial para essas populações pode ser devida um elevado fluxo gênico na área de estudo.

A amostragem, para fins de coleta de germoplasma, dentro das populações de gonçalo-alves estudadas pode ser realizada de maneira aleatória, dentro do limite de uma escala de 1 a 78km.

**ABSTRACT:** Data on eight morphologic traits from 60 individuals of two populations of gonçalo-alves (*Astronium fraxinifolium*) located at margins of highways, evaluated in a progeny test trial, were submitted to the analysis of spatial autocorrelation. The studied populations showed a high level of within genetic variability, but no spatial pattern was detected. The eight correlograms supported the hypotheses of random migration resulting in an inexistence of space pattern and that the two considered populations are structured at random. The autocorrelation analysis suggested that stochastic processes, such as migration (mainly through colonization), could explain the lack of spatial pattern found within and between populations of *Astronium fraxinifolium*. The evaluation of spatial pattern levels of genetic variation is important to understand the dynamics of alleles among individuals of a species, providing important information concerning the optimization of sampling strategies oriented to conservation. The absence of spatial pattern in the genetic variation in the studied populations, along a 1 to 78km scale, suggests that, within this limit, sampling may be done at random.

**UNITERMS:** Conservation genetics; Spatial structure; Evolutionary factors

---

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, A. V. **Varição genética em progênies de *Astronium fraxinifolium* Schott e *Jacaranda cuspidifolia* Mart em consórcio.** 2001. 126 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira.
- AGUIAR, V. A.; BORTOLOZO, F. F.; MORAES, M. L. T.; SÁ, M. E. Determinação de parâmetros genéticos em população de gonçalo-alves (*Astronium fraxinifolium*) através das características fisiológicas da semente. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 60, p. 89-97, Dez., 2001.
- ALLEM, A. C. **Estudo da biologia reprodutiva de duas espécies florestais (aroeira e gonçalo-alves) da região do cerrado.** Brasília: EMBRAPA, CENARGEN, 1991. 5 p. (Pesquisa em andamento).
- ARAÚJO, A. M. Tamanho populacional e tamanho amostral: a minimização dos riscos. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 4, p.1-5, Dec., 1996 (Supplement).
- BARBUJANI, G. Autocorrelation of gene frequencies under isolation-by-distance, **Genetics**, Stanford, v.177, n. 4, p.772-782, Dec., 1987.
- CLIFF, A. D.; ORD, J. K. **Spatial autocorrelation.** London: Pion Press, 1973. 177 p.
- COCKERHAM, C. C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v. 23, p.72-84, mar., 1969.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1997. 390 p.
- DINIZ-FILHO, J. A. F. **Análise de autocorrelação espacial:** inferências microevolutivas e aplicações em genética de populações. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de genética, 1998. (Série monografias, 6)
- DINIZ-FILHO, J. A. F.; HEPBURN, H. R.; RADLOFF, S.; FUCHS, S. Spatial analysis of morphological variation in African honeybees (*Apis mellifera* L.) on a continental scale. **Sciences**, Versailles, v. 31, p. 191-204, mar./abr.,2000.
- EPPERSON, B. K. Gene dispersal and spatial genetic structure. **Evolution**, Lancaster, v. 51, n.3, p.672-681, jun., 1997.
- KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B. Dinâmica de populações de espécies arbóreas: implicações para o manejo e conservação. In: SIMPÓSIO DE ECOSSISTEMAS DA COSTA BRASILEIRA, MATA ATLÂNTICA E ECOSSISTEMAS MARINHOS, 3. 1994, Serra Negra. **Anais...** Serra Negra: Academia de Ciências do Estado de São Paulo, 1994. p.1-9.
- LORENZI, H. **Árvores Brasileiras:** manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Plantarum, 1992. 368 p.

- MANLY, B. F. J. **Randomisation and Monte Carlo Methods in Biology**. London: Chapman and Hall, London, 1991. 281 p.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalised regression approach. **Cancer Research**, Baltimore, v. 27, p. 209-220, 1967.
- MORAN, P. A. F. Notes on continuous stochastic phenomena. **Biometrika**, London, v. 37, p. 17-23, 1950.
- NEI, M. Analysis of genetic diversity in subdivided populations. **Proceedings National Academy of Sciences**, Washington, v. 70, n.12, p. 3321-3323, dec., 1973.
- REIS, M. S. Dinâmica da movimentação dos alelos: subsídios para conservação e manejo de populações naturais de plantas. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 4, p. 37-47, Dec., 1996 (Supplement).
- ROLHF, F. J. **NTSYS-PC: Numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York: Exeter Publisher, 1989. 210p.
- SANTIN, P. A. **Revisão taxonomica do gênero *Astronium jacq.* e revalidação do gênero *Myracrodruon Fr. Allem. Anacardiaceae***. 1989. 178 f. Dissertação (Mestrado em Biologia) - Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas.
- SOKAL, R. R. Analyzing character variation in geographic space. In: FELSENSTEIN, J. (ed.). **Numerical taxonomy**. New York: Springer, 1983. p. 385-403.
- SOKAL, R. R. Ecological parameters inferred from spatial correlograms. In: PATIL, G. P.; ROSENZWEIG, M. L. (Org.), **Contemporary quantitative ecology and related econometrics**. Fairland: International Cooperative Publishing House, 1979. p.167-96.
- SOKAL, R. R. Spatial data analysis and historical processes. In: DIDAY, E.; ESCOUFIER, Y.; LEBART, L.; PAGES, J.; SCHEKTMAN, Y.; TOMASSONE, R. **Data Analysis and informatics IV**. Holland: Science publishers, 1986. p.29-43.
- SOKAL, R. R.; HARDING, R. M.; ODEN, N. L. Spatial patterns of human genes frequencies in Europe. **American Journal of Physical Anthropology**, Washington, v. 80; p. 267-294, 1989.
- SOKAL, R. R.; ODEN, N. L.; BARKER, J. S. F. Spatial structure in *Drosophila buzzatii* populations: simple and directional spatial autocorrelation. **The American Naturalist**, Chicago, v. 129, p.122-142, jan.1987b.
- SOKAL, R. R.; ODEN, N. L. Spatial autocorrelation in biology. 1. Methodology. **Biological Journal of the Linnean Society**, Londres, v. 10, p. 199-228, Jun., 1978a.
- SOKAL, R. R.; ODEN, N. L. Spatial autocorrelation in biology. 2. Some biological implications and four applications of evolutionary and ecological interest. **Biological Journal of the Linnean Society**, Londres, v. 10, p. 229-249, Jun., 1978b.
- SOKAL, R. R.; SMOUSE, P. E.; NEEL, J. V. The genetic structure of a tribal population, the Yanomama indians. XV, patterns inferred by autocorrelation analysis. **Genetics**, Stanford, v.114, n. 1, p. 259-287, sep., 1986.
- SOKAL, R. R.; UYTTERSCHAUT, H.; ROSING, F.; SCHWIDETZKY, I. A classification of European skulls from three time periods. **American Journal of Physical Anthropology**, Washington. v. 74, p. 1-20, 1987a.
- SOKAL, R. R.; WATENBERG, D. A test of spatial autocorrelation using an isolation-by-distance model. **Genetics**, Stanford, v. 121, p. 845-855, 1989.

SOKAL, R. R.; WATENBERG, D. Space and population structure. In: GRIFFITH, D.; MACKINNON, R., (Ed.) **Dynamic spatial models**. Rockville, Md.: Sijthoff & Noordhoff, 1981. p. 186-213.

WARTENBERG, D. **SAAP: Spatial autocorrelation analysis program**. New York: Exeter publishers. 1989.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annals of Eugenics**, v. 15, p. 223-354, 1951.