

Estrutura genética de populações de plantas

- Milene Silvestrini (UNICAMP)

BT 791 - Tópicos em Ecologia Vegetal

IB - UNICAMP

Professor responsável: Flavio Antonio Maës dos Santos

Estrutura da aula

Parte 1	Conceitos e ferramentas em genética de populações
Intervalo	
Parte 2	- Fatores ecológicos que afetam a estrutura genética de populações de plantas (Implicações para conservação, manejo e restauração)

Parte 1

Conceitos e ferramentas em genética de populações

BT 791 - Tópicos em Ecologia Vegetal

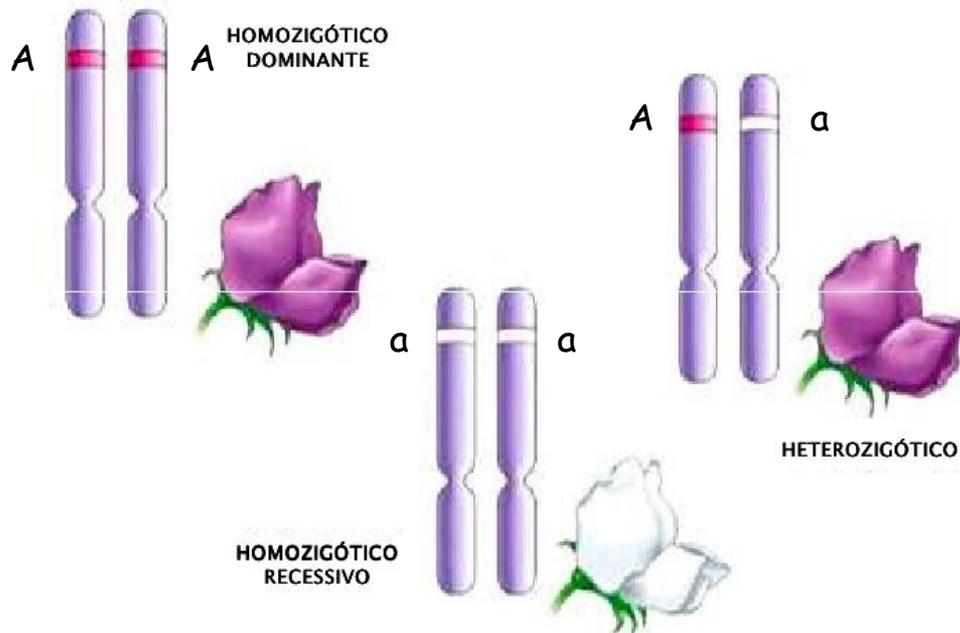
IB - UNICAMP

Professor responsável: Flavio Antonio Maës dos Santos

I - Variabilidade Genética

Diversidade = número de alelos na pop. + frequência dos alelos
(analogia diversidade de ssp)

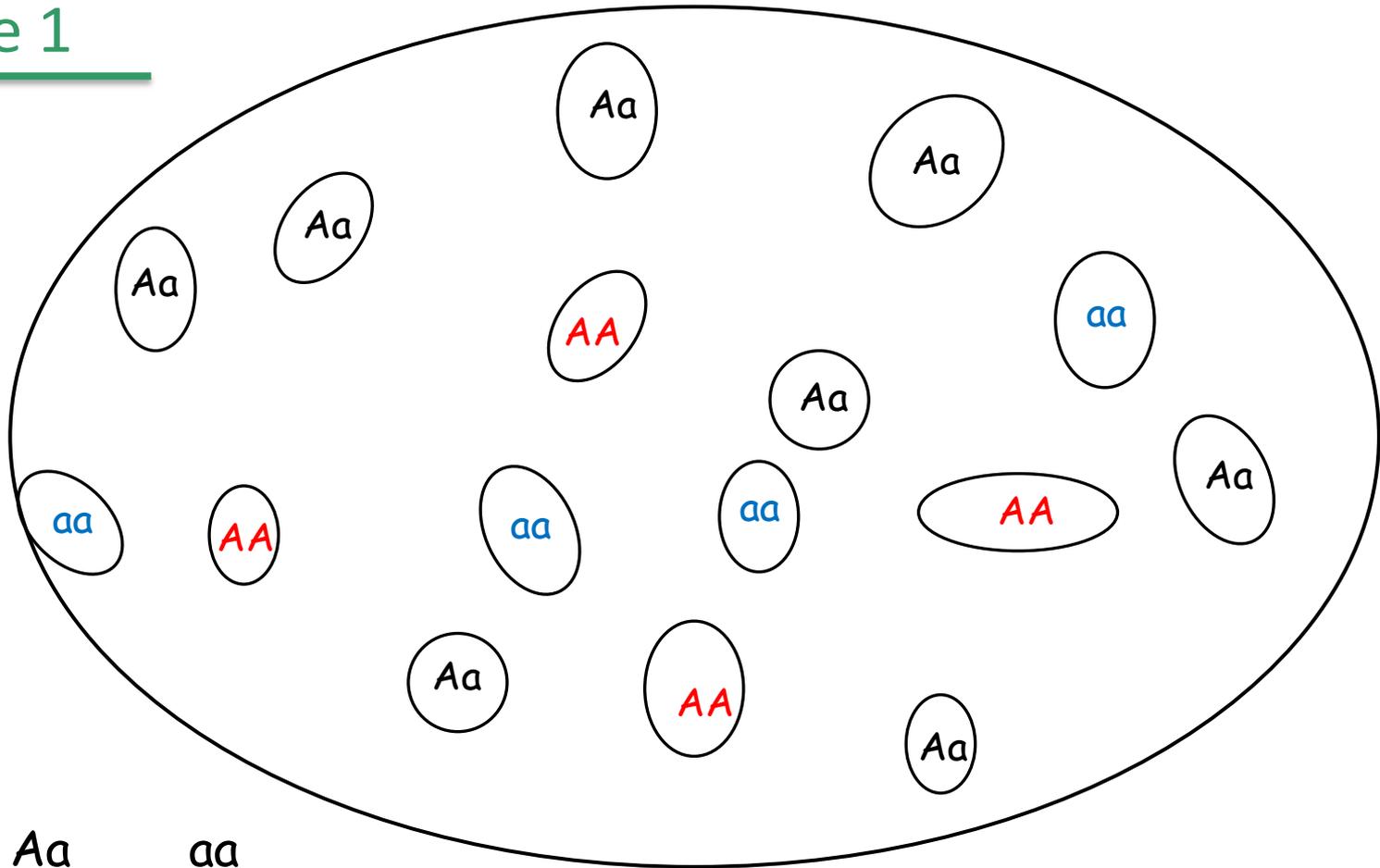
Para se comparar diferentes genes em diferentes pop., é necessário ter-se alguma medida quantitativa conveniente da variação genética: a frequência alélica (Hartl & Clark 1989)



AA Aa aa

$f(A) = p$ $f(a) = q$

Parte 1



AA Aa aa

$$f(A) = p \quad f(a) = q$$

$$f(AA) = 4/16 = 0,25$$

$$f(Aa) = 8/16 = 0,50$$

$$f(aa) = 4/16 = 0,25$$

$$p = f(AA) + f(Aa)/2 = 0,25 + 0,50/2 = 0,50$$

$$q = f(aa) + f(Aa)/2 = 0,25 + 0,50/2 = 0,50$$

$$p = f(A) = n_A/n_T \text{ de alelos}$$

$$q = f(a) = n_a/n_T \text{ de alelos}$$

I - Variabilidade Genética

AA Aa aa

$f(A) = p$ $f(a) = q$

Polymorphism

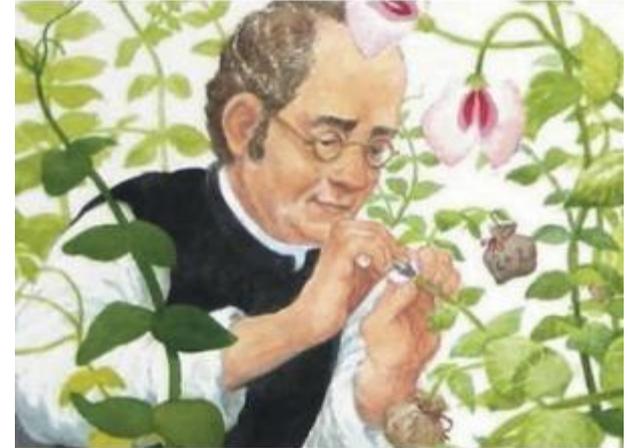


Polimorfismo: "é a ocorrência na mesma população de dois ou mais alelos em um loco, cada um com uma frequência considerável" (Cavalli-Sforza & Bodmer 1971) (Hedrick 2010)

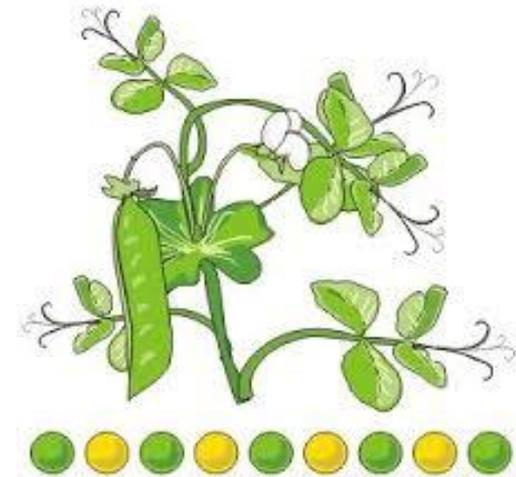
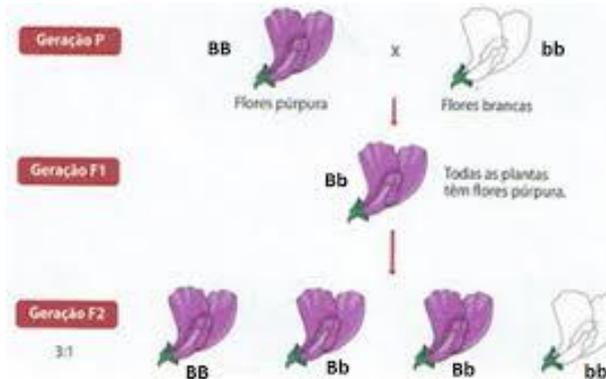
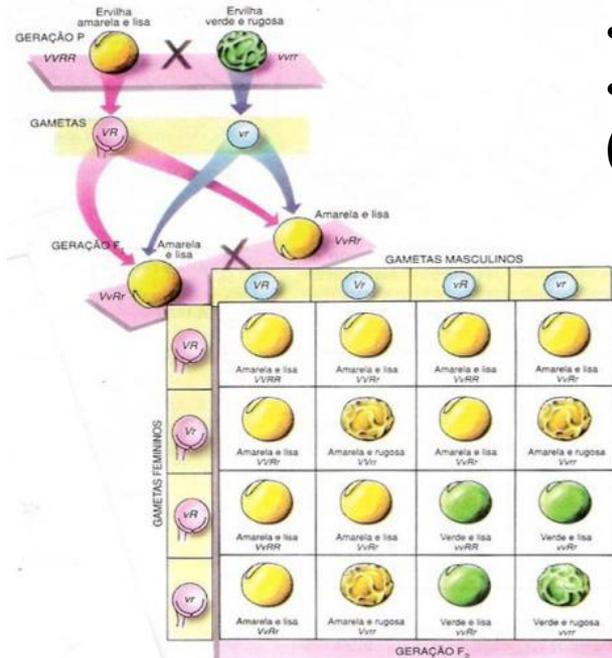
Um loco polimórfico é o loco em que o alelo mais comum tem a frequência menor que 0.95 ou 0.99 (Hartl & Clark 1989)

I - Variabilidade Genética

Inferência do genótipo a partir do fenótipo - genes associados a caracteres morfológicos (1856 - Mendel):



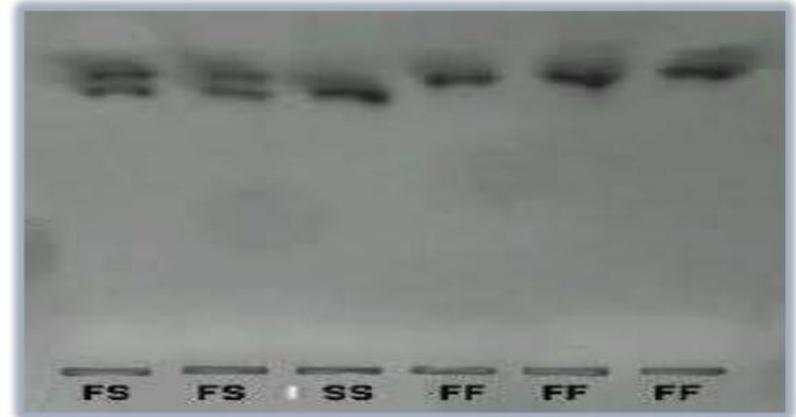
- cor de flor
 - nanismo
 - forma de folha
 - cor e superfície da semente
- (Raven et al. 1996)



I - Variabilidade Genética

Isoenzimas (a partir de 1960)
(Ferreira & Grattapaglia 1998):

Ex.: MDH , EST



Análise genética direta da variação na sequência do DNA (~ década de 80):

- **MARCADOR MOLECULAR:** todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA (Ferreira & Grattapaglia 1998)

- Análises de sequências (mtDNA, nDNA)

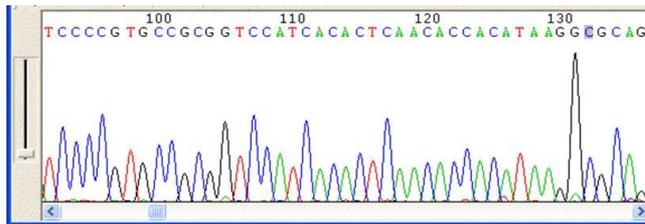
II - Marcador Molecular

Dominantes: RAPD, AFLP, ISSR



multilocos

Presença x ausência
("2 alelos")



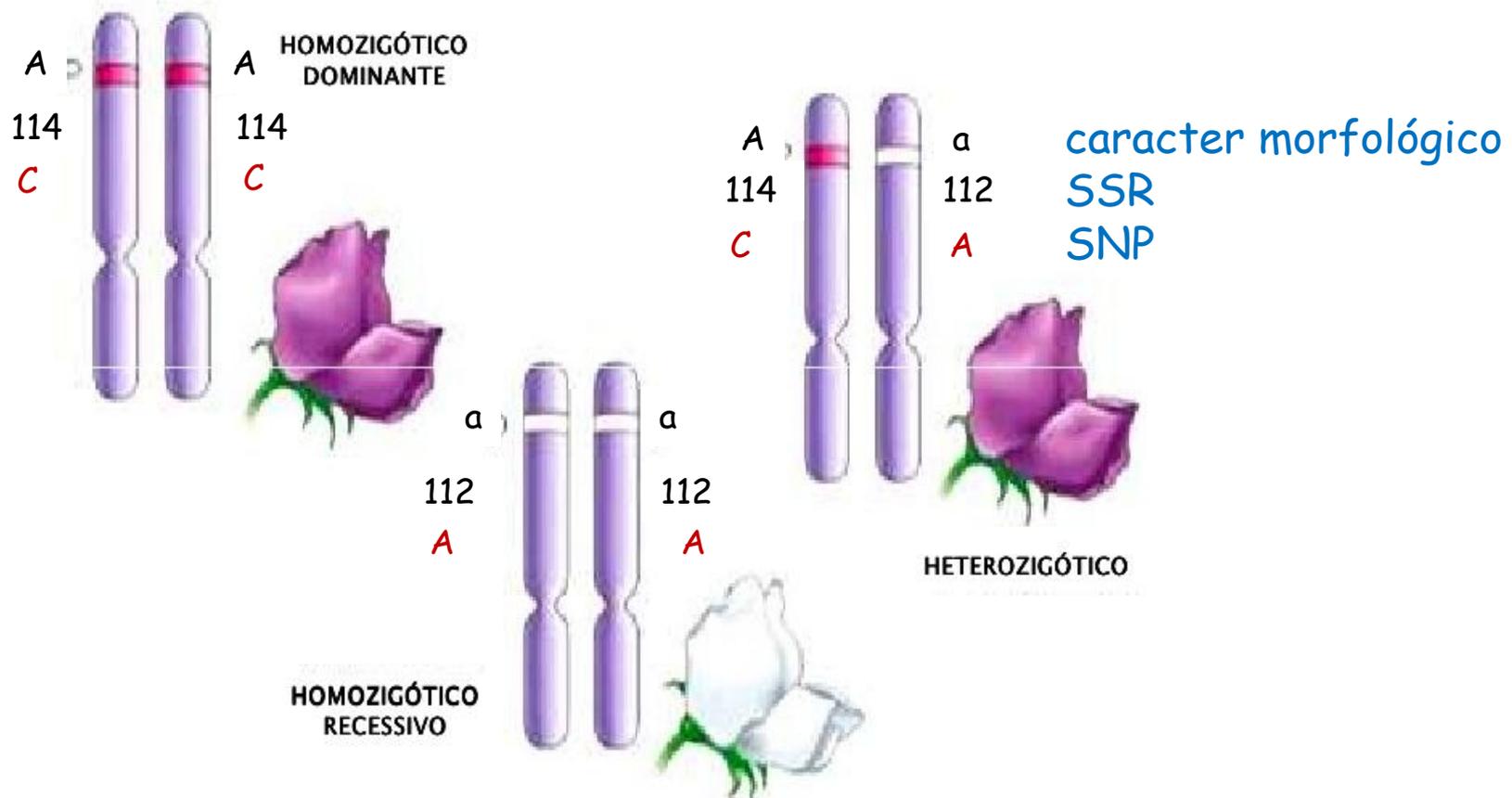
Co-dominantes: Isoenzimas, RFLP, SSR, SNPs (*Rad-seq - restriction site-associated DNA sequencing - Andrews et al. 2016*)



um loco

vários alelos (mas
ver SNPs e
poliplóides)

II - Marcador Molecular

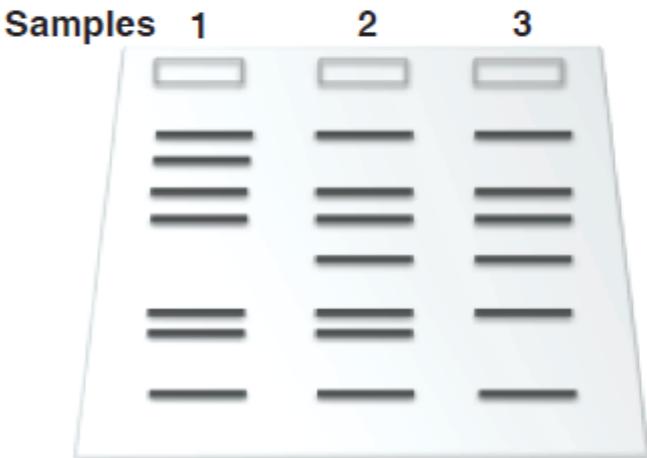


RAPD

PM Ap Tp IV IA CA6CA1CA4CVMN

			Tupi	IV 4046	IA	CA -62	CA -	CA-47
		Apoatã					100	
A7	1(1296-1404)	1	1	1	1	1	1	1
	2(1126-1232)	1	1	1	1	1	1	1
	3(870-1000)	1	1	1	1	1	1	1
	4(836-949)	0	1	1	1	1	1	1
	5(619-707)	1	1	1	1	1	1	1
	6(589-604)	1	1	1	1	0	0	0

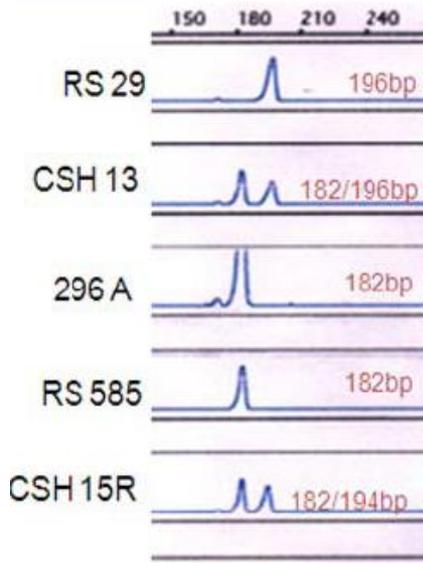
ISSR



Locus	Sample 1	Sample 2	Sample 3
L1	1	1	1
L2	1	0	0
L3	1	1	1
L4	1	1	1
L5	0	1	1
L6	1	1	1
L7	1	1	0
L8	1	1	1

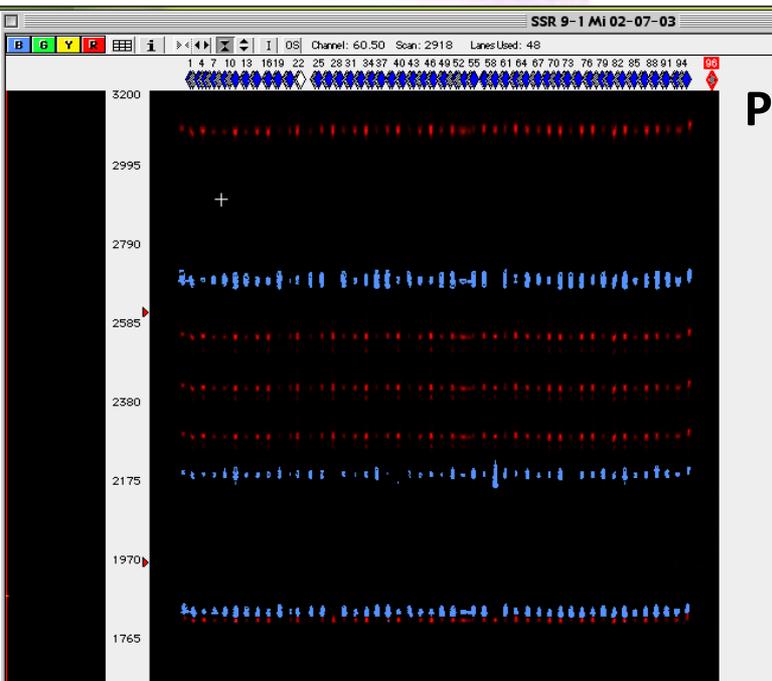
Fonte: Ng & Tan (2015)

SSR

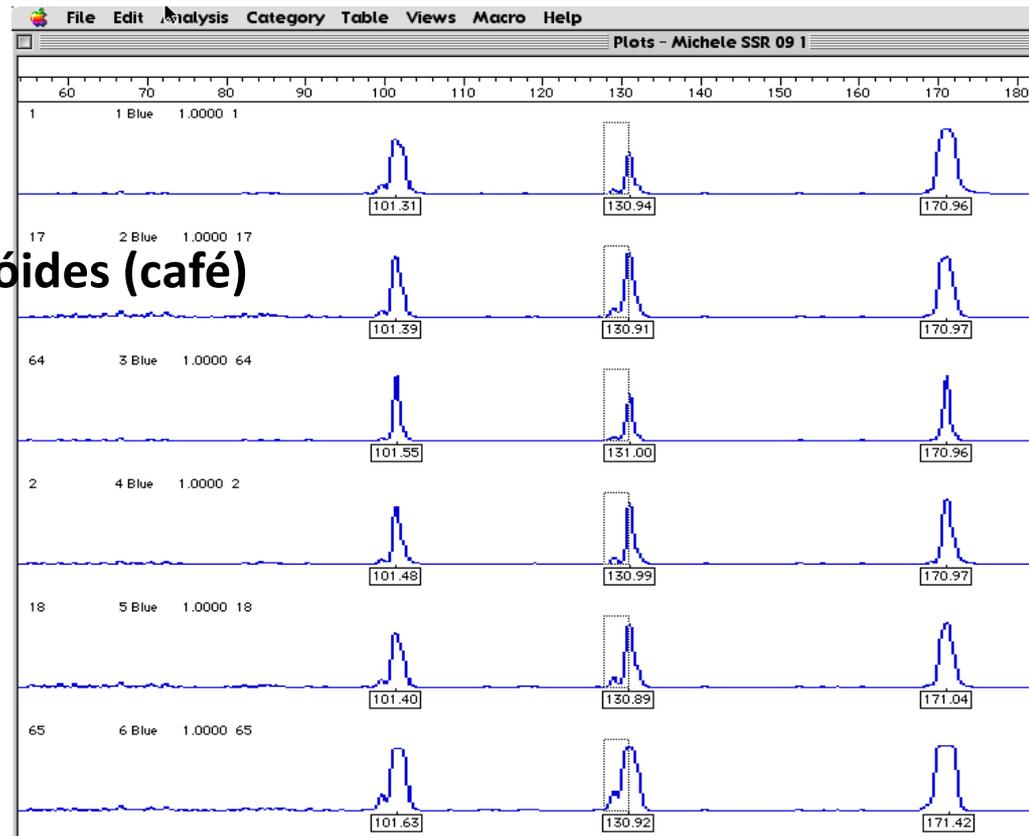


Diplóides (sorgo)

Fonte: Arya et al. (2014)



Poliplóides (café)



III- Medidas de Variabilidade Genética (A, P, A_e , R, H)

- a) Número de alelos por loco (A ou n)
- b) Percentagem de locos polimórficos (P)
- c) Número efetivo de alelos (A_e ou n_e) $n_e = (\sum p_i^2)^{-1}$
- d) Heterozigosidade esperada ou diversidade genética (H, H') (Nei 1987)

Freq. Alélica
(p_i)

$$H = 1 - \sum_{i=1}^m p_i^2$$

p	q	z	Ae ou ne
0,5	0,5		2
0,2	0,8		1,47
0,3	0,4	0,3	2,94

Onde: p_i = freqüência pop. do i-ésimo alelo de um loco/banda
(m= número de alelos)

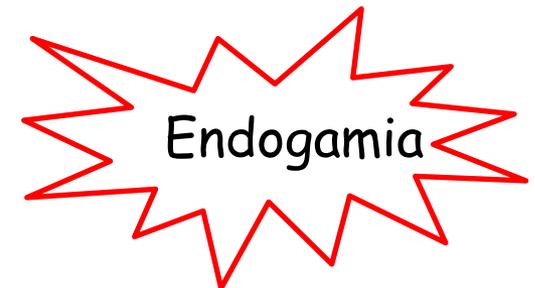
e) Diversidade de nucleotídeos (π, θ)

IV - Evolução biológica

Mudança nas frequências alélicas de uma população através do tempo - Wilson & Bossert (1971) (adaptativas ou não)

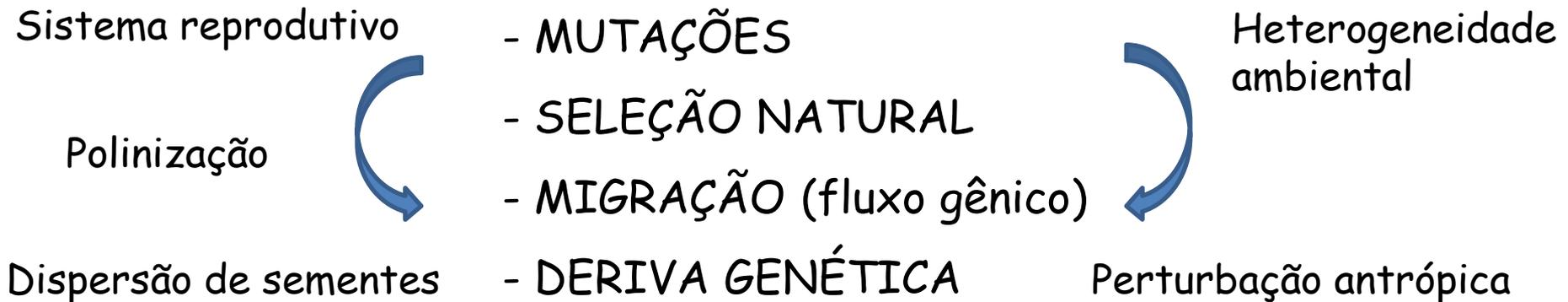
• Fatores genéticos que afetam as frequências alélicas através do tempo - **causas da evolução**:

- MUTAÇÕES
- SELEÇÃO NATURAL
- MIGRAÇÃO (fluxo gênico)
- DERIVA GENÉTICA



IV - Evolução biológica

Fatores genéticos + ecológicos



- O quão importante entre si são essas forças? (Ellstrand 2014)

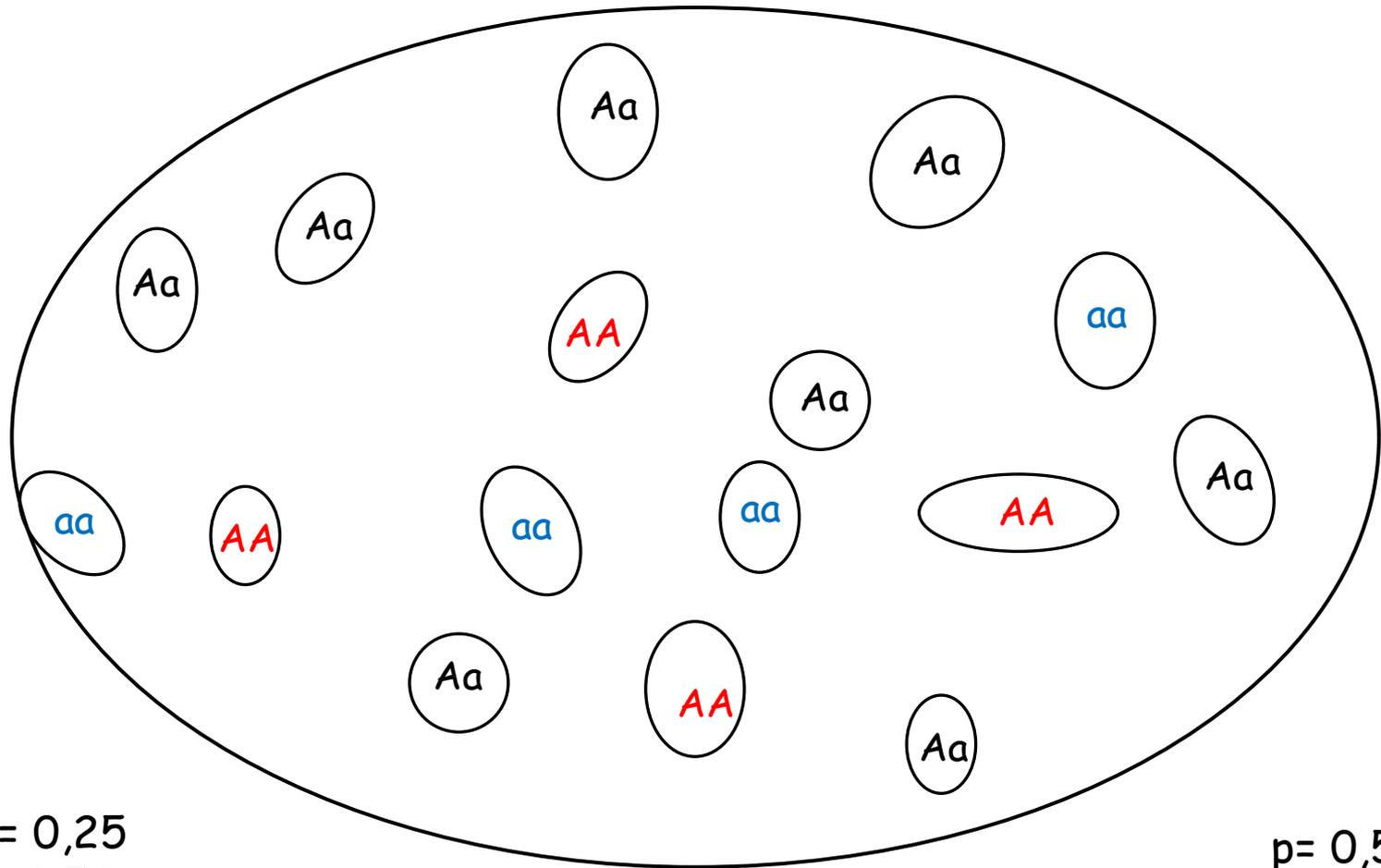
"Concentrating on any single evolutionary force ignores the richness of the evolutionary process. Evolution is fundamentally the product of more than a single factor" (Ellstrand 2014)

V - O princípio de Hardy-Weinberg

Modelo que relaciona as frequências alélicas às frequências genotípicas

- ✓ cruzamentos AA ao acaso Aa aa
- ✓ ~~mutações~~ $f(A) = p$ $f(a) = q$
- ✓ ~~seleção natural~~
- ✓ ~~deriva genética~~ - pop muito grande
- ✓ ~~fluxo gênico~~
- ✓ diplóide
- ✓ reprodução sexual
- ✓ ausência de sobreposição de gerações

V - O princípio de Hardy-Weinberg



$$f(AA) = 0,25$$

$$f(Aa) = 0,50$$

$$f(aa) = 0,25$$

$$p = 0,50$$

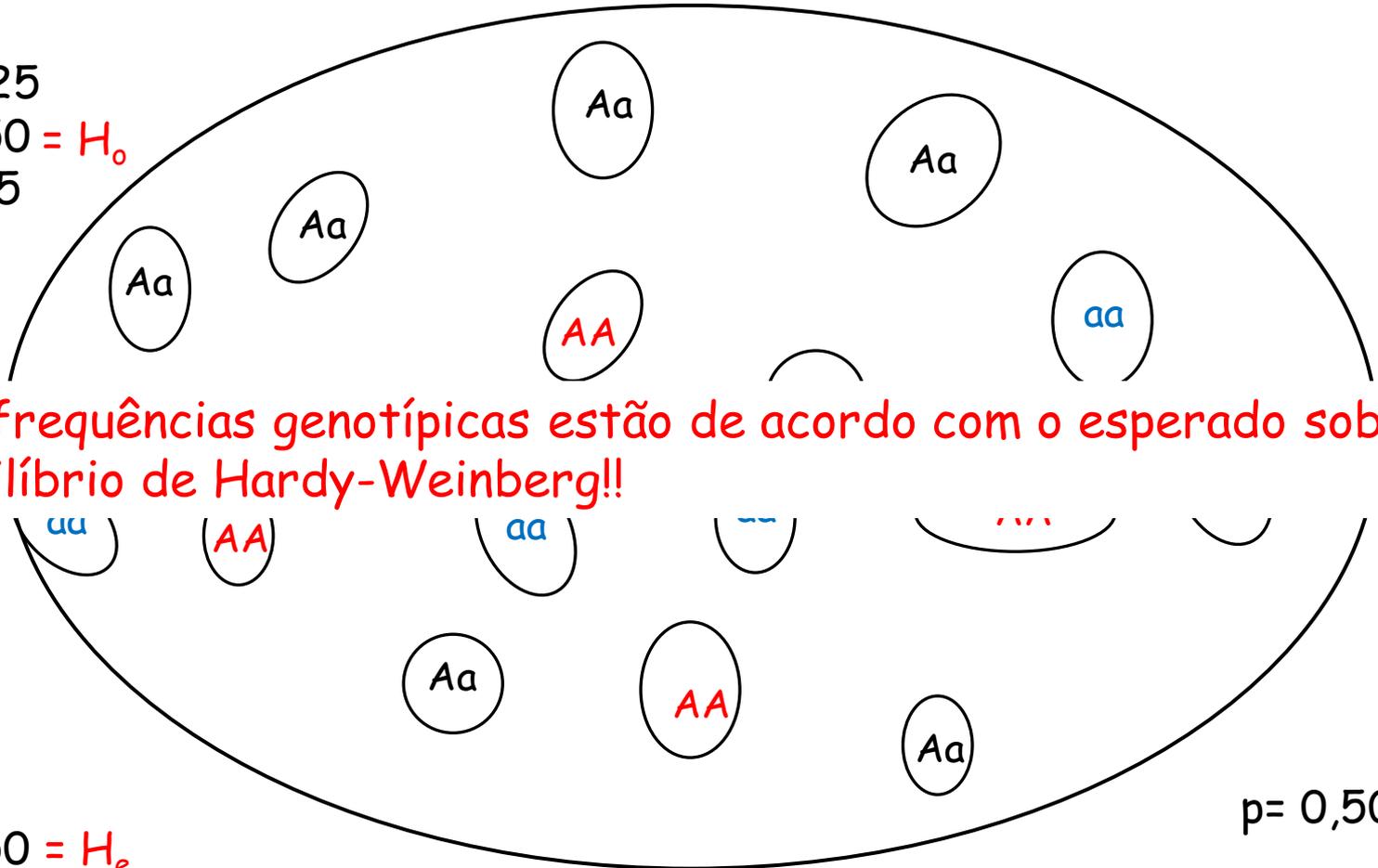
$$q = 0,50$$

V - O princípio de Hardy-Weinberg

$$f(AA) = 0,25$$

$$f(Aa) = 0,50 = H_o$$

$$f(aa) = 0,25$$



$$p^2 = 0,25$$

$$2pq = 0,50 = H_e$$

$$q^2 = 0,25$$

$$p = 0,50$$

$$q = 0,50$$

Medidas de Variabilidade Genética (A, P, A_e, R, H)

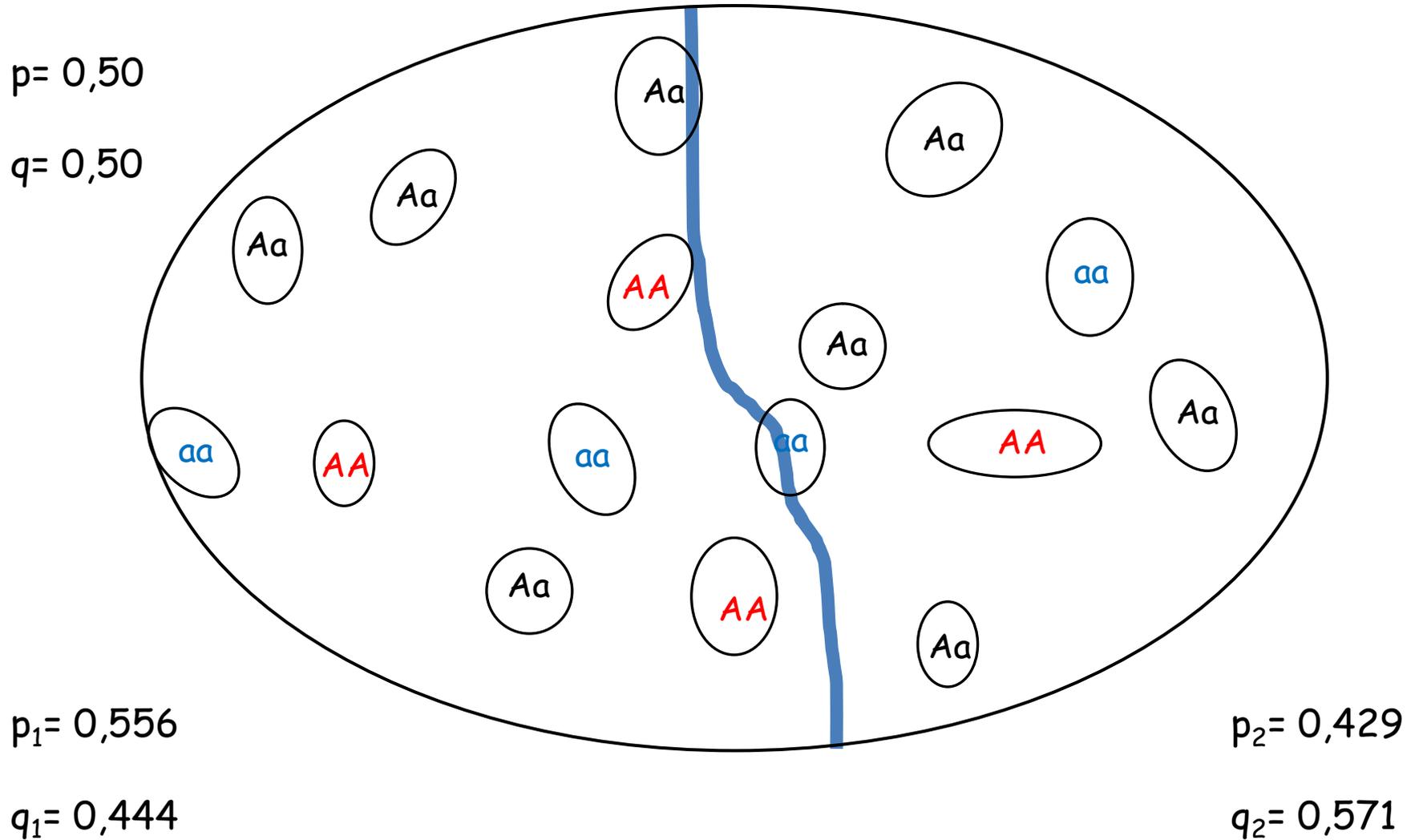
- a) Número de alelos por loco (A ou n)
- b) Percentagem de locos polimórficos (P)
- c) Número efetivo de alelos (A_e ou n_e) $n_e = (\sum p_i^2)^{-1}$
- d) Heterozigosidade esperada ou diversidade genética (H, H')

Freq. Alélica
(p_i)

$$H = 1 - \sum_{i=1}^m p_i^2$$

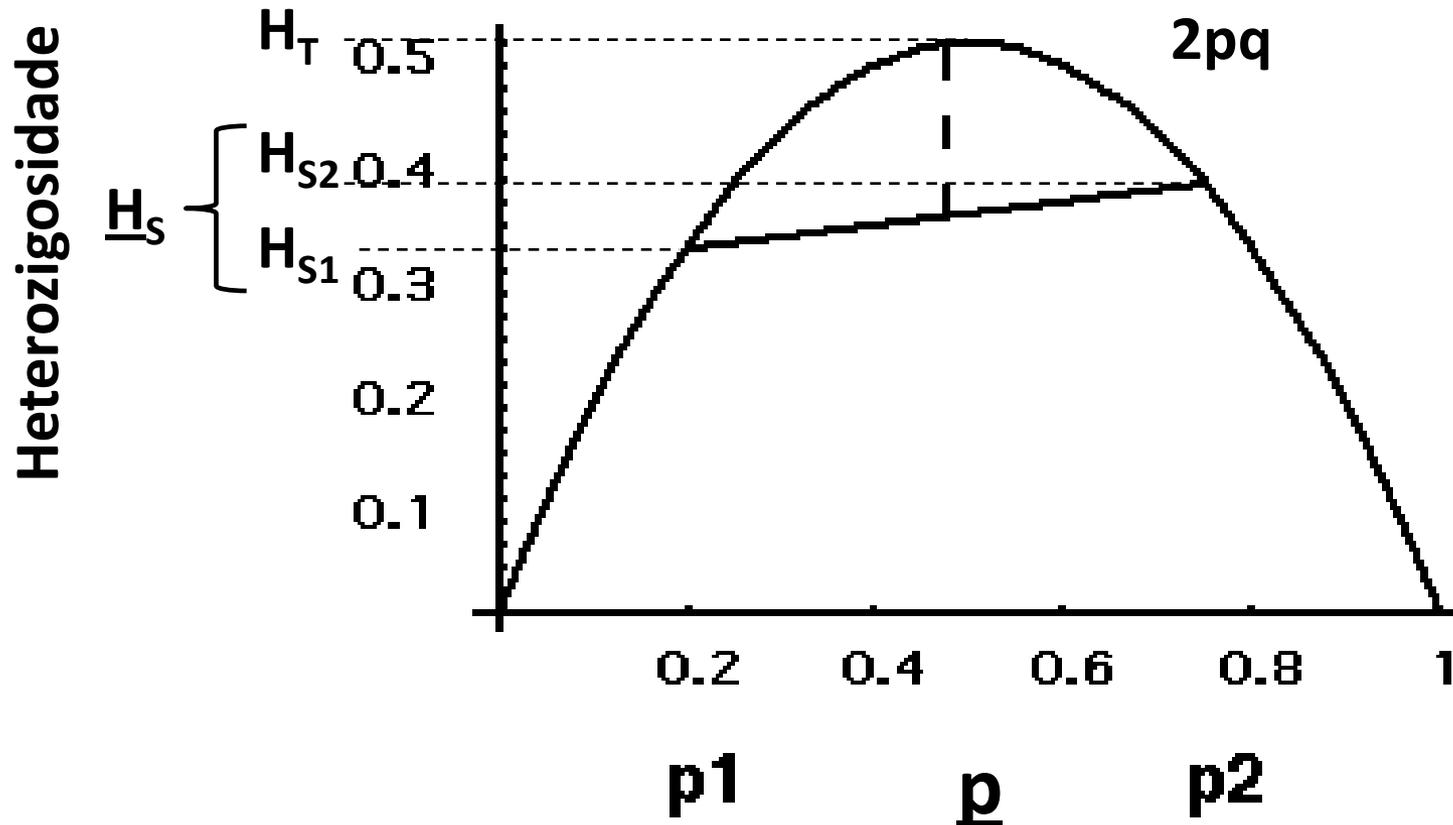
Onde: p_i = freqüência pop. do i-ésimo alelo de um loco/banda
(m= número de alelos)

VI - Estrutura genética

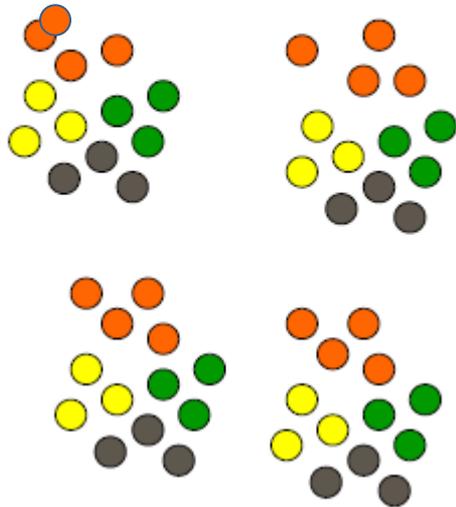


VI - Estrutura genética

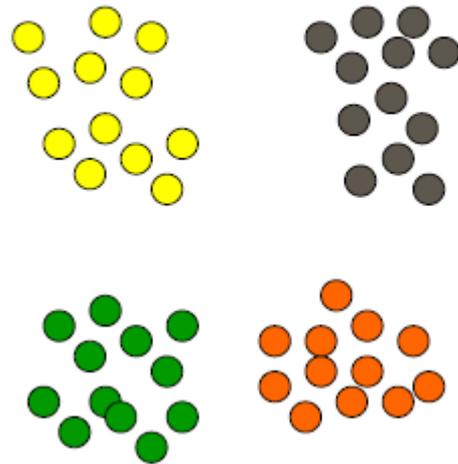
Efeito de Wahlund



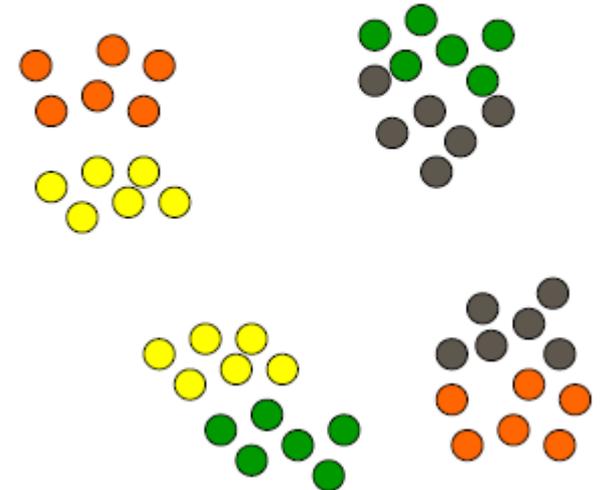
VI - Estrutura genética



GRUPO 1
variabilidade genética não estruturada entre populações (uma só pop.)



GRUPO 2
Mesmo nível de variabilidade genética, mas esta organizada entre populações



GRUPO 3
Mesma magnitude de variabilidade genética, porém esta organizada entre e dentro de populações

Parte 1

VI - Estrutura genética

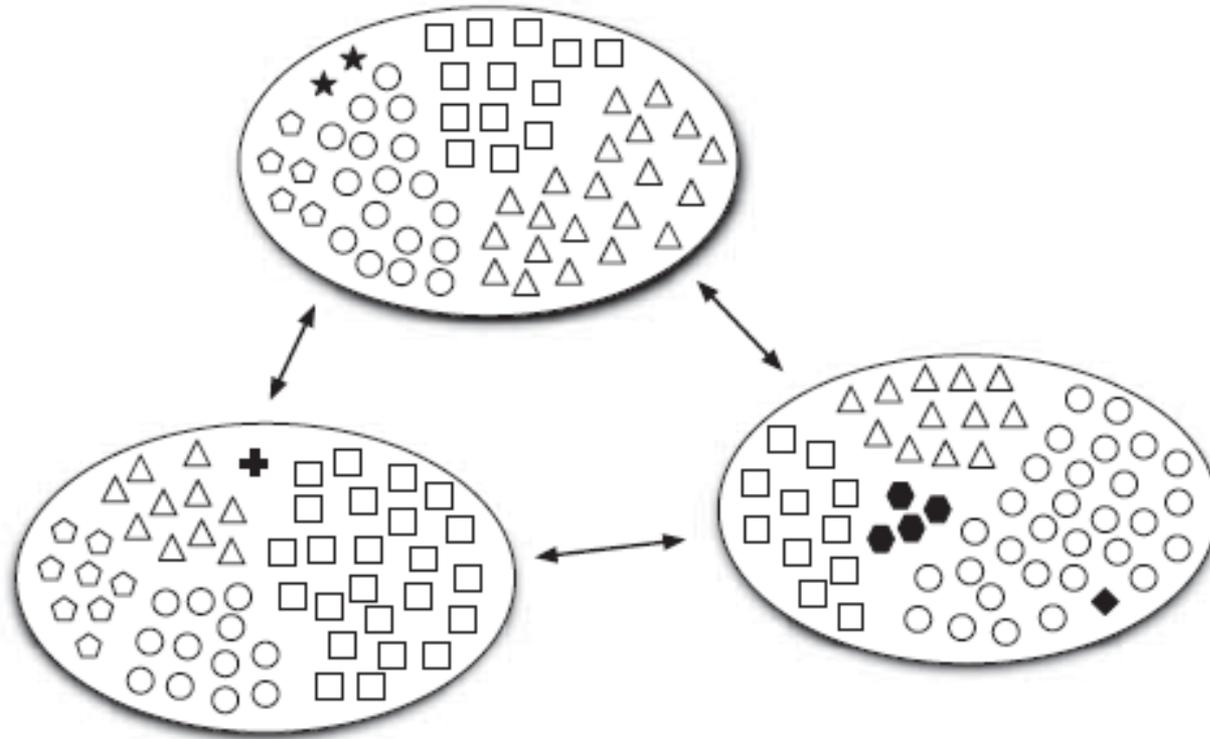


Figure 1 An illustration of the spatial distribution of shared (white) and private (black) alleles in a three-subpopulation model.

VII - Métodos para estimar estrutura genética

- a) Estatísticas-F de Wright (1951) (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}), Nei (H_S , H_T , D_{ST} , G_{ST}), Cockerham (f , F , θ)
- b) Análise de variância molecular (AMOVA)
- c) Distâncias genéticas e análises de agrupamento
- d) Distâncias genéticas/coeficientes de parentesco e autocorrelação espacial
- e) Análise de agrupamento bayesiana - "*Bayesian cluster analysis*" Programa *Structure*

*** Análises apropriadas para DIPLÓIDES E POLIPLÓIDES (grande parte das espécies arbóreas são poliplóides!)

VII - Métodos para estimar estrutura genética

Estatísticas - F de Wright

$$F_{IS} = (\underline{H}_S - H_I) / \underline{H}_S \quad F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T \quad F_{IT} = (H_T - H_I) / H_T$$

F_{IS} = redução da heterozigosidade de um indivíduo devido a cruzamentos não ao acaso na sua subpop.

F_{ST} = redução na heterozigosidade de uma subpopulação devido aos efeitos de deriva genética

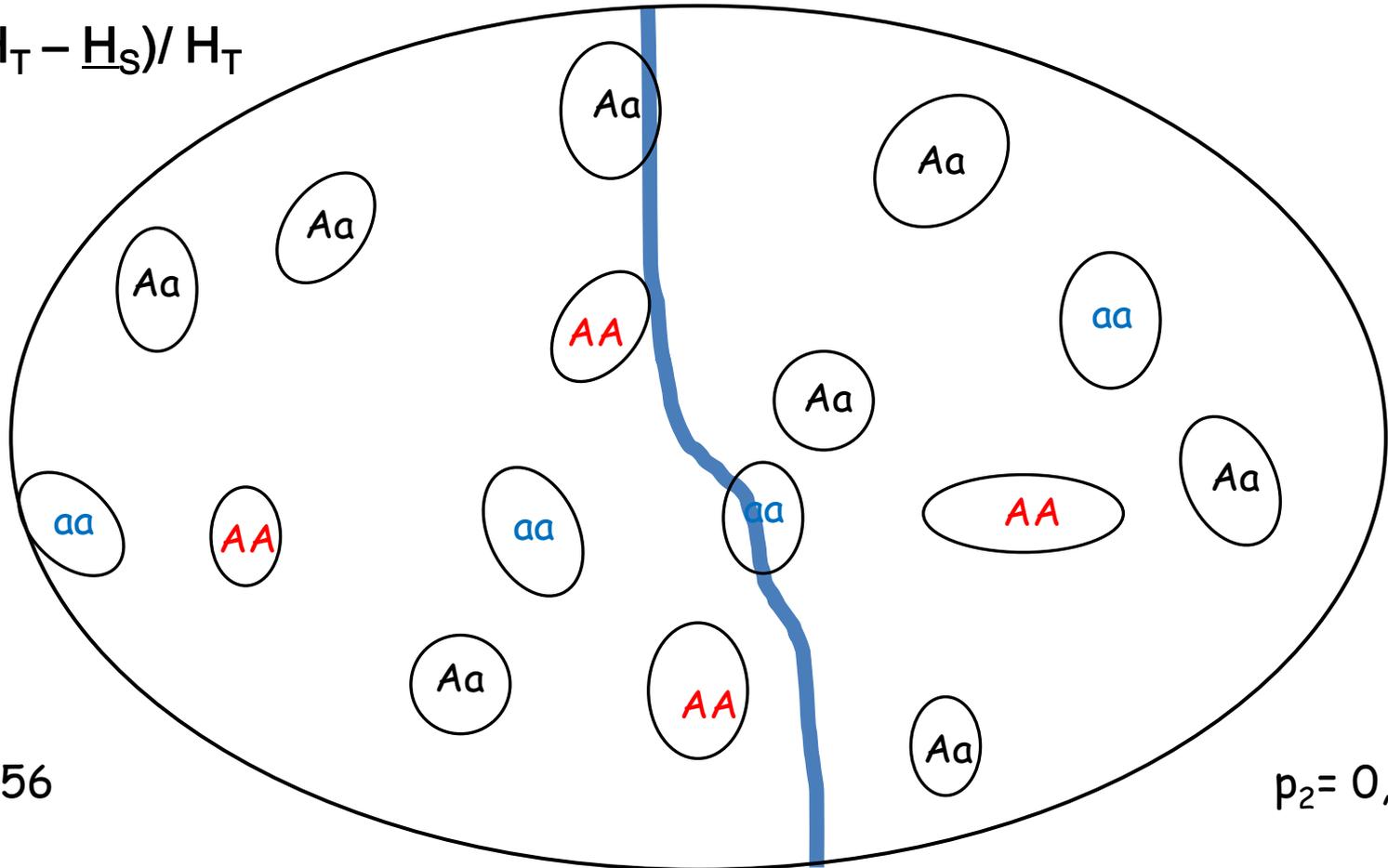
F_{IT} = redução da heterozigosidade de um indivíduo em relação à pop. total

(Inclui a contribuição devido aos cruzamentos não ao acaso dentro das subpop e à subdivisão da pop. total)

VII - Métodos para estimar estrutura genética

Cálculo F_{ST} de Wright - situação 1

$$F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T$$



$p_1 = 0,556$

$q_1 = 0,444$

$p_2 = 0,429$

$q_2 = 0,571$

VII - Métodos para estimar estrutura genética

Cálculo F_{ST} de Wright - situação 1

$$p_1 = 0,556$$

$$q_1 = 0,444$$

$$H_{S1} = 1 - [(0,556)^2 + (0,444)^2]$$

$$H_{S1} = 1 - [0,309136 + 0,197136]$$

$$H_{S1} = 1 - 0,506272$$

$$H_{S1} = 0,493728$$

$$F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T$$

$$H_{Si} = 1 - \sum_i^m p_i^2$$

$$\underline{H}_S = (0,493728 + 0,489918) / 2$$

$$\underline{H}_S = 0,491823$$

$$p = (p_1 + p_2) / 2 =$$

$$p = (0,556 + 0,429) / 2$$

$$p = 0,4925$$

$$H_T = 1 - \sum_i^m p_i^2$$

$$H_T = 1 - [(0,4925)^2 + (0,5075)^2]$$

$$H_T = 1 - [0,2426 + 0,2576]$$

$$H_T = 0,4998875$$

$$p_2 = 0,429$$

$$q_2 = 0,571$$

$$H_{S2} = 1 - [(0,429)^2 + (0,571)^2]$$

$$H_{S2} = 1 - [0,184041 + 0,326041]$$

$$H_{S2} = 1 - 0,510082$$

$$H_{S2} = 0,489918$$

$$q = (q_1 + q_2) / 2 =$$

$$q = (0,444 + 0,571) / 2$$

$$q = 0,5075$$

VII - Métodos para estimar estrutura genética

Cálculo F_{ST} de Wright - situação 1

$$F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T$$

$$\underline{H}_S = (0,493728 + 0,489918) / 2$$

$$\underline{H}_S = 0,491823$$

$$H_T = 1 - [(0,4925)^2 + (0,5075)^2]$$

$$H_T = 1 - [0,2426 + 0,2576]$$

$$H_T = 0,4998875$$

$$F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T$$

$$F_{ST} = (0,4998875 - 0,491823) / 0,4998875$$

$$F_{ST} = 0,0161$$

VII - Métodos para estimar estrutura genética

Cálculo F_{ST} de Wright - situação 2

$$p_1 = 0,556$$

$$p_1 = 0,2$$

$$q_1 = 0,444$$

$$q_1 = 0,8$$

$$H_{Si} = 1 - \sum_i^m p_i^2$$

$$p_2 = 0,8$$

$$p_2 = 0,429$$

$$q_2 = 0,2$$

$$q_2 = 0,571$$

$$H_{S1} = 2pq$$

$$H_{S1} = 2 \times 0,2 \times 0,8$$

$$H_{S1} = 0,32$$

$$H_{S2} = 2pq$$

$$H_{S2} = 2 \times 0,8 \times 0,2$$

$$H_{S2} = 0,32$$

$$\underline{H}_S = (0,32 + 0,32) / 2$$

$$\underline{H}_S = 0,32$$

$$p = (p_1 + p_2) / 2 =$$

$$p = (0,2 + 0,8) / 2$$

$$p = 0,5$$

$$H_T = 1 - \sum_i^m p_i^2$$

$$q = (q_1 + q_2) / 2$$

$$q = (0,8 + 0,2) / 2$$

$$q = 0,5$$

$$H_T = 1 - [(0,5)^2 + (0,5)^2]$$

$$H_T = 1 - [0,25 + 0,25]$$

$$H_T = 0,50$$

VII - Métodos para estimar estrutura genética

Cálculo F_{ST} de Wright - situação 2

$$F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T$$

$$\underline{H}_S = (0,32 + 0,32) / 2$$

$$\underline{H}_S = 0,32$$

$$H_T = 1 - [(0,5)^2 + (0,5)^2]$$

$$H_T = 1 - [0,25 + 0,25]$$

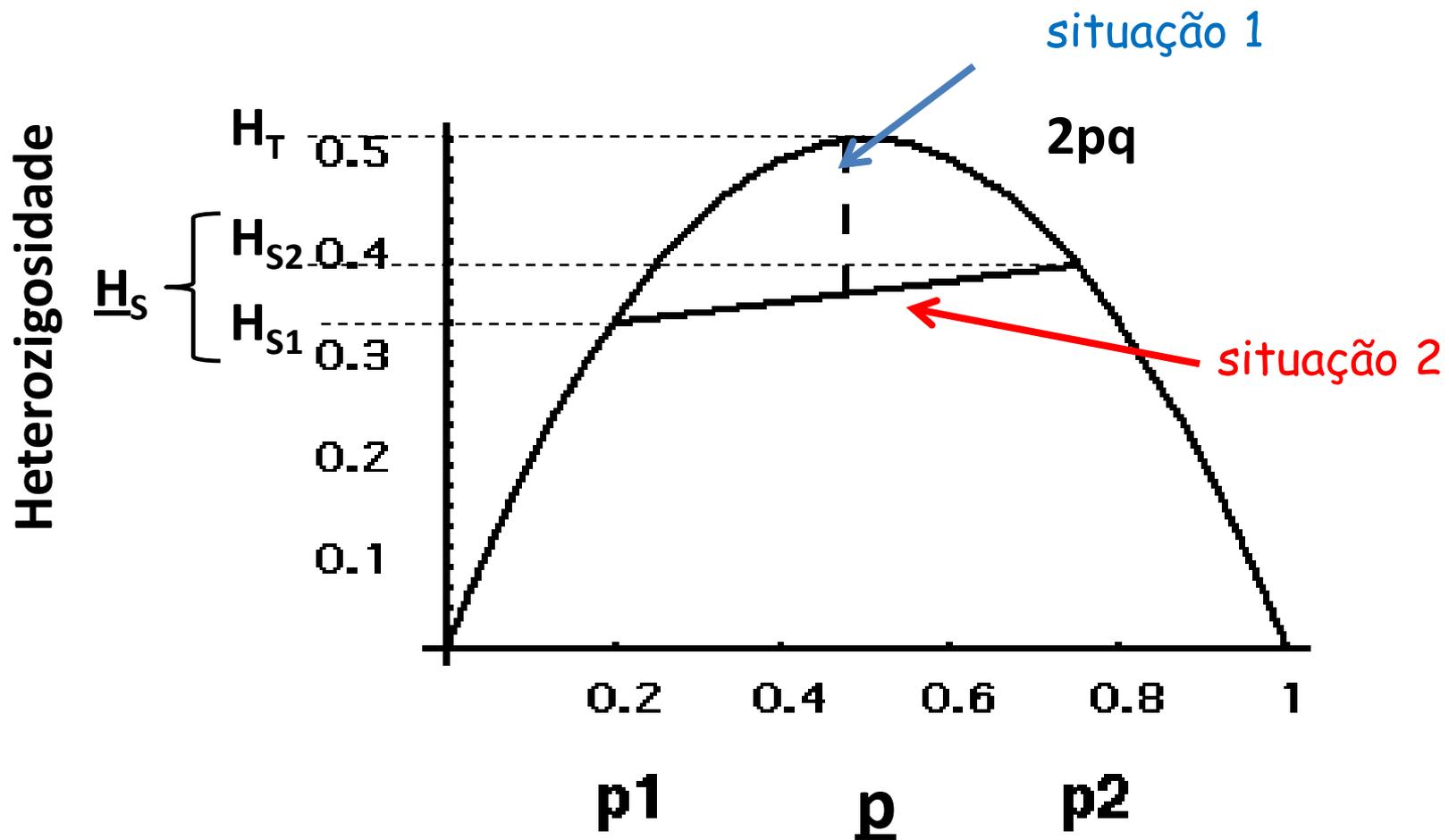
$$H_T = 0,50$$

$$F_{ST} = (H_T - \underline{H}_S) / H_T$$

$$F_{ST} = (0,50 - 0,32) / 0,50$$

$$F_{ST} = 0,360$$

Estrutura genética



VIII - Tamanho efetivo da população (N_e)

O tamanho efetivo de uma população real (N_e) é o número de indivíduos (N) de uma pop. teoricamente ideal que possui a mesma magnitude de deriva genética da pop. real (Hartl & Clark 1989).

- ✓ cruzamentos ao acaso
 - ✓ ~~mutações~~
 - ✓ ~~seleção natural~~
 - ✓ muitas subpopulações independentes com tamanho constante N_s
 - ✓ ~~fluxo gênico~~
-
- ✓ diplóide
 - ✓ reprodução sexual
 - ✓ ausência de sobreposição de gerações

VIII - Tamanho efetivo da população (N_e)

O tamanho efetivo de uma população real (N_e) é o número de indivíduos (N) de uma pop. teoricamente ideal que possui a mesma magnitude de deriva genética da pop. real (Hartl & Clark 1989).

O tamanho efetivo de uma população real (N_e) é geralmente *menor* que o número de indivíduos da pop., porque as pop. reais não obedecem a todas as premissas do modelo de deriva genética (Hartl & Clark 1989).



Tamanho populacional efetivo (N_e)



Deriva genética



Tamanho populacional efetivo (N_e)



Deriva genética

- Ferreira, M. E. & Grattapaglia, D. 1998. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análises genéticas.** EMBRAPA/CENARGEN, Brasília, DF. 220p.
- Hartl, D.L. & Clark, A.G. 1989. **Principles of population genetics,** 2nd ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA, USA. 682p.
- Hedrick, P.W. 2011. **Genetics of populations,** 4th ed. Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, MA, USA. 675p.
- Nei, M., 1987. **Molecular evolutionary genetics.** Columbia University Press, New York.
- Raven, P.H., Evert, R.F. & Eichhorn, S.E. 1996. **Biologia vegetal,** 5^a. ed. Coord. Trad. J.E.Kraus. Editora Guanabara Koogan, Rio de Janeiro.
- Wilson, E.O. & Bossert, W.H. 1971. **A Primer of Population Biology.** Sinauer Associates, Inc., Stamford, CT, USA. 192p.

- Andrews, K.R., Good, J.M., Miller, M.R., Luikart, G., Hohenlohe, P.A., 2016. Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nat. Rev. Genet.* 17, 81-92. doi:10.1038/nrg.2015.28
- Ellstrand, N.C., 2014. Is gene flow the most important evolutionary force in plants? *Am. J. Bot.* 101, 737-753. doi:10.3732/ajb.1400024

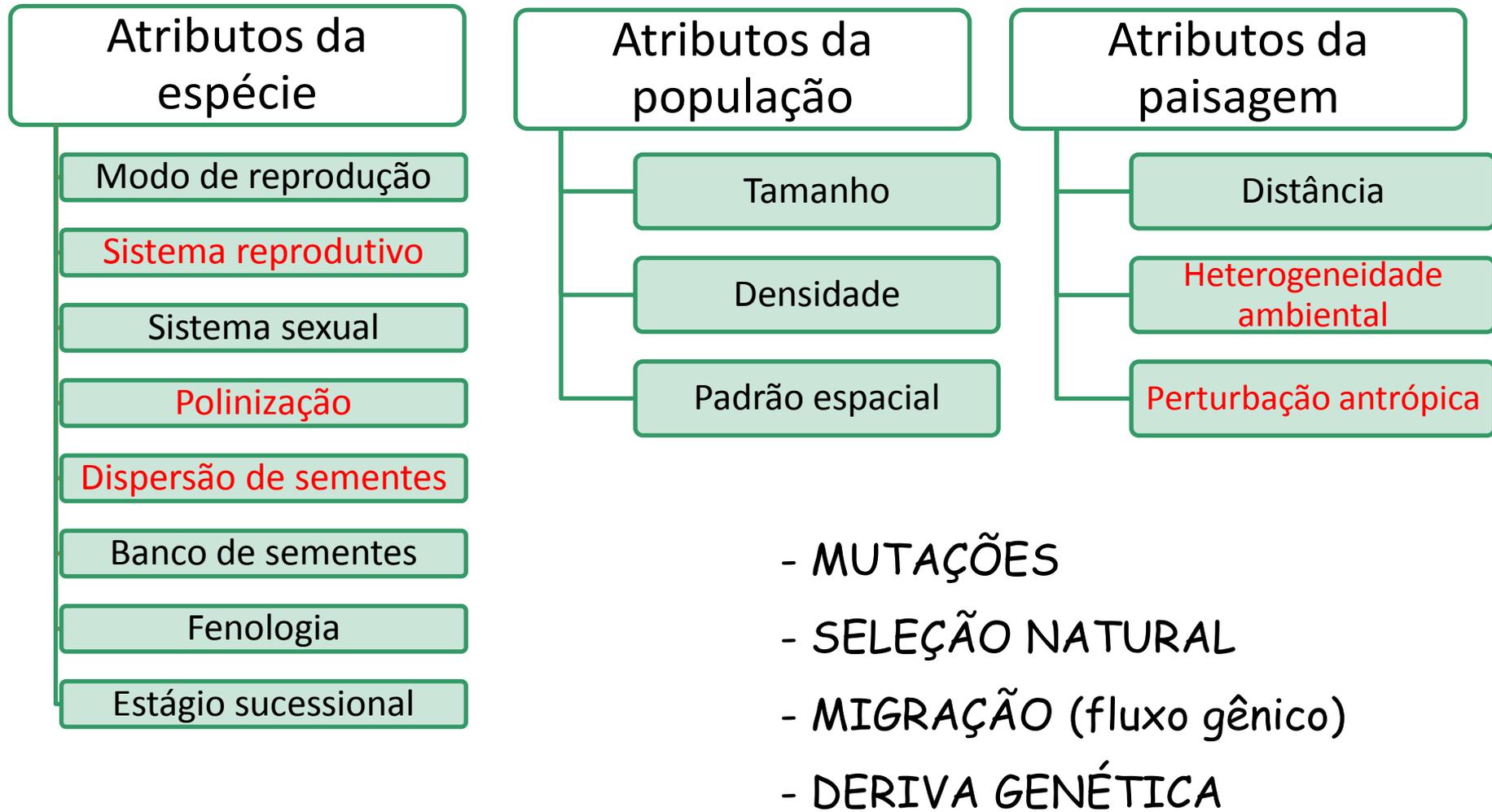
Parte 2

Fatores ecológicos que afetam a estrutura genética de populações de plantas

BT 791 - Tópicos em Ecologia Vegetal

IB - UNICAMP

Professor responsável: Flavio Antonio Maës dos Santos



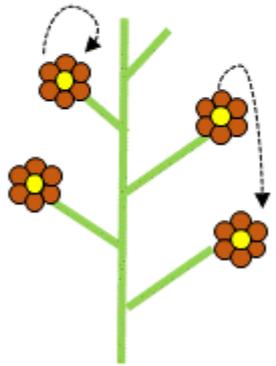
Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

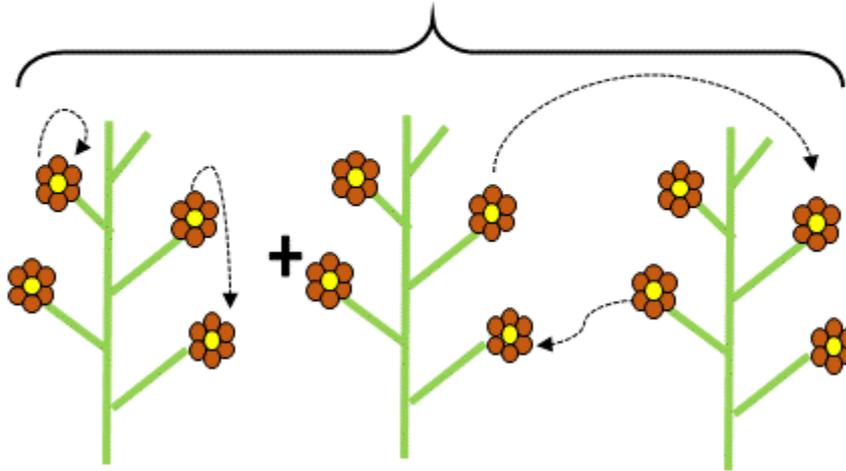
Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

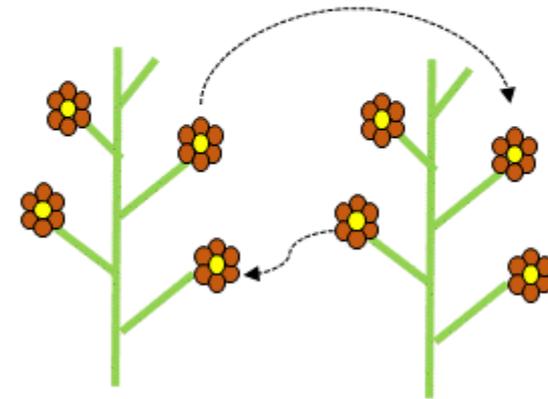
Autogamia



Misto



Alogamia



Fonte: Talita S. Reis

Marcadores moleculares

Taxa de autofecundação (s)
Taxa de cruzamento (t)

$$t = 1 - s$$

0 0,05

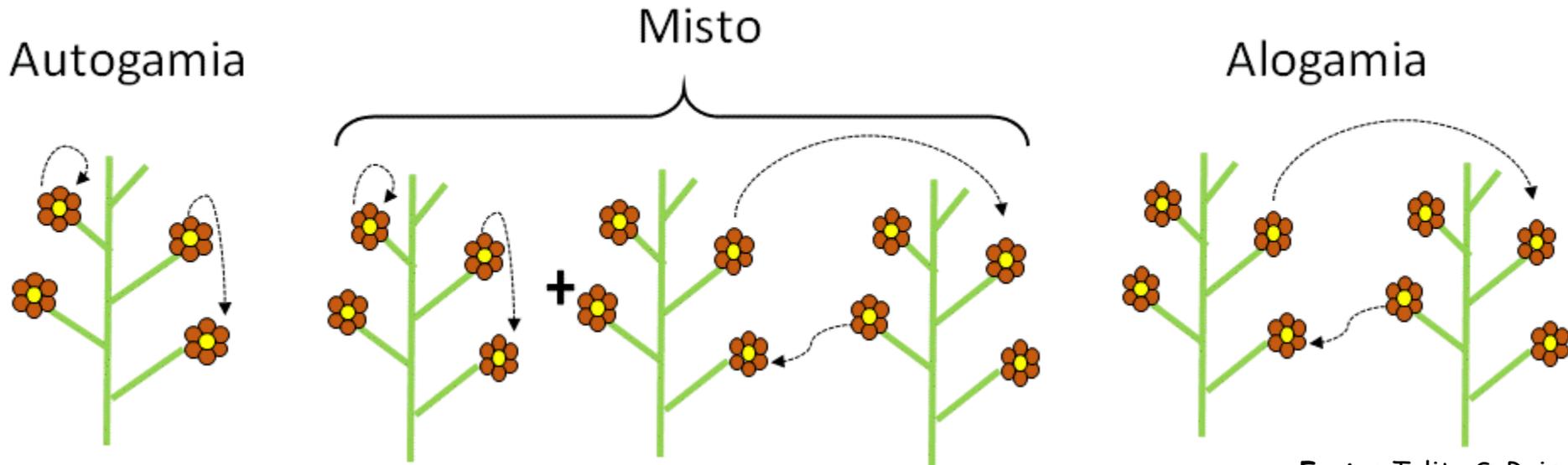
Taxa de cruzamento (t)

0,95 1,00

Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

“Major factor influencing genetic structure”



Fonte: Talita S. Reis

Variação Genética

Estrutura Genética

Autogamia	Baixa, baixa heteroziguidade	Aumento da divergência devido a deriva e fluxo gênico reduzido
Reprodução Mista	Maior variabilidade	Depende do nível de autofecundação
Alogamia	Alta, alta heteroziguidade	Reduzida divergência devido ao elevado fluxo de pólen

Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

Genetic Resources and Crop Evolution (2007) 54: 1367–1379

Genetic diversity and structure of Ethiopian, Yemen and Brazilian *Coffea arabica* L. accessions using microsatellites markers

Milene Silvestrini · Michele G. Junqueira · Andréa C. Favarin ·
Oliveiro Guerreiro-Filho · Mirian P. Maluf · Maria B. Silvarolla ·
Carlos A. Colombo

Área de estudo: IAC, Campinas

Marcador: SSR – 16 loci

Acessos - Banco de germoplasma

Coffea canephora



Alógama

X

Coffea arabica



Misto (7– 9% de cruzamento)

(Carvalho & Krug, 1949)

Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

Genetic Resources and Crop Evolution (2007) 54: 1367–1379

Genetic diversity and structure of Ethiopian, Yemen and Brazilian *Coffea arabica* L. accessions using microsatellites markers

Milene Silvestrini · Michele G. Junqueira · Andréa C. Favarin ·
Oliveiro Guerreiro-Filho · Mirian P. Maluf · Maria B. Silvarolla ·
Carlos A. Colombo

Área de estudo: IAC, Campinas

Marcador: SSR – 16 loci

Acessos - Banco de germoplasma

Table 4 Genetic diversity within species and groups of coffee species assessed by average number of alleles per locus (A), proportion of polymorphic loci (P) and Shannon's genetic index averaged over all loci (H')

Species	Group	A	P (%)	H'	
<i>Coffea arabica</i>	Harar (HA)	2.3	5.0	0.050	
	Sidamo (SI)	2.7	16.5	0.143	
	Shoa (SH)	2.5	12.4	0.115	
	Eritrea (ER)	2.0	–	–	
	Gojjam (GO)	2.5	13.2	0.087	
	Kaffa (KA)	3.2	24.8	0.142	N=35
	Illubabor (IL)	3.1	24.0	0.147	N=17
	Yemen (YE)	2.2	5.0	0.028	
	Commercial cultivars	2.0	4.1	0.020	
<i>Coffea eugenioides</i>		2.5	29.8	0.242	N=5
<i>Coffea canephora</i>		2.8	24.6	0.197	N=6
<i>Coffea racemosa</i>		2.1	20.7	0.200	N=4

$$H_{sp} = 0.210 \text{ (N=99)}$$

$$H_{sp} = 0.179 \text{ (N=71, sem cv comerciais)}$$

Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

American Journal of Botany (2016) 103(1): 99 – 109

Mating system divergence affects the distribution of sequence diversity within and among populations of recently diverged subspecies of *Clarkia xantiana* (Onagraceae)¹

James B. Pettengill, Ryan D. Briscoe Runquist, and David A. Moeller²

Autocompatíveis

Área de estudo: Califórnia, EUA

Sequências de DNA nuclear – 8 loci

6 x 8 populações

Dispersão: autocórica

C. xantiana subsp xantiana

C. xantiana subsp parviflora

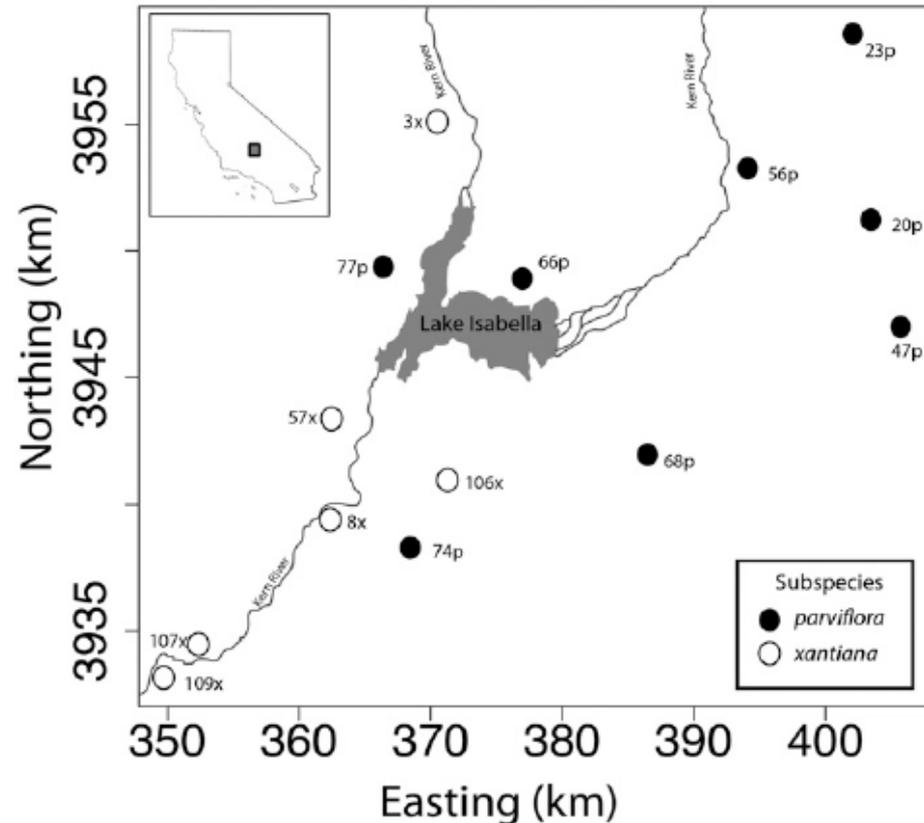


X



Alógama

Autógama



Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

American Journal of Botany (2016) 103(1): 99 – 109

Mating system divergence affects the distribution of sequence diversity within and among populations of recently diverged subspecies of *Clarkia xantiana* (Onagraceae)¹

James B. Pettengill, Ryan D. Briscoe Runquist, and David A. Moeller²

Autocompatíveis

Área de estudo: Califórnia, EUA

Sequências de DNA nuclear – 8 loci

6 x 8 populações

Dispersão: autocórica

Polinização: abelhas
Autocompatíveis

Coeficiente de endogamia (F_{IS}/f)	
xantiana	0.38
parviflora	0.60



C. xantiana subsp xantiana

C. xantiana subsp parviflora

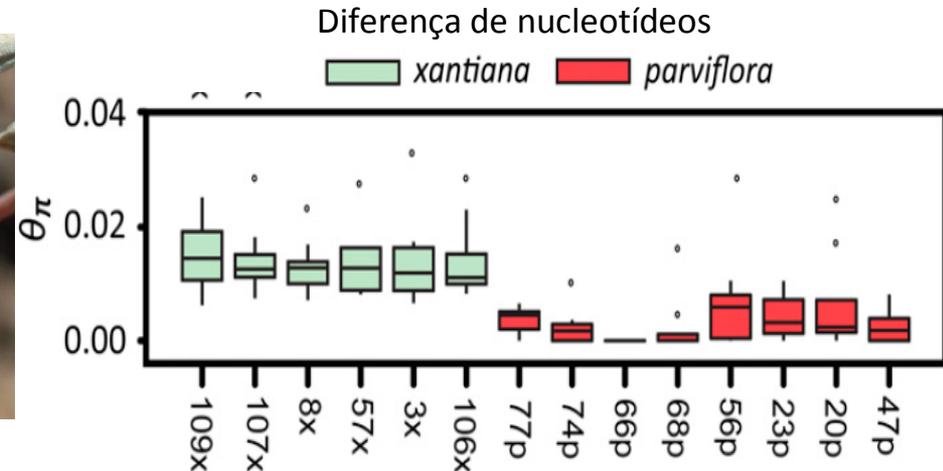


X



Alógama

Autógama



Atributos da espécie

Sistema Reprodutivo

American Journal of Botany (2016) 103(1): 99 – 109

Mating system divergence affects the distribution of sequence diversity within and among populations of recently diverged subspecies of *Clarkia xantiana* (Onagraceae)¹

James B. Pettengill, Ryan D. Briscoe Runquist, and David A. Moeller²

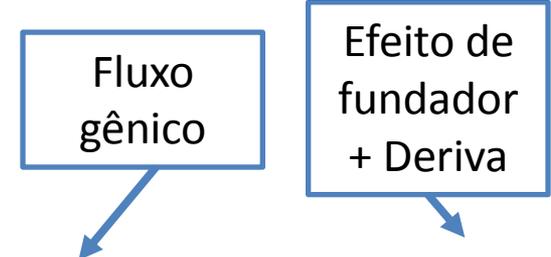
Autocompatíveis

Área de estudo: Califórnia, EUA

Sequências de DNA nuclear – 8 loci

6 x 8 populações

Dispersão: autocórica



C. xantiana subsp *xantiana*

C. xantiana subsp *parviflora*

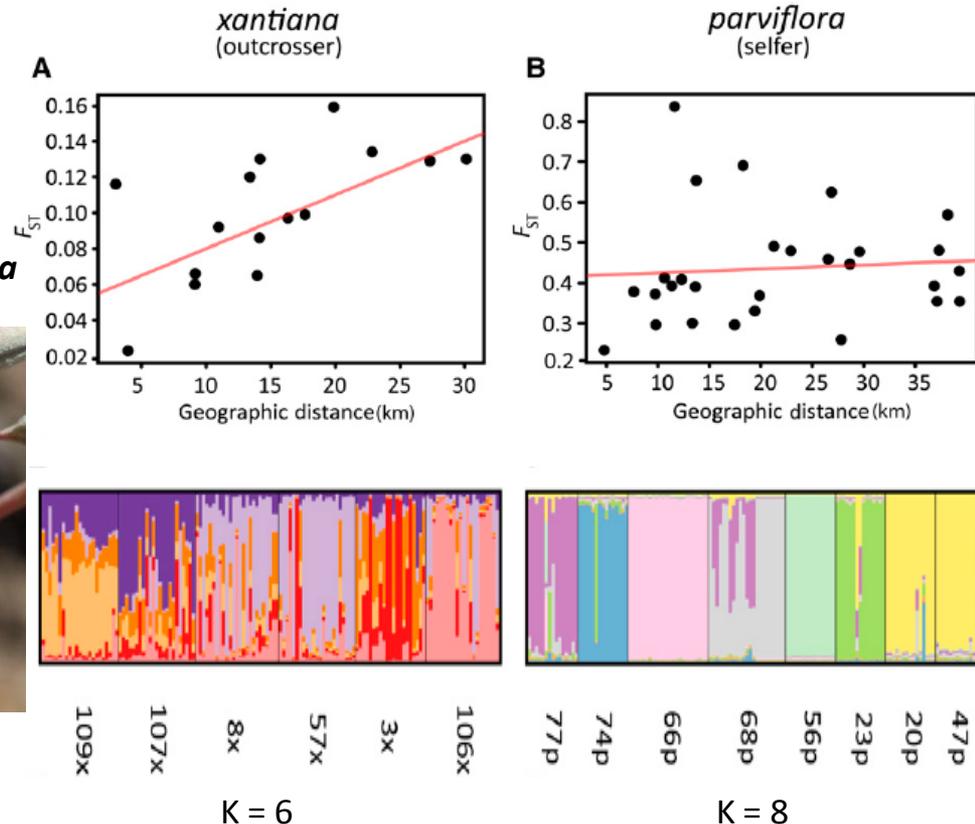


X



Alógama

Autógama



Atributos da espécie

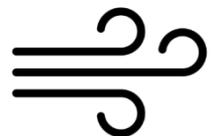
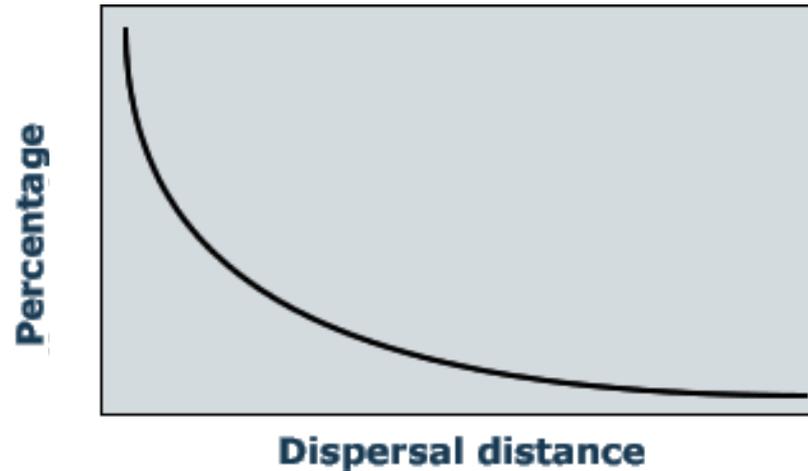
Polinização

Atributos da espécie

Polinização

Escala e frequência da polinização dependerão dos agentes polinizadores

Leptocúrtica



Atributos da espécie

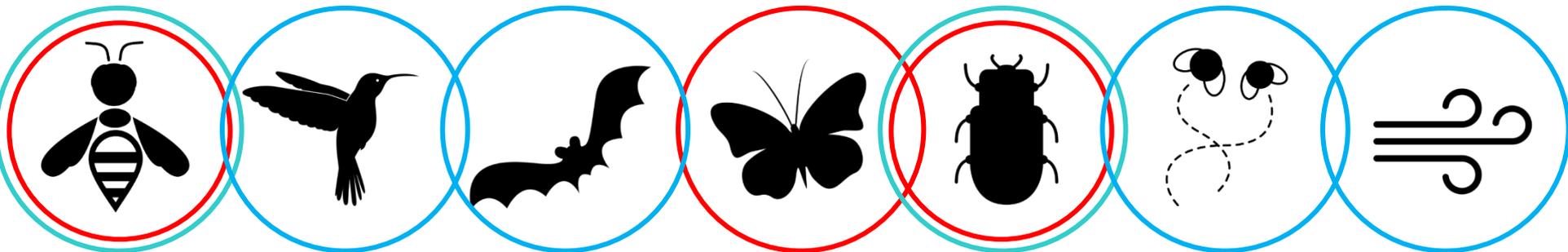
Polinização

	Variação Genética	Estrutura Genética
Vento	Alta	Rara dispersão de pólen por longas distâncias previnem a divergência

	Variação Genética	Estrutura Genética
Animais polinizadores que efetuam movimentos de pólen de longa distância	Alta	Aumentar a vizinhança reprodutiva e diminuir a diferenciação
Animais polinizadores que não efetuam movimentos de pólen de longa distância	Baixa	Diminuir a vizinhança reprodutiva e aumentar a diferenciação

(Loveless & Hamrick 1984)

Animais: movimento pode variar de acordo com fisiologia e comportamento + disponibilidade de recurso



Atributos da espécie

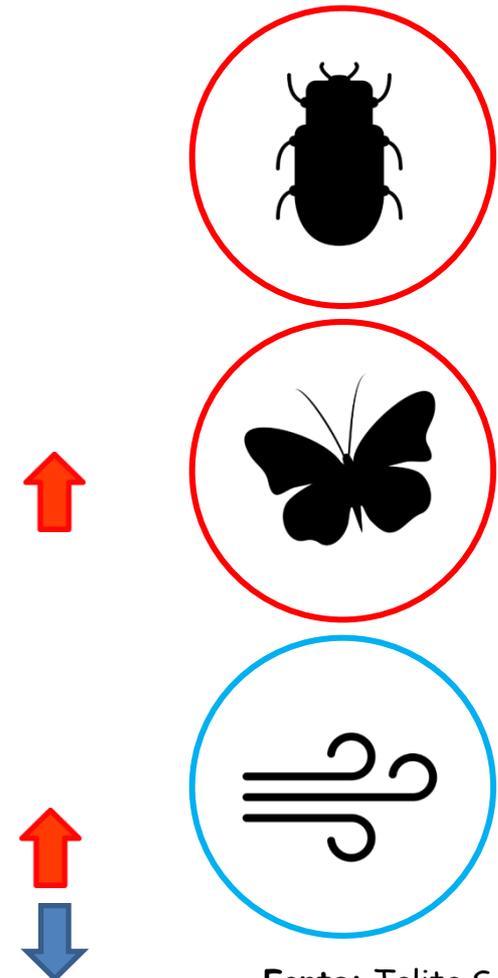
Polinização

PLOS ONE (2016) 29: 1-24

Pollination Mode and Mating System Explain Patterns in Genetic Differentiation in Neotropical Plants

Liliana Ballesteros-Mejia¹, Natácia E. Lima¹, Matheus S. Lima-Ribeiro², Rosane G. Collevatti^{1*}

	N	$F_{ST} \pm SD$ (n) (SSR)
Morcegos	18	0.060 ± 0.047 (4)
Besouros	2	0.239 ± 0 (1)
Moscas	2	-
Hymenoptera	130	0.235 ± 0.201 (28)
Beija-flores	18	0.068 ± 0.075 (2)
Lepidópteros	14	0.340 ± 0.244 (6)
Vento	4	0.020 (dominant markers)



Atributos da espécie

Polinização

Heredity (1992) 69: 217-228

Genetic structure, outcrossing rate and heterosis in *Astrocaryum mexicanum* (tropical palm): implications for evolution and conservation

LUIS E. EGUIARTE*, NIDIA PEREZ-NASSER & DANIEL PIÑERO

Monóica Autocompatível - $S = 23\%$

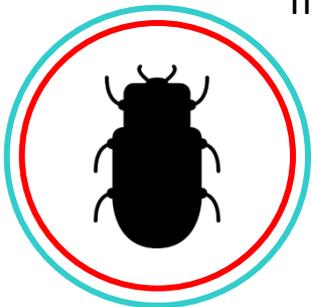
Área de estudo: Los Tuxtlas, México

Marcador: Aloenzimas – 5 loci

4 Populações – parcelas (200 – 500m)

Adultos x Sementes

Dispersão: gravidade + secundária peq. mamíferos (Eguiarte et al. 1993)



Atributos da espécie

Polinização

Heredity (1992) 69: 217-228

Genetic structure, outcrossing rate and heterosis in *Astrocaryum mexicanum* (tropical palm): implications for evolution and conservation

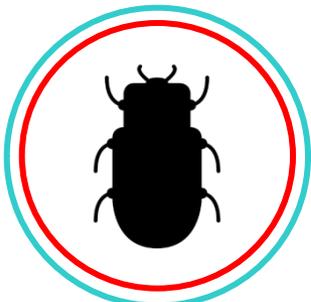
LUIS E. EGUIARTE*, NIDIA PEREZ-NASSER & DANIEL PIÑERO

Ballesteros-Mejia et al. (2016)

↑ $F_{ST} = 0,239$ (SSR)
 $F_{ST} = 0,130$ (aloenzimas)

† = 1 → Alógama Alto fluxo de pólen!!

- Densidade de 0,14 ind./m²
 - mediana de 1 inflor./adulto em 3 meses + diacronia entre:



Fonte: Talita S. Reis

Eguiarte et al. (1993)

Table 10 Wright's F statistics (Wright, 1965; Nei, 1987) for *A. mexicanum* in 1987, for adults and seeds. 95% confidence intervals for the means in parentheses (Weir, 1990)

Locus	F_{is}	F_{st}	F_{it}
<i>Mdh</i> -1 adults	-0.2014*	0.0318*	-0.1632*
<i>Mdh</i> -1 seeds	-0.0713*	0.0258*	-0.0436
<i>6Pgd</i> -1 adults	-0.5756*	0.0563*	-0.4869*
<i>6Pgd</i> -1 seeds	-0.1004*	0.0048*	-0.0951*
<i>Pgi</i> -1 adults	-0.2432*	0.0141	-0.2257*
<i>Pgi</i> -1 seeds	-0.3081*	0.0046*	-0.3021*
<i>Adh</i> -1 adults	-0.5957*	0.0537*	-0.5100*
<i>Adh</i> -1 seeds	-0.2284*	0.0058*	-0.2212*
<i>Lap</i> -2 adults	-0.4687*	0.0422*	-0.4067*
<i>Lap</i> -2 seeds	-0.2341*	0.0044*	-0.2287*
Mean adults	-0.4169 (0.1623) = †	0.0396 (0.0152) >	-0.3585 (0.1369) =
Mean seeds	-0.1885 (0.0871)	0.0091 (0.0082)	-0.1781 (0.0927)

* $P < 0.05$, chi-square test, for F_{is} and F_{it} according to Li & Horvitz (1953), for F_{st} according to Workman & Niswander (1970).

†Equal in adults and seeds (=) or larger in the adults than in the seeds (>), according to the 95% confidence intervals.

Atributos da espécie

Dispersão de sementes

Atributos da espécie

Dispersão de sementes

Movimentos de semente limitados

→ + estruturação



Estrutura Genética

Gravidade / explosiva

Dispersão limitada promove a diferenciação

Alada/plumosa (vento)

Pequenas quantidades de migração de longa distância prevenir a divergência

Ingeridas por animais / Aderidas a animais

Transporte regular de longas distâncias promovem a homogeneidade

Dispersão secundária



Atributos da espécie

Dispersão de sementes

Evolution (1994) 48(2): 437-453

POPULATION GENETIC STRUCTURE OF *CECROPIA OBTUSIFOLIA*, A TROPICAL PIONEER TREE SPECIES

ELENA R. ALVAREZ-BUYLLA AND ADRIANA A. GARAY

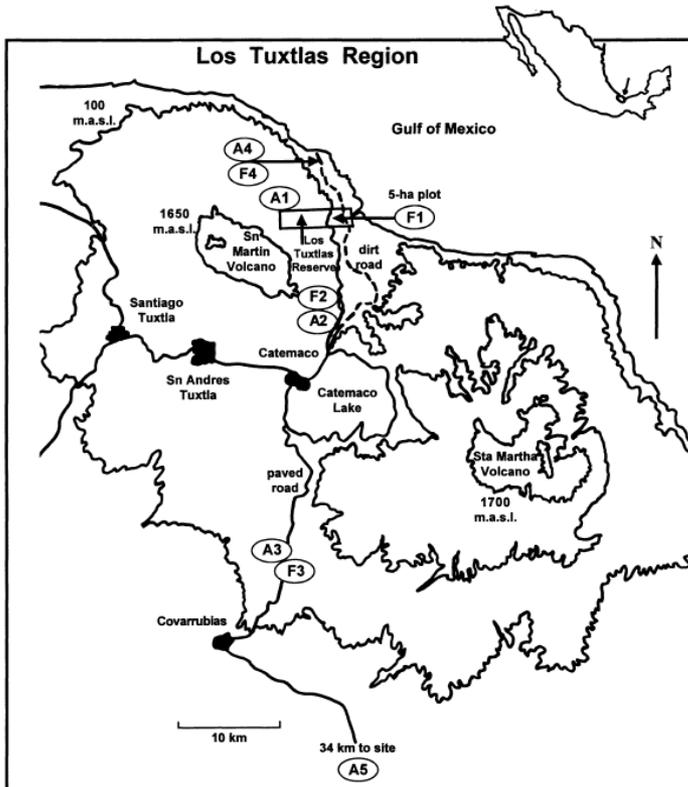


FIG. 1. Map of Los Tuxtlas Range in the state of Veracruz (México) and collection sites of *Cecropia obtusifolia* leaf tissue for electrophoresis. Collection sites in ellipses: A, "acahuales" (local name for sites disturbed by humans; 1 to 5) and F, pristine rain forest (1 to 4). F1 corresponds to the 5-ha plot located within the Los Tuxtlas Biological Field Station (see the text for details). Elevational contour lines are shown, and values in some of them correspond to meters above sea level.



$$F_{ST} = 0.029^*$$



Dióica

Área de estudo: Los Tuxtlas,
México

Marcador: Aloenzimas - 8 loci

Polinização: vento

Dispersão: pássaros e mamíferos

0.05 – 107 km



Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

Solos

Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

Solos

Nature Letters (2006) 441(11): 210–213

Sympatric speciation in palms on an oceanic island

Vincent Savolainen¹, Marie-Charlotte Anstett², Christian Lexer¹, Ian Hutton³, James J. Clarkson¹, Maria V. Norup^{1,4}, Martyn P. Powell¹, David Springate¹, Nicolas Salamin⁵ & William J. Baker¹

Monóica

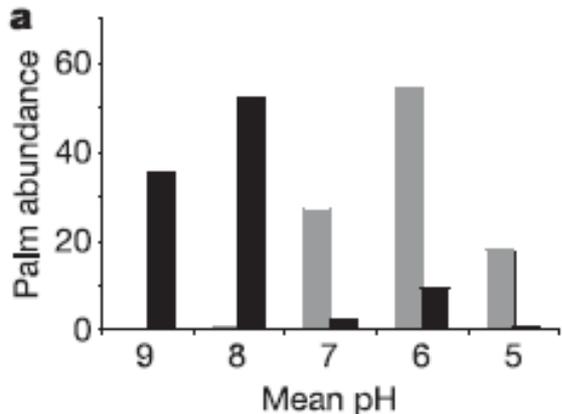
Área de estudo: Lord Howe Island, Australia

Marcador: AFLP - 274 loci

Polinização: vento

Dispersão: -

especiação simpátrica - **seleção disruptiva**



■ *H. forsteriana* Calcarenitos
 ■ *H. belmoreana* Vulcânicos



Palmeiras – *Howea forsteriana* e *H. belmoreana*

Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

Solos

Nature Letters (2006) 441(11): 210–213

Sympatric speciation in palms on an oceanic island

Vincent Savolainen¹, Marie-Charlotte Anstett², Christian Lexer¹, Ian Hutton³, James J. Clarkson¹, Maria V. Norup^{1,4}, Martyn P. Powell¹, David Springate¹, Nicolas Salamin⁵ & William J. Baker¹

Disjunção no tempo de florescimento correlacionado com preferência de solo: Protandria ausente em solos vulcânicos ⇒ *H. forsteriana*

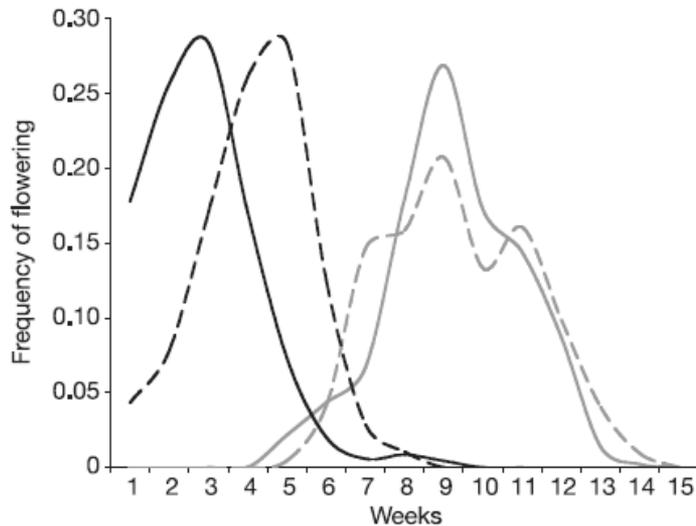


Figure 2 | Flowering phenology for each *Howea* species. *H. belmoreana* is

■ *H. forsteriana* ■ *H. belmoreana*
 Calcarenitos Vulcânicos

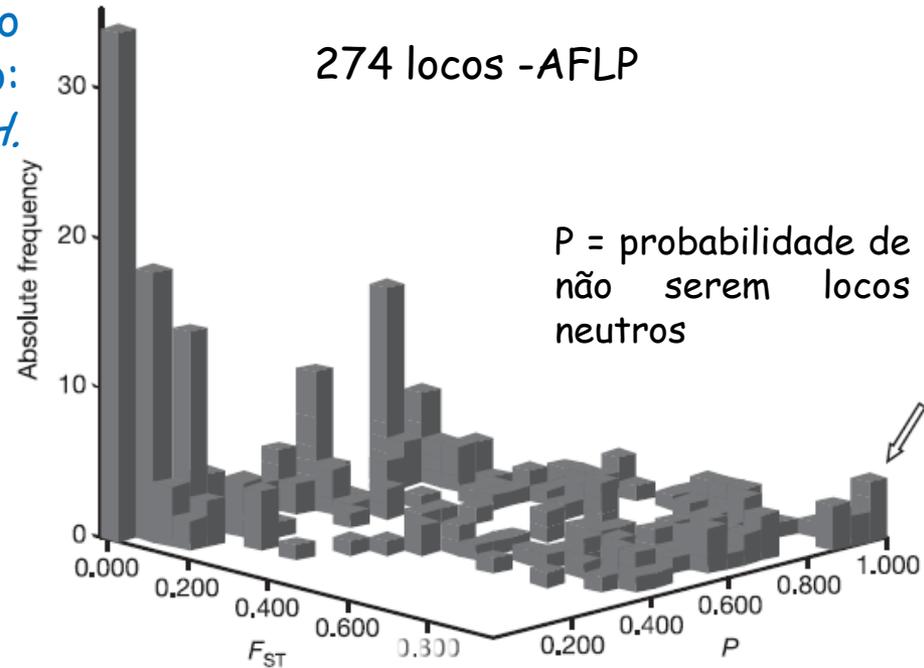


Figure 4 | AFLP genome scan for species differentiation in *H. belmoreana* and *H. forsteriana*. Histogram shows the frequency distribution of

$F_{ST} = 0,131$ (mediano)
 $F_{ST} = 0,307$ (médio)

Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

Luz e microclima

Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

Forest Ecology and Management (2015) 344: 38–52

Luz e microclima

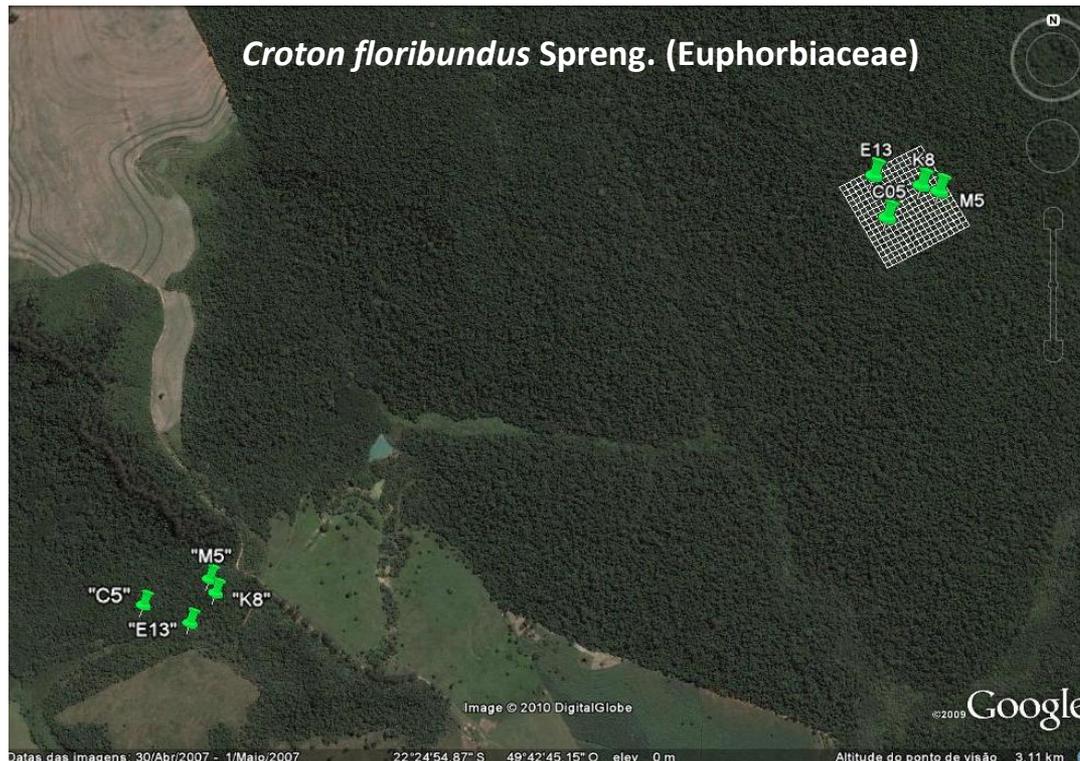
How do gap dynamics and colonization of a human disturbed area affect genetic diversity and structure of a pioneer tropical tree species?



Milene Silvestrini ^{a,*}, David E. McCauley ^b, Maria Imaculada Zucchi ^c, Flavio Antonio Maës dos Santos ^a

Clareiras ≠ tamanhos
Silvestrini & Santos (2015)

Área de estudo: PP-EEC, Gália, SP
Marcador: SSR – 7 loci e 6 cpSSR loci



Juveniles
(5 - 37 cm alt.,
0.05 - 0.40 DSH)

Dispersão autocórica

Autocompatível – Dicogamia (Passos 1995)

Polinização: vento e moscas

Adults
(4.78 - 20.0 cm DBH)

Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

Forest Ecology and Management (2015) 344: 38–52

Luz e microclima

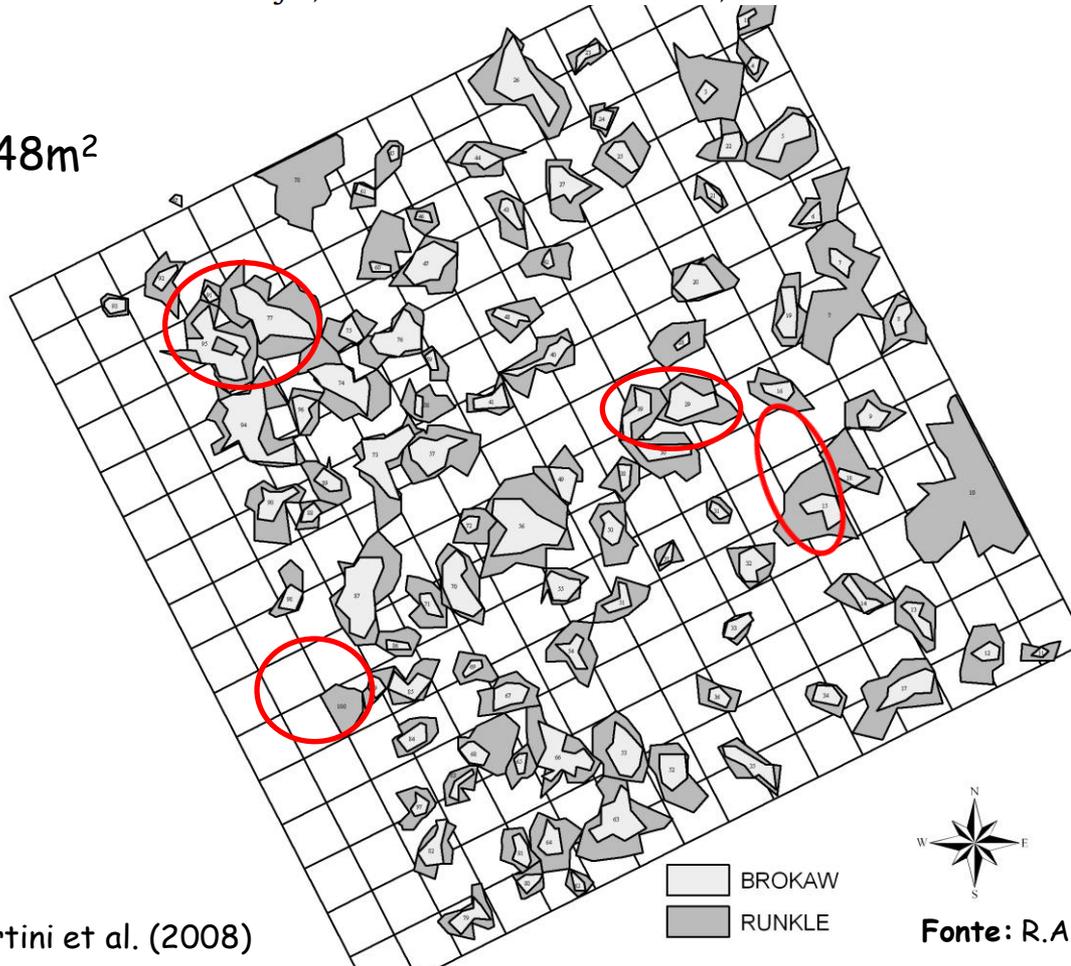
How do gap dynamics and colonization of a human disturbed area affect genetic diversity and structure of a pioneer tropical tree species?



Milene Silvestrini ^{a,*}, David E. McCauley ^b, Maria Imaculada Zucchi ^c, Flavio Antonio Maës dos Santos ^a

Clareiras

Runkle: 234 - 948m²



Adults
(4.78 - 20.0 cm DBH)



Fonte: R.A.F. Lima & L. Fonseca (unpubl.)



Juveniles
(5 - 37 cm alt.,
0.05 - 0.40 DSH)

Lima et al. (2008), Martini et al. (2008)

Atributos da paisagem

Heterogeneidade ambiental

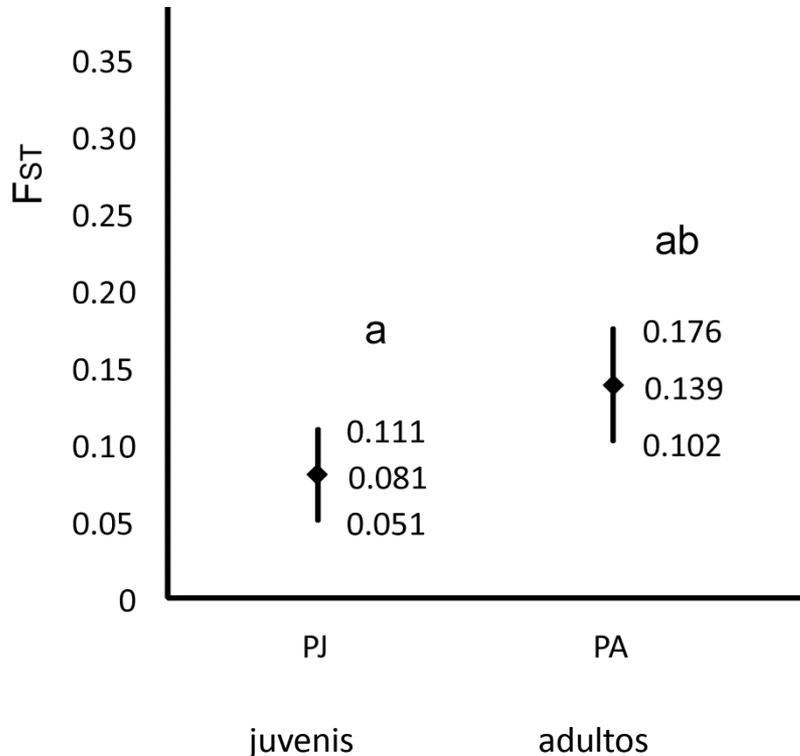
Forest Ecology and Management (2015) 344: 38–52

Luz e microclima

How do gap dynamics and colonization of a human disturbed area affect genetic diversity and structure of a pioneer tropical tree species?

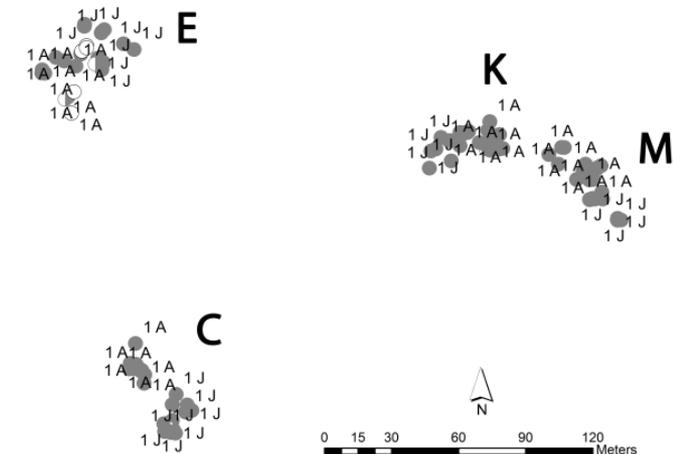


Milene Silvestrini^{a,*}, David E. McCauley^b, Maria Imaculada Zucchi^c, Flavio Antonio Maës dos Santos^a



Aplicação do modelo de Whitlock & McCauley (1990)

	Primary forest	Early successional forest
k values	69	9
ϕ	0.49	1.00



SSR: alta diversidade genética

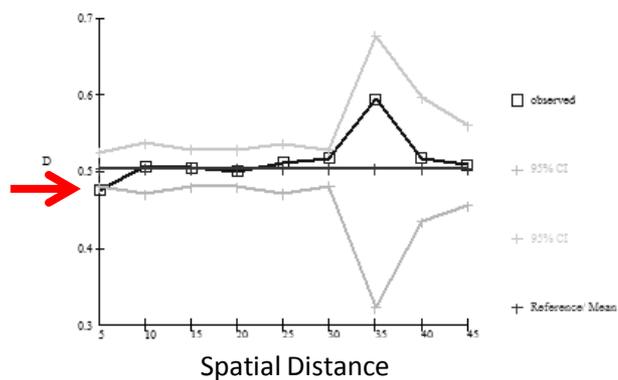
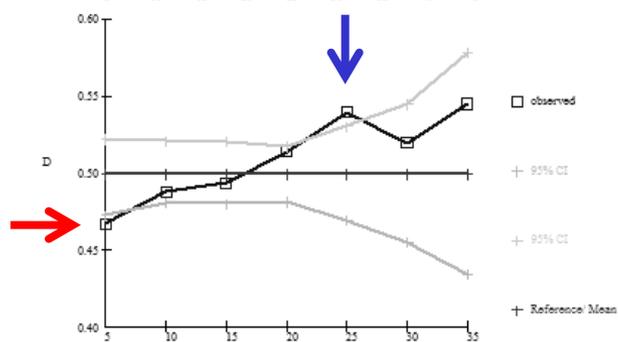
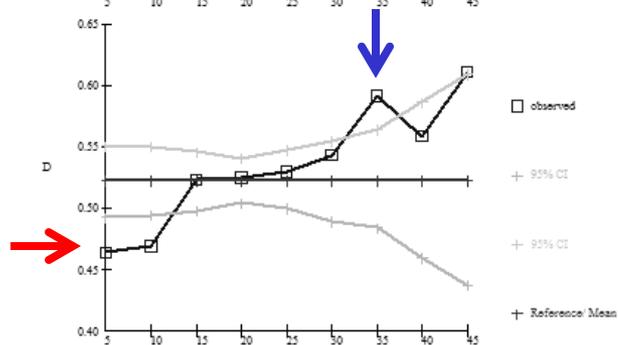
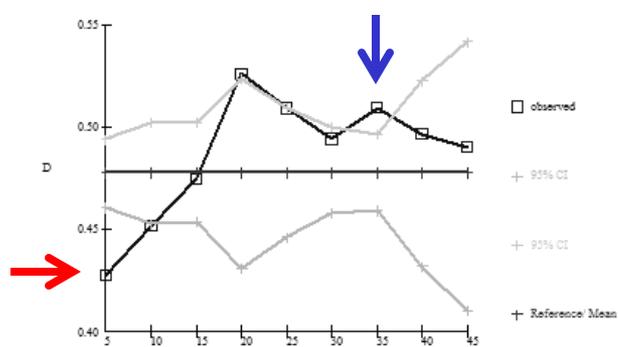
Polinização: vento e moscas



cpSSR: 1 haplótipo

Dispersão autocórica

Autocorrelação espacial



Parte 2

Fatores ecológicos que afetam a estrutura genética

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

Uso agropecuário

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

Forest Ecology and Management (2015) 344: 38–52

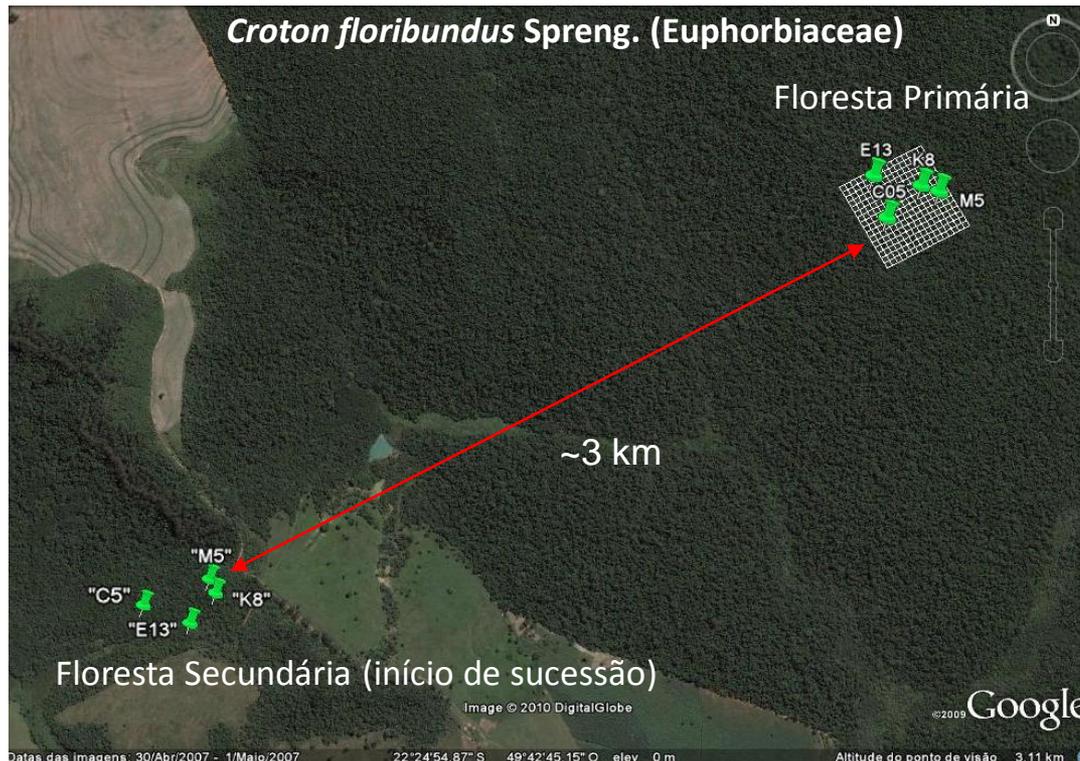
Uso agropecuário

How do gap dynamics and colonization of a human disturbed area affect genetic diversity and structure of a pioneer tropical tree species?



Milene Silvestrini ^{a,*}, David E. McCauley ^b, Maria Imaculada Zucchi ^c, Flavio Antonio Maës dos Santos ^a

Área de estudo: PP-EEC, Gália, SP
Marcador: SSR – 7 loci e 6 cpSSR loci



Juveniles
(5 - 37 cm alt.,
0.05 - 0.40 DSH)

Dispersão autocórica

Autocompatível – Dicogamia (Passos 1995)

Polinização: vento e moscas

Adults
(4.78 - 20.0 cm DBH)

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

Forest Ecology and Management (2015) 344: 38–52

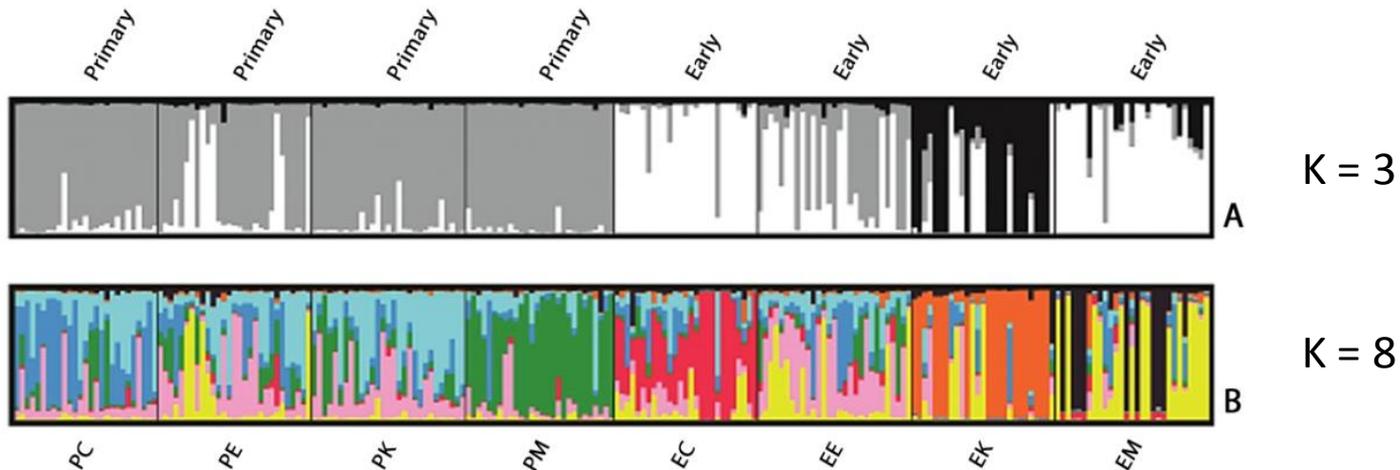
Uso agropecuário

How do gap dynamics and colonization of a human disturbed area affect genetic diversity and structure of a pioneer tropical tree species?



Milene Silvestrini ^{a,*}, David E. McCauley ^b, Maria Imaculada Zucchi ^c, Flavio Antonio Maës dos Santos ^a

$$H_{\text{Primary}} = 0,791 \times H_{\text{Early}} = 0.762 \text{ (média – adultos)}$$



SSR

$F_{CT} = 0,045^*$

cpSSR

$F_{CT} = 0,519^*$

Origem das florestas ≠

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

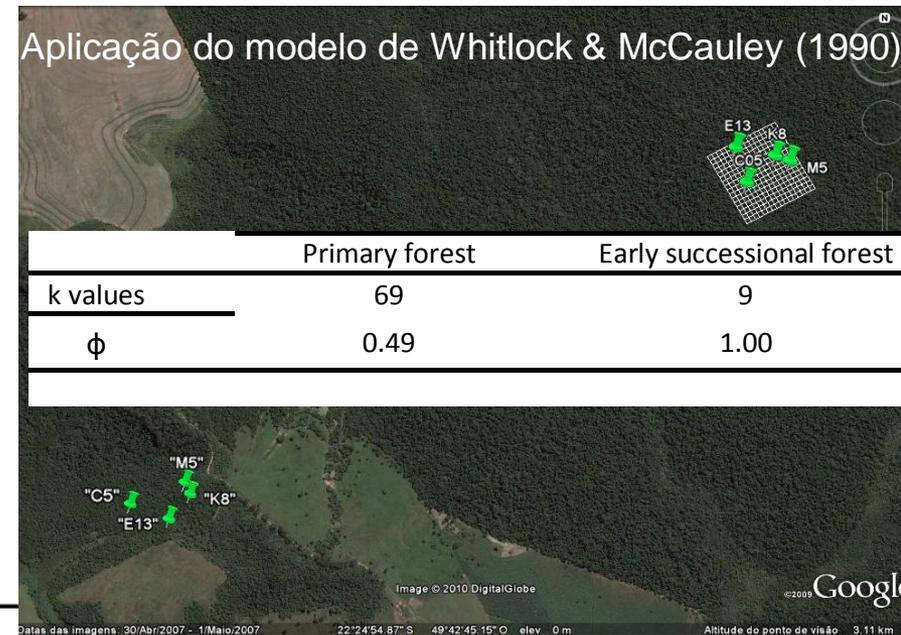
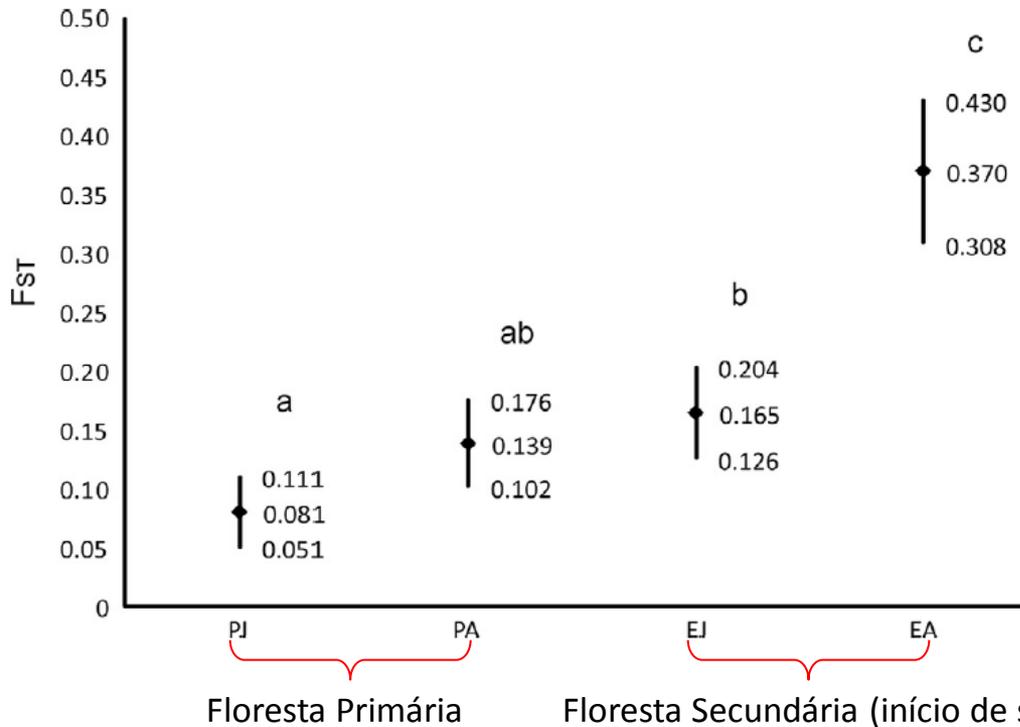
Forest Ecology and Management (2015) 344: 38–52

Uso agropecuário

How do gap dynamics and colonization of a human disturbed area affect genetic diversity and structure of a pioneer tropical tree species?



Milene Silvestrini ^{a,*}, David E. McCauley ^b, Maria Imaculada Zucchi ^c, Flavio Antonio Maës dos Santos ^a



"Human disturbance boost the influence of founder effects in populations of a species with limited seed dispersal"

Parte 2

Fatores ecológicos que afetam a estrutura genética

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

Fragmentação

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

Fragmentação

Molecular Ecology (2011) 20: 4421–4432

Fragmentation can increase spatial genetic structure without decreasing pollen-mediated gene flow in a wind-pollinated tree

RONG WANG,*† STEPHEN G. COMPTON† and XIAO-YONG CHEN*

Castanopsis sclerophylla (Lindley & Paxton) Schottky (Fagaceae)

Monóica - S=0% Alógama

Área de estudo: sudeste da China

Marcador: SSR – 8 loci

Polinização: vento

Dispersão: gravidade + secundária roedores

3 subpop. pré (> 50 anos)

3 subpop. pós-fragmentação (< 50 anos)

- Qiandao Lake - barragem em 1959
- 1078 ilhas
- Floresta subtropical contínua (sem perturbação)

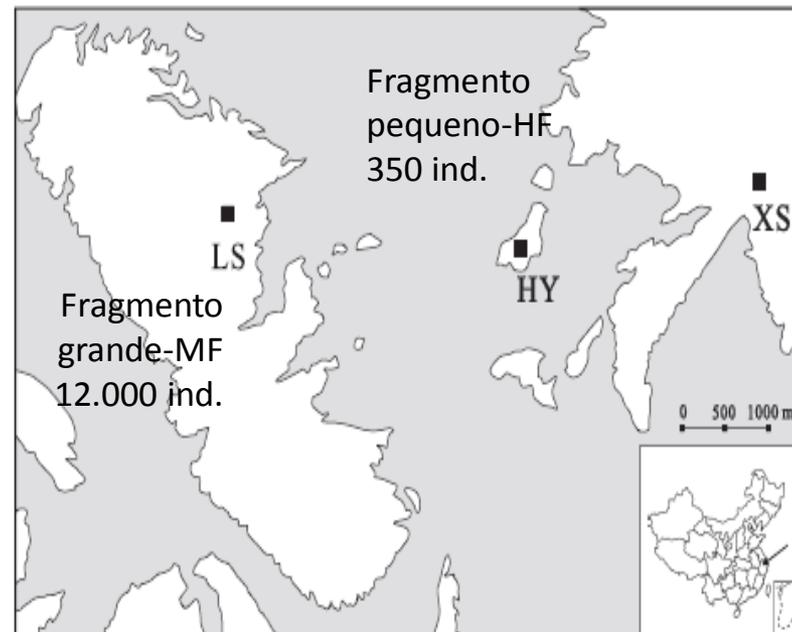


Fig. 1 Positions of the sample plots on Laoshan Island (LS), Heyang Island (HY) and Xianshan Peninsula (XS) in the southeast of Qiandao Lake.

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

Fragmentação

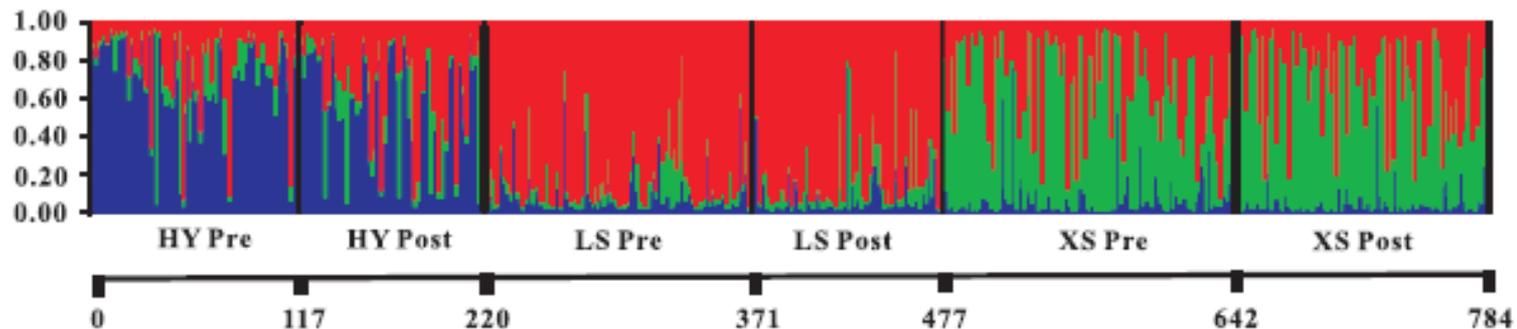
Table 1 Genetic diversity over eight microsatellite loci and selfing rates in pre- and postfragmentation subpopulations of *Castanopsis sclerophylla* from seriously and moderately fragmented and control habitats

Habitat and coordinates of sampling plots	Subpopulation	Sample size	A	A_R	EA	H_O	H_E	F_{IS}	s_g
Seriously fragmented (N29° 32.80', E119° 05.95')	HY-pre	117	7.25	7.18	0.50	0.54	0.63	0.146*	0.129 (0.010)
	HY-post	103	7.63	7.60	0.88	0.56	0.62	0.097*	0.026 (0.295)
Moderately fragmented (N29° 32.93', E119° 04.90')	LS-pre	151	7.25	7.00	0.63	0.55	0.60	0.087*	0.034 (0.216)
	LS-post	106	7.75	7.70	1.13	0.54	0.62	0.132*	0 (0.818)
Control (N29° 33.01', E119° 07.31')	XS-pre	165	8.00	7.78	0.50	0.52	0.63	0.177*	0 (0.638)
	XS-post	142	8.00	7.77	0.50	0.53	0.63	0.156*	0 (0.768)

Diversidade genética = entre fragmentos e pop. pré e pós

Alto fluxo de pólen!!!

F_{ST} pré = 0,124
 F_{ST} pós = 0,109



Parte 2

Fatores ecológicos que afetam a estrutura genética

Atributos da paisagem

Perturbação antrópica

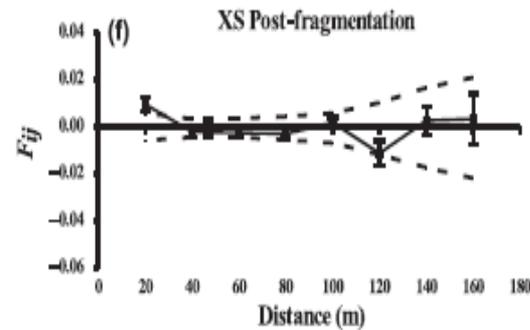
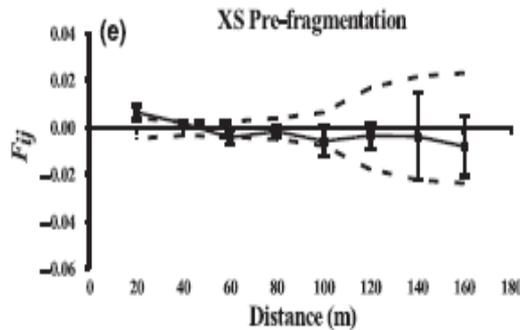
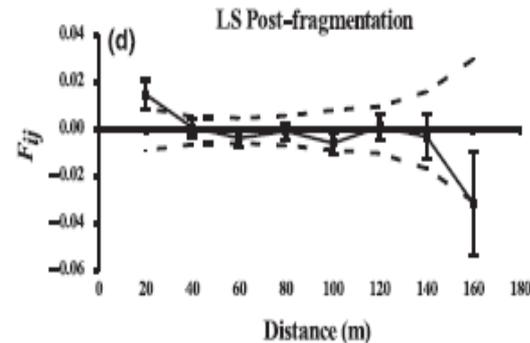
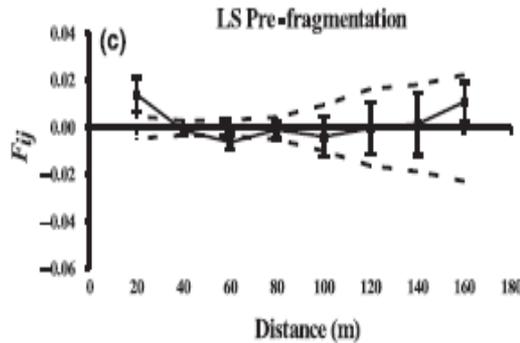
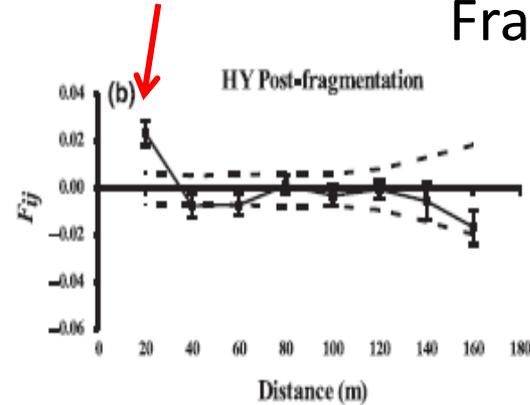
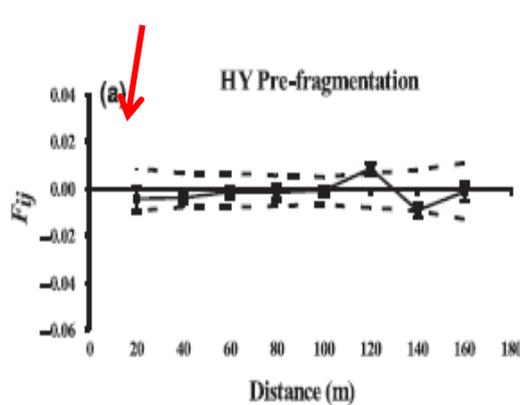
Fragmentação



SGS - HF



dispersão de sementes - pós



Atributos da paisagem

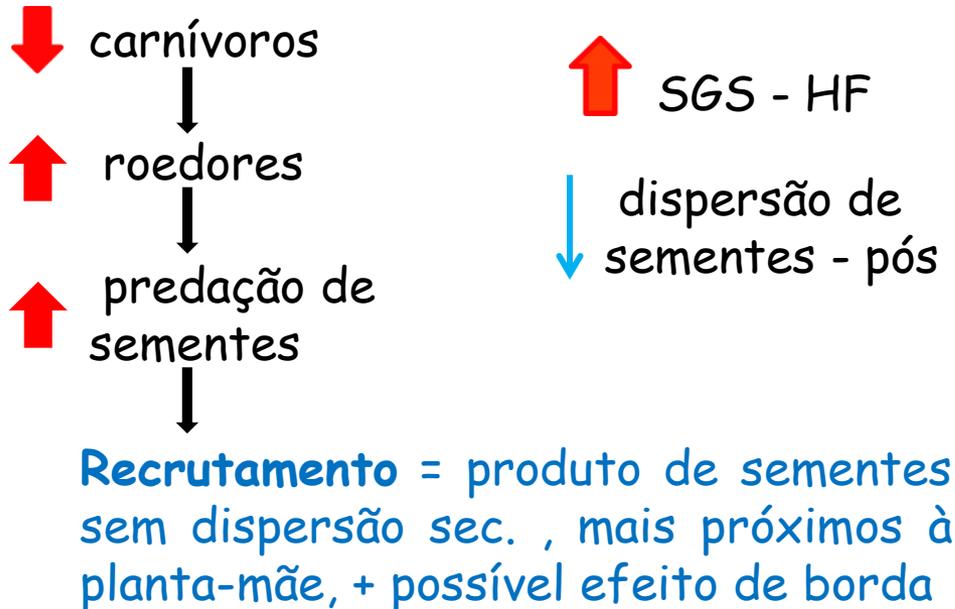
Perturbação antrópica

Fragmentação

Molecular Ecology (2011) 20: 4421–4432

Fragmentation can increase spatial genetic structure without decreasing pollen-mediated gene flow in a wind-pollinated tree

RONG WANG,*† STEPHEN G. COMPTON† and XIAO-YONG CHEN*



- Carvalho, A. & Krug, C.A. 1949. Agentes de polinização da flor do cafeeiro (*Coffea arabica* L.). **Bragantia** 9: 11-24.
- Eguiarte, L.E., Burquez, A., Rodriguez, J., MartinezRamos, M., Sarukhan, J. & Pinero, D. 1993. Direct and indirect estimates of neighborhood and effective population size in a tropical palm *Astrocaryum mexicanum*. **Evolution** 47: 75-87.
- Lima, R.A.F., Martini, A.M.Z., Gandolfi, S., Rodrigues, R.R. 2008. Repeated disturbances and canopy disturbance regime in a tropical semi-deciduous forest. **J. Trop. Ecol.** 24, 85-93.
- Martini, A.M.Z., Lima, R.A.F., Franco, G.A.D.C., Rodrigues, R.R. 2008. The need for full inventories of tree modes of disturbance to improve forest dynamics comprehension: an example from a semideciduous forest in Brazil. **For. Ecol. Manage.** 255, 1479-1488.
- Passos, L.C., 1995. **Fenologia, polinização e reprodução de duas espécies de Croton (Euphorbiaceae) em Mata Semidecídua.** MSc Thesis, University of Campinas, Brazil.
- Silvestrini, M. & Santos, F.A.M., 2015. Variation in the population structure between a natural and a human-modified forest for a pioneer tropical tree species not restricted to large gaps. **Ecol. Evol.** 5 (12): 2420-2432.

Exercício

Defina um sistema contendo populações de uma determinada espécie vegetal inserida em uma dada paisagem (preferivelmente sua espécie/área de estudo, se tiver).

Considerando os fatores ecológicos e evolutivos que podem afetar a estrutura genética de populações de plantas, descreva brevemente tal sistema e comente quais expectativas você teria em relação aos níveis de diversidade e estrutura genética das populações na situação descrita.

BT 791 - Tópicos em Ecologia Vegetal

IB - UNICAMP

Professor responsável: Flavio Antonio Maës dos Santos

Obrigada!

Bom fim de semana e feriado!

