

Deriva genética em populações de répteis do Cerrado: mudanças nas frequências alélicas e implicações para conservação da biodiversidade*

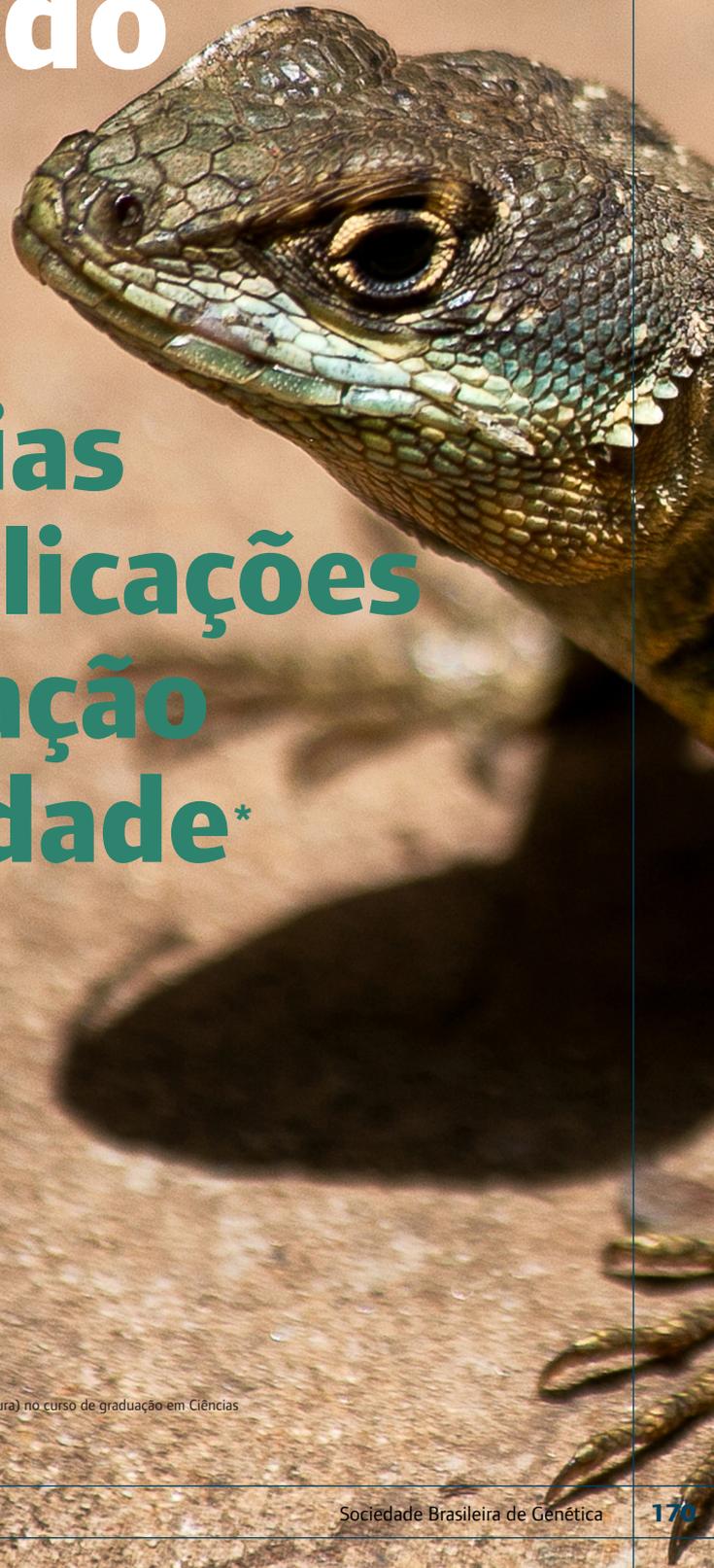
Rodrigo de Mello

Departamento de Biologia Geral, Campus Uvaranas, Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG), 84030-900 - Ponta Grossa, PR

Autor para correspondência - rdemellobr@gmail.com

Palavras-chave: genética de populações, ecologia de paisagens, preservação, microevolução, tamanho populacional

* Material didático desenvolvido nas disciplinas de Ecologia de Comunidades (bacharelado) e Ecologia Geral (licenciatura) no curso de graduação em Ciências Biológicas do Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG).





Uma abordagem ilustrativa de como a deriva genética pode mudar as frequências alélicas em gerações sucessivas em populações fragmentadas por ações antrópicas, a partir da simulação de amostragens aleatórias em populações isoladas de lagartos. Este processo, por sua vez, pode levar à perda ou à fixação de alelos, independentemente de seu valor adaptativo. A atividade proposta visa a auxiliar e reforçar conceitos de diferentes áreas da Genética, da Ecologia, da Biologia Evolutiva e da Biologia da Conservação e pode ser utilizada como simulação de aula prática ou como atividade complementar à aula expositiva para alunos do ensino superior e do ensino médio.

FUNÇÃO PEDAGÓGICA

A principal função pedagógica da atividade proposta é demonstrar como a **deriva genética** pode causar flutuações nas **frequências alélicas** entre gerações devido à amostragem aleatória (i.e., ao acaso) dos gametas durante o processo reprodutivo que darão origem a uma nova geração. A atividade simula o processo de acasalamento em três populações hipotéticas de lagartos que sofreram deriva genética por fragmentação de habitat, considerando um **lôcus** com dois **alelos** para ilustrar o efeito da deriva genética. Desta forma, a prática desta metodologia busca trabalhar conceitos e métodos básicos de Genética de Populações e Ecologia Molecular possibilitando que os estudantes apliquem conceitos básicos como **genótipo**, segregação de alelos na formação de gametas, frequência alélica e genotípica em um contexto ecológico de conservação da biodiversidade. Além da exemplificação de um problema comum em Genética e em Biologia da Conservação, a atividade também pode ser aplicada para consolidar conhecimentos que geralmente são confundidos com os mecanismos de Seleção Natural, introduzindo conceitos e metodologias da Biologia Evolutiva utilizadas atualmente na Genética da Conservação. A atividade poderá ser utilizada como aula prática ou como uma ação complementar à aula expositiva para alunos do ensino superior e do ensino médio, estimulando o raciocínio lógico e promovendo uma efetiva aprendizagem de conceitos básicos de Genética.

Em um contexto conservacionista, a destruição de habitats e a consequente fragmentação de populações naturais pode acarretar uma limitação evolutiva para as espécies que os compõem, devido à perda de **variabilidade genética** e a consequente redução na capacidade de adaptação às mudanças ambientais. A fragmentação de habitats pode levar à perda de variação genética por duas vias: i) a redução do tamanho populacional cria **gargalos genéticos**, dado que os indivíduos remanescentes contêm apenas uma pequena amostra do conjunto gênico original e; ii) como consequência, a pequena população remanescente, caso permaneça isolada por muitas gerações, terá contínua perda de ale-

los devido à deriva genética. O gargalo contribui para a perda de alelos, especialmente dos raros e tal ocorrência é mais efetiva do que a perda de **heterozigosidade**. A redução na heterozigosidade média por **lôcus** não depende apenas do tamanho do gargalo, mas também da taxa de **endocruzamento** e crescimento da população. Estudos da variabilidade genética de populações naturais buscam descrever os níveis e a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações. A distribuição é decorrente do sistema reprodutivo, da forma do padrão de cruzamento da espécie em questão. Tais fatores permitem explicar o comportamento dos alelos nas populações.

A curto prazo, a perda de variabilidade genética pode reduzir a aptidão individual da espécie, inviabilizando o remanescente populacional. A longo prazo, a redução da riqueza alélica deve limitar a habilidade das espécies a responderem às mudanças devidas à ação de forças seletivas. Assim sendo, importante fração da variabilidade genética das populações seria dada pelo grande número de subpopulações que constituem a população em ambientes naturais ou em fragmentos maiores. Contudo, em fragmentos de tamanho reduzido, o fluxo gênico poderá ficar restrito entre as subpopulações restantes, o que poderá acarretar erosão genética por efeito de deriva genética a longo prazo.

Ao se avaliar a estrutura genética de diferentes populações dentro da paisagem é possível fazer inferências sobre a permeabilidade da **matriz** e a conectividade da paisagem, ou seja, o quanto a matriz ou a paisagem permitem a dispersão de indivíduos entre populações. Muitos estudos têm avaliado a influência da paisagem sobre o fluxo gênico considerando apenas espécies individual e isoladamente. Um melhor entendimento sobre a diversidade genética é de extrema importância para a manutenção das espécies em longo prazo e o fluxo gênico pode homogeneizar populações ou introduzir nova variação genética. Adicionalmente, populações podem apresentar mudanças na estrutura genética espacial entre diferentes estágios de vida. As mudanças estão associadas principalmente ao padrão de dispersão, a fatores estocásticos (deriva genética) e à seleção na-

Frequência alélica - é a frequência relativa de um alelo de um **lôcus** numa população. Normalmente se expressa como uma proporção ou uma porcentagem. Em genética populacional, frequências alélicas são usadas para descrever a diversidade genética referentes ao indivíduo, à população ou à espécie.

Endocruzamento - é o acasalamento de indivíduos geneticamente próximos, que pode aumentar as chances dos descendentes serem afetados por genes recessivos ou problemas de má-formação física.

Lôcus - região específica do DNA, onde se localiza um gene ou um marcador molecular.

Genótipo - constituição genética (alelos) de um indivíduo para um ou mais **lôcus**.

Matriz - unidade dominante da paisagem (espacial e funcionalmente) que não faz parte do habitat original (i.e., monoculturas agrícolas, rodovias, cidades, pastos etc). Alguns habitats na matriz podem conter condições menos favoráveis à passagem de organismos, enquanto outros podem ser inóspitos.

Variabilidade Genética - variação em um **lôcus** em relação ao número de genótipos em uma população.

Espécies endêmicas – as que ocorrem exclusivamente em uma determinada área ou região geográfica.

Progênie - conjunto de descendentes, descendência, prole.

Estocástico - aleatório, ao acaso.

Metapopulação - conjunto de subpopulações de uma mesma espécie que não se encontram ligadas entre si, mas que possuem diversos processos em comum e cujos indivíduos movem-se de uma população para outra.

Ecologia da Paisagem - área de conhecimento dentro da ecologia que busca entender como processos ecológicos são influenciados pelos padrões da paisagem, composta por mosaicos heterogêneos, estudando as maneiras como as espécies concentram-se, se dispersam, e interagem nessa escala.

Manchas - áreas que resguardam características naturais necessárias à manutenção dos ecossistemas. Áreas restritas e não lineares da paisagem que se distinguem das unidades vizinhas.

tural. Entretanto, para o planejamento da conservação é importante saber o quanto os resultados podem ser generalizados para outras espécies. Por isso, é importante avaliar a influência da matriz sobre espécies de diferentes grupos dentro da mesma paisagem.

OBJETIVO

O objetivo desta atividade é ilustrar os efeitos da deriva genética na frequência de alelos em uma população parental hipotética que foi fragmentada por atividades antrópicas. Com isso, será demonstrado que a deriva genética é um mecanismo microevolutivo fortemente associado ao tamanho populacional, tornando-se influente na evolução de populações pequenas e em situações onde uma pequena fração de uma população original separa-se ou se torna isolada da população parental. Sendo um processo **estocástico**, não é possível prever a direção da mudança na frequência de um alelo causada por deriva, que pode promover a perda da variação genética e a fixação de alelos em diferentes loci. Dessa forma, o entendimento dos processos relativos à deriva genética tem importante papel na conservação, pois em populações pequenas a perda de variabilidade genética pode comprometer a viabilidade da população.

Ao se entender que eventos ao acaso, que alteram as frequências alélicas, ocorrem em loci de todas as populações, mas o seu efeito é maior em populações pequenas, a deriva genética pode levar a um rápido aumento de homocigotos. Se amostragens populacionais pequenas carregarem apenas uma fração da diversidade original, elas tenderão a possuir baixa variabilidade genética, mesmo se o número de indivíduos aumentar ao longo do tempo.

Em um cenário conservacionista, estes postulados teóricos sobre deriva genética têm sido cada vez mais incorporados nas tomadas de decisão para ações conservacionistas prioritárias para preservação da biodiversidade, especialmente dentro de populações isoladas, cada vez mais vulneráveis às ações antrópicas, como ocorre atualmente no Cerrado – bioma que abriga uma alta diversidade de lagartos e outros répteis, muitos deles

sendo **espécies endêmicas**. Daí, a necessidade de se conhecer o perfil genético das espécies para sua preservação, pois a perda de diversidade genética diminui a diversidade adaptativa dos organismos em relação aos seus habitats, aumentando o risco de extinção de espécies.

PROBLEMA PROPOSTO

A deriva genética é um mecanismo microevolutivo que modifica aleatoriamente as frequências alélicas ao longo das gerações. A modificação aleatória ocorre porque, em todas as espécies, cada indivíduo produz muito mais gametas do que a quantidade que será fertilizada. Assim, os gametas da geração parental que formarão os zigotos - e, portanto, as **progênies** na próxima geração - representam somente uma amostra dos muitos gametas que a geração parental produziu. Se a população for muito grande, muitos gametas terão a chance de serem amostrados, e as flutuações nas frequências alélicas podem ser imperceptíveis. Entretanto, em populações pequenas esta amostragem pode ter efeitos drásticos na frequência alélica, como será ilustrado pela prática proposta.

Um grupo de pesquisadores estudou três populações de uma espécie de lagarto que tem distribuição geográfica restrita a matas de galeria do Cerrado, embasando o delineamento amostral da pesquisa no modelo de **metapopulações** para assumir a perspectiva da **Ecologia da Paisagem**. Sob esta abordagem, os habitats adequados são considerados como **manchas** homogêneas com as mesmas qualidades de condições e recursos, onde cada mancha pode ser ocupada por uma única subpopulação. O cenário do problema proposto baseia-se em uma população parental ancestral (PPA) de lagartos endêmicos de matas de galeria composta por 200 indivíduos que foram monitorada nos últimos anos pelos pesquisadores e que ocupavam uma área contínua de vegetação. No entanto, recentemente as matas de galerias nas quais vivem estes lagartos foram fragmentadas em três áreas de tamanhos e proximidades distintas após a construção de uma rodovia e os avanços agrícolas de monoculturas no Cerrado – o que resultou em uma paisagem com

manchas de habitat adequados, separados por uma matriz de ambientes inadequados. A perda de habitats naturais causada pela fragmentação é uma das maiores ameaças para a conservação de espécies a longo prazo. A redução de fluxo gênico (i.e., dispersão) e pequenos tamanhos populacionais podem reduzir a variabilidade genética por meio de deriva genética e endogamia, e tal redução atua posteriormente para diminuir ainda mais os tamanhos populacionais.

A coleta dos indivíduos estudados foi feita com **razão sexual** 1:1 em três populações e as frequências de dois alelos (B e b), em um determinado locus, eram iguais a 0,5. Os pesquisadores visaram detectar se as frequências alélicas em um locus cujos alelos possuem mesmo **valor adaptativo** variavam ao longo das gerações por deriva genética, bem como a magnitude desta variação nos três fragmentos remanescentes de matas de galeria onde atualmente vivem as populações de lagartos investigadas. A partir de observações em campo, os pesquisadores observaram o padrão de acasalamento dos indivíduos e determinaram as frequências alélicas na geração seguinte. Tomando como referência a população parental ancestral (PPA), foram formados, nas gerações seguintes: 60 gametas na população P1; 30 gametas na população P2; 10 gametas na população P3. (Painel 1).

No laboratório, amostras de DNA foram extraídas a partir de músculo coletado da ponta da cauda dos lagartos estudados pelos pesquisadores, sem precisar, portanto, sacrificar os animais para o experimento. Com o uso da técnica de **PCR (Polymerase Chain Reaction – Reação em Cadeia da Polimerase)** os pesquisadores amplificaram as regiões gênicas de interesse e, por meio de um gel em **eletroforese**, os fragmentos gerados pela PCR foram visualizados, tornando possível a identificação dos diferentes alelos (B ou b) presentes nas populações estudadas. Como o **marcador molecular microssatélites é codominante**, indivíduos que possuem somente uma banda no gel de poliacrilamida são homocigotos (BB ou bb), ou seja, possuem o mesmo alelo em ambos os cromossomos; os indivíduos que possuem duas bandas são heterocigotos (Bb), isto é, possuem diferentes alelos nos cromossomos. O perfil padrão de bandas visualizadas em um gel de poliacrilamida para cada alelo pode ser visualizado no Painel 2.

Para simular o efeito de deriva genética em populações de diferentes tamanhos, propomos uma atividade em que os alunos utilizarão feijões de duas cores diferentes (i.e., marrom e preto). Outros grãos ou bolinhas que sejam de fácil obtenção podem ser usados, mas é importante que tenham mesmo formato e tamanho, para que não haja influência na amostragem aleatória para representar os alelos B e b nos locos que irão compor os gametas nas populações. A partir de amostragem aleatória, utilizando os feijões como gametas, os alunos formarão os zigotos da próxima geração e poderão calcular as frequências alélicas da próxima geração (Painel 3).

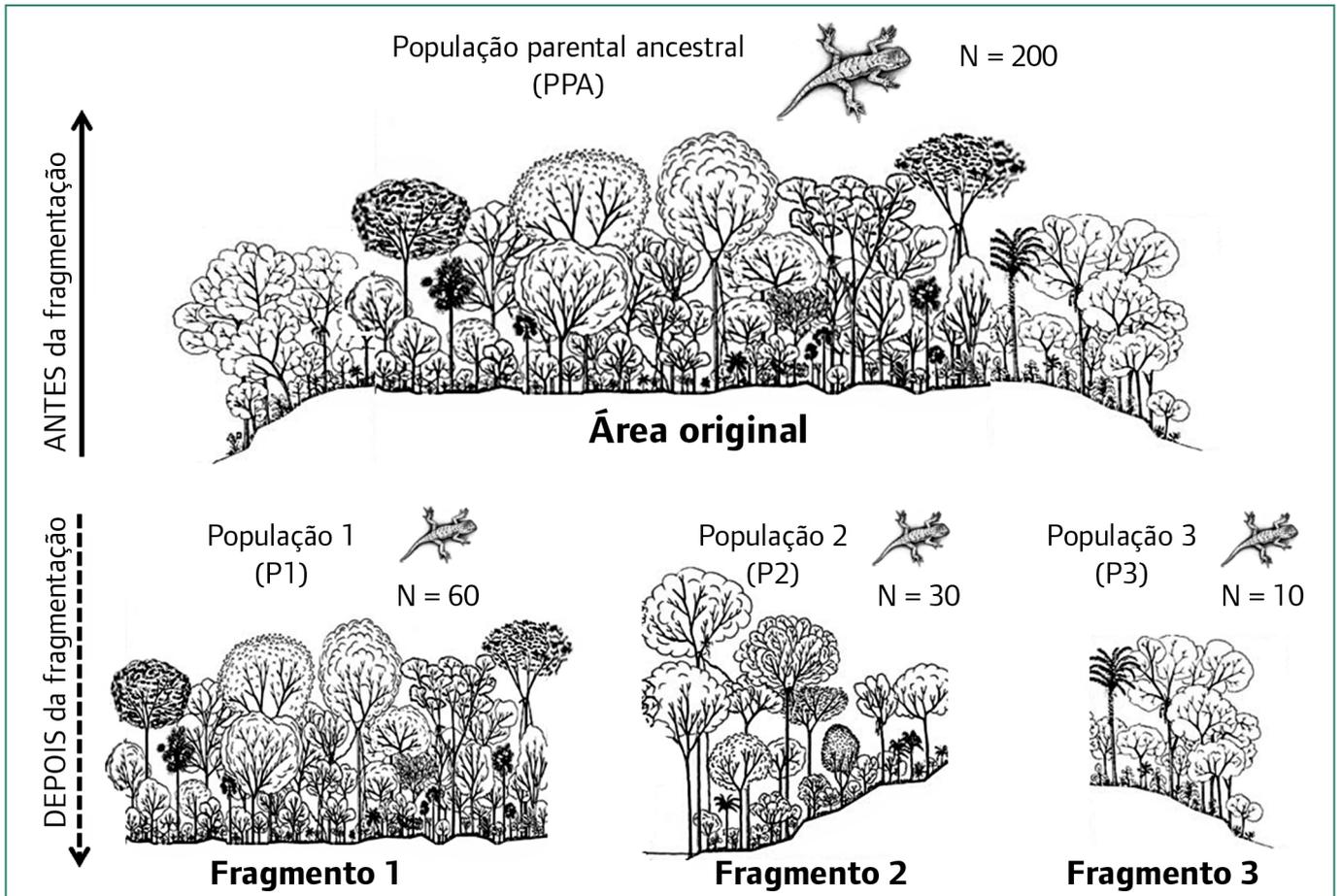
Valor adaptativo - refere-se à maior probabilidade de um indivíduo de certo genótipo deixar descendentes em um determinado ambiente. Os bem adaptados têm chance maior de sobreviver e, portanto, de deixar um maior número de descendentes. 'Aptidão' e 'fitness' são dois sinônimos comumente usados para este termo.

Reação em Cadeia da Polimerase - é uma reação enzimática na qual uma região específica do DNA, um locus, é amplificada muitas vezes, permitindo assim determinar o genótipo do indivíduo para aquele locus específico, e a identificação de diferenças no DNA de diferentes indivíduos para aquele locus.

Razão sexual - é a razão entre machos e fêmeas em uma população.

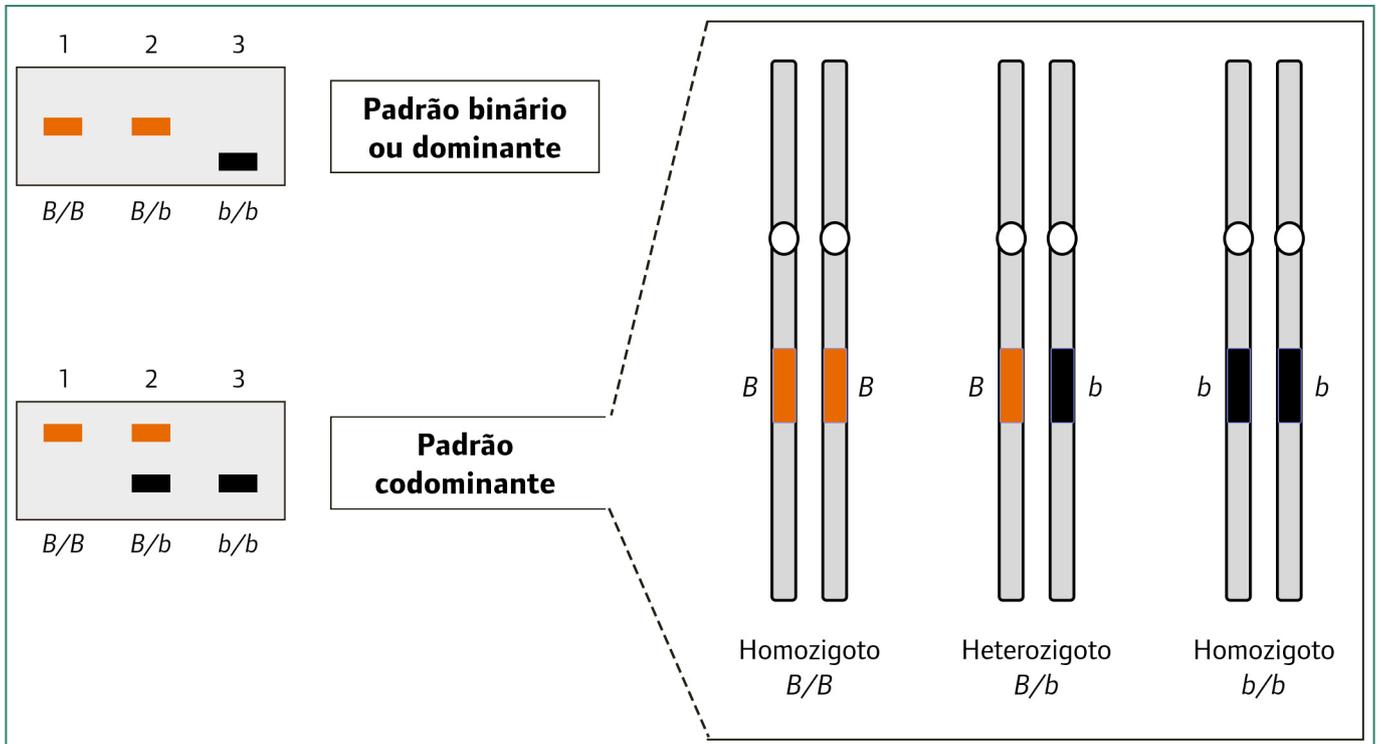
Eletroforese - migração de moléculas ou fragmentos ionizados em um campo elétrico através de uma matriz de separação com microporos, na presença de uma solução tampão. A matriz de separação pode ser constituída de gel de amido, agarose, acetato de celulose ou poliacrilamida.

Marcadores moleculares (codominantes) - são marcadores que permitem identificar todos os alelos presentes nos locos estudados, ou seja, permitem distinguir indivíduos homocigotos e heterocigotos.



Painel 1.

Esquema de amostragens a serem utilizadas na prática. PPA = população parental ancestral; P1 = população 1; P2 = população 2; P3 = população 3; N = tamanho da população amostrada.



Painel 2.

À esquerda, esquema da imagem de fragmentos de DNA em gel de poliacrilamida mostrando diferentes padrões de expressão alélica. À direita, ênfase no padrão codominante de herança com a posição de alelos nos cromossomos, que, na prática, são representados pelas diferentes cores de feijão.

Cor do grão (alelo)	População parental ancestral (PPA = 200)		Amostragens					
			População 1 (P1 = 60)		População 2 (P2 = 30)		População 3 (P3 = 10)	
Feijão marrom (alelo B)	Contagem	100						
	Frequência	0,5						
Feijão preto (alelo b)	Contagem	100						
	Frequência	0,5						

Painel 3.
Tabela de dados para cálculo das frequências alélicas.

INSTRUÇÃO PARA O PROFESSOR

1. A atividade poderá ser realizada individualmente ou em grupos de alunos de, no máximo, cinco pessoas.
2. Cada grupo deverá receber uma cópia do procedimento para realizar a atividade e os painéis 1, 2 e 3. Após explicação e análise dos painéis, o professor deverá entregar o questionário proposto e depois seus respectivos painéis de resposta. O professor é livre para adicionar mais questão além das propostas aqui.
3. É recomendável que o professor aplique a atividade em turmas que já tiveram contato prévio com os conceitos relacionados à atividade, como variabilidade genética, **tamanho efetivo populacional**, deriva genética (efeito fundador e gargalo de garrafa, amostragem aleatória) e seleção natural.

DISTRIBUIÇÃO DO MATERIAL AOS GRUPOS

Os recursos didáticos que deverão ser utilizados consistem de três painéis e de materiais de fácil obtenção e baixo custo, conforme descrito a seguir. Todos os grupos formados deverão receber uma cópia de cada painel:

Painel 1. Esquema de amostragens a serem utilizadas na prática: PPA = população parental ancestral; P1 = população 1; P2 = população 2; P3 = população 3; N = tamanho da população amostrada.

Painel 2. Ilustração de padrões de marcadores microssatélites em gel de poliacrilamida. À esquerda, esquema de fragmentos de DNA em gel de poliacrilamida mostrando diferentes padrões de expressão alélica. À direita, ênfase no padrão codominante de herança com a posição de alelos nos cromossomos, que na prática são representados pelas diferentes cores de feijão.

Painel 3. Tabela de dados para cálculo das frequências alélicas.

Além dos painéis, cada grupo deverá receber os seguintes materiais a serem utilizados:

- ♦ Nos exemplos utilizaremos feijões marrons e pretos (os feijões brancos são geralmente bem maiores e não são muito adequados para a simulação).
- ♦ Copos plásticos
- ♦ Uma tigela grande
- ♦ Um saco ou recipiente no qual possam ser sorteados os feijões

Tamanho efetivo populacional - é o número de indivíduos de uma população hipotética ideal que representa o tamanho de uma população real.

PROCEDIMENTOS PARA OS ESTUDANTES

1. Ler com atenção o problema proposto.
2. Formar grupos na sala de aula, em números múltiplos de três, que representarão as amostragens independentes das três populações resultantes da fragmentação de habitat.
3. Cada grupo deve pegar um copo com 100 grãos de cada tipo de feijão e misturá-los na tigela, totalizando 200 grãos. Os feijões da tigela de cada grupo, são a população parental ancestral (PPA); a frequência de cada tipo de feijão (de cada alelo) é 0,5. Os grãos marrons representam o alelo *B*; os pretos, o alelo *b* em um locus cromossômico particular.
4. O **grupo 1** deverá pegar um copo e fazer uma amostra aleatória de **60 feijões** a partir da PPA (Painel 1). Os grãos devem ser tomados, sem olhar para os feijões, de modo a assegurar que a amostragem seja a mais aleatória possível. O número total de **60 feijões** representará os gametas produzidos pela população parental ancestral para a próxima geração, denominada população 1 (**P1**).
5. O **grupo 2** deverá pegar um copo e fazer uma amostra aleatória de **30 feijões** a partir da PPA (Painel 1). Os grãos devem ser tomados, sem olhar para os feijões, de modo a assegurar que a amostragem seja a mais aleatória possível. O número total de **30 feijões** representará os gametas produzidos pela população parental ancestral para a próxima geração, denominada população 2 (**P2**).
6. O **grupo 3** deverá pegar um copo e fazer uma amostra aleatória de **10 feijões** a partir da PPA (Painel 1). Os grãos devem ser tomados, sem olhar para os feijões, de modo a assegurar que a amostragem seja a mais aleatória possível. O número total de **10 feijões** representará os gametas produzidos pela população parental ancestral para a próxima geração, denominada população 3 (**P3**).
7. Registrar na tabela de dados (Painel 2) o número de grãos marrons e pretos (alelos *B* e *b*, respectivamente) e então calcular a frequência de cada tipo de feijão. Para isso, lembre-se de que a frequência de um alelo é o número de vezes que ele foi amostrado em cada população, dividido pelo número total desse mesmo alelo na PPA, a saber:

$$\text{Frequência do alelo } B = \frac{\text{número de cópias do alelo } B \text{ na população amostrada}}{\text{número total de cópias do alelo } B \text{ na população ancestral}}$$

$$\text{Frequência do alelo } b = \frac{\text{número de cópias do alelo } b \text{ na população amostrada}}{\text{número total de cópias do alelo } b \text{ na população ancestral}}$$

8. Alternativamente, o professor poderá dividir a turma em um número maior ou menor de grupos, contanto que cada grupo faça a mesma atividade e tenha diferentes amostragens. Depois que todos os grupos tiverem terminado de contar e anotar suas amostragens e frequências alélicas, comparar e discutir os resultados entre os grupos.



ENTENDENDO A ATIVIDADE

1. Qual a relação entre o tamanho da amostragem com a frequência de alelos observada? Com base nos dados obtidos, a deriva genética teve um efeito maior em qual população – P1, P2 ou P3? Explique.
2. Uma população pequena, que sofre deriva genética, tem maior ou menor chance de sobreviver do que a população original? Explique.
3. Qual a importância do conhecimento da variabilidade genética de populações naturais para políticas públicas de conservação?
4. No caso hipotético, quais seriam as possíveis ações conservacionistas a serem feitas na paisagem para o aumento de fluxo gênico de lagartos entre as áreas fragmentadas?
5. Diferencie, resumidamente, Deriva Genética de Seleção Natural.

RESPOSTAS DAS ATIVIDADES

1. Qual a relação entre o tamanho da amostragem com a frequência de alelos observada? Com base nos dados obtidos, a deriva genética teve um efeito maior em qual população – P1, P2 ou P3? Explique.

Resposta: – Os efeitos da deriva genética são maiores em populações pequenas, levando à perda de variação genética por duas vias: i) a redução do tamanho populacional cria gargalos genéticos, dado que os indivíduos remanescentes contêm apenas uma pequena amostra do conjunto gênico original; ii) como consequência, a pequena população remanescente, caso permaneça isolada por muitas gerações, terá contínua perda de alelos devido à deriva genética. Assim, a mudança ao acaso das frequências alélicas de alelos deletérios, neutros ou benéficos podem ser perdidos ou fixados mais rapidamente em populações menores, favorecendo a homocigosidade pela remoção da variabilidade genética. Na análise dos dados, portanto, o efeito aleatório da deriva genética ocorreu com maior intensidade na população 3 (P3)

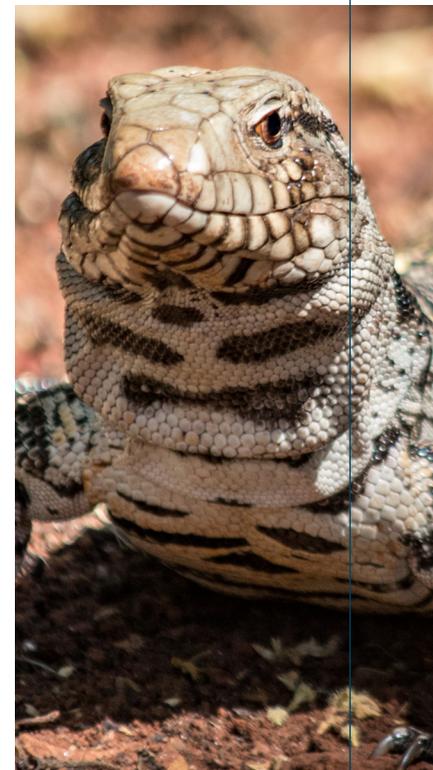
2. Uma população pequena tem maior ou menor chance de sobreviver do que a população original? Explique.

Resposta: – Populações menores têm menores chances de sobrevivência, uma vez que terão um potencial adaptativo menor devido a um menor espectro de variabilidade disponível para atuação da seleção natural. Consequentemente, populações pequenas apresentam uma redução em sua habilidade de se adaptar e de evoluir em relação às mudanças ambientais (e.g., patógenos, mudanças climáticas etc). No primeiro caso, o da fragmentação de habitat, pode ocorrer isolamento de populações interconectadas pela redução ou eliminação de fluxo gênico se as distâncias entre as populações isoladas forem muito grandes, ou se existirem barreiras substanciais para dispersão. No segundo caso, o da estocasticidade genética, ocorrem os impactos deletérios da endogamia, a perda da diversidade genética e o acúmulo de mutações sobre a espécie. A perda da diversidade genética reduz também a habilidade da população em adaptar-se às mudanças ambientais via seleção natural. Assim, a estocasticidade ambiental e demográfica interagem com a diversidade genética e o endocruzamento em seus efeitos adversos sobre as populações. Se as populações se tornam pequenas por alguma razão, elas tornam-se mais endogâmicas, promovendo mais redução no tamanho populacional e aumentando a endogamia.

A interação entre tamanho populacional reduzido, perda da diversidade genética e endogamia é referida como vórtice de extinção. Há também fatores demográficos, como uma população muito pequena, por acaso, que pode ser constituída por indivíduos de um único sexo, em espécies monoicas de reprodução sexuada ou ainda baixa fertilidade ou fecundidade nos poucos indivíduos.

3. Qual a importância do conhecimento da variabilidade genética de populações naturais para políticas públicas de conservação?

Resposta: – Conhecer o perfil genético de populações nos fornece subsídios para elaboração de planos de gestão e manejo da biodiversidade. Identificar e quantificar a variabilidade genética de populações em diferentes habitats permite, por exemplo, delinear e implementar ações de translocação de indivíduos entre fragmentos e/ou implemen-



Corredores ecológicos

- Manchas de habitat intervenientes que os organismos em dispersão podem usar para se mover entre grandes habitats favoráveis (i.e., manchas).

tações efetivas de **corredores ecológicos** entre fragmentos para resgatar a heteroziguidade de populações vulneráveis e/ou em risco de extinção local. Com a preservação da diversidade genética das espécies, resguardamos também as funções ecossistêmicas e o equilíbrio na dinâmica de interações ecológicas que as espécies desempenham nos habitats em que vivem.

4. No caso hipotético, quais seriam as possíveis ações conservacionistas a serem feitas na paisagem para o aumento de fluxo gênico de lagartos entre as áreas fragmentadas?

Resposta: – Uma vez identificados os perfis genéticos das populações, podemos inferir a respeito do papel da matriz sobre a biologia da espécie em questão – levando-se em conta, por exemplo, a capacidade de dispersão dos lagartos (geralmente baixa) e a qualidade da matriz em relação às manchas de vegetação de matas de galeria. Se uma metapopulação de determinada espécie vive dentro de uma paisagem cuja matriz não possa ser transponível, faz-se necessário, então, que os manejadores estabeleçam condições e ações para o fluxo dos indivíduos, como a implementação de corredores ecológicos entre as manchas de habitat.

Os corredores ecológicos são áreas homogêneas que ligam dois ou mais fragmentos e facilitam o deslocamento dos indivíduos. Na paisagem em questão, a presença de corredores garantirá as movimentações dos indivíduos, que neste programa de manejo pode ser realizado através de reintroduções, translocações e dispersão natural dos organismos, entre a subpopulação central e as subpopulações satélites. Outra questão a se considerar no manejo de metapopulações é a configuração espacial da paisagem, que se refere à disposição dos fragmentos que a compõem, no caso, os pequenos fragmentos necessitavam de fontes de colonizadores ('população fonte'). Como a população 3 (P3) tem a menor área e o menor número de indivíduos, é fundamental que haja um corredor ecológico que conecte este fragmento com a população 1 (P1), que está em uma área maior, que pode servir como 'população fonte' (de acordo com o modelo de metacomunidades) para

introduzir imigrantes na P3 ('população sumidouro') e, assim, aumentar a variabilidade genética ao longo das gerações por eventos de dispersão.

5. Diferencie resumidamente Deriva Genética de Seleção Natural.

Resposta: – Deriva genética é a mudança na frequência dos alelos de uma população de geração a geração que ocorre em consequência de eventos ao acaso. De modo mais preciso, a deriva genética é a mudança em razão de um "erro de amostragem" na seleção de alelos – independentemente de seu valor adaptativo - para a geração seguinte, a partir do pool gênico da geração anterior. Ainda que a deriva genética ocorra em populações de todos os tamanhos, seus efeitos tendem a ser maiores em populações pequenas. Ao longo do tempo, essa oscilação aleatória pode eliminar alelos (frequência = 0) ou fixá-los (frequência = 1) nas populações. A deriva genética pode causar maiores efeitos quando uma população tem o tamanho drasticamente reduzido por um desastre natural ou antrópico (efeito gargalo), ou quando um pequeno grupo separa-se da população principal para fundar uma nova colônia (efeito fundador).

Já o conceito básico de seleção natural é que características favoráveis que são hereditárias tornam-se mais comuns em gerações sucessivas de uma população de organismos que se reproduzem, e que características desfavoráveis, que são hereditárias, tornam-se menos comuns. A seleção natural age no fenótipo (i.e., nas características observáveis de um organismo) de tal forma que, indivíduos com fenótipos favoráveis, têm mais chances de sobreviver e se reproduzir do que aqueles com fenótipos menos favoráveis. Se os novos alelos resultam em um fenótipo desvantajoso e deletério, então o indivíduo não contribuirá com o pool gênico da próxima geração. A sobrevivência diferencial implica em quão bem adaptado é um indivíduo ao ambiente em que vive. A seleção natural só permite que os organismos se adaptem ao seu ambiente atual e ao atuar sobre os indivíduos não gera novas características; mas altera as proporções das características existentes na população.