



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
NÚCLEO DE PÓS-GRADUAÇÃO E ESTUDOS EM RECURSOS NATURAIS



**PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS COMO
INDICADORES DE SUSTENTABILIDADE EM
POPULAÇÕES NATURAIS DE PIMENTA ROSA - *Schinus
terebinthifolius* RADDI. (Anacardiaceae), NO BAIXO SÃO
FRANCISCO-SE/AL**

SHEILA VALÉRIA ÁLVARES CARVALHO

2009

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
NÚCLEO DE PÓS-GRADUAÇÃO E ESTUDOS EM RECURSOS NATURAIS**

SHEILA VALÉRIA ÁLVARES CARVALHO

**PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS COMO INDICADORES DE
SUSTENTABILIDADE EM POPULAÇÕES NATURAIS DE PIMENTA ROSA -
Schinus terebinthifolius RADDI. (Anacardiaceae), NO BAIXO SÃO FRANCISCO-
SE/AL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agroecossistemas, área de concentração Sustentabilidade em Agroecossistemas, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientadora

Profa. Dra. Renata Silva-Mann

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE - BRASIL

2009

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE

C331p Carvalho, Sheila Valéria Álvares
Parâmetros genéticos populacionais como indicadores de sustentabilidade em populações naturais de pimenta rosa – *Schinus terebinthifolius* RADDI. (Anacardiaceae), no Baixo São Francisco – SE/AL / Sheila Valéria Álvares Carvalho. – São Cristóvão, 2009.
47 f. : il.

Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Universidade Federal de Sergipe, 2009.

Orientador: Prof^a. Dr^a. Renata Silva-Mann

1. Agroecossistemas. 2. Biodiversidade. 3. *Schinus terebinthifolius* Raddi. 4. Avaliação genética – parâmetros. 5. Rio São Francisco. 6. Sergipe. 7. Alagoas. I. Título.

CDU 574.1(813.7:813.5)

SHEILA VALÉRIA ÁLVARES CARVALHO

PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS COMO INDICADORES DE SUSTENTABILIDADE EM POPULAÇÕES NATURAIS DE PIMENTA ROSA - *Schinus terebinthifolius* RADDI. (Anacardiaceae), NO BAIXO SÃO FRANCISCO-SE/AL

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agroecossistemas, área de concentração em Sustentabilidade em Agroecossistemas, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 25 de junho de 2009.

Profa. Dra. Laura Jane Gomes

DCF-UFS

Pesquisadora Dra Ana Veruska Cruz da Silva

EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS

Profa. Dra. Renata Silva-Mann

DEA-UFS

(Orientadora)

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE - BRASIL

Apesar da alegria que estou sentido hoje, a saudade é mais forte. A lembrança de sua voz amiga, de seu sorriso e de seu abraço, me faz lembrar daquele tempo bom e realimenta esse amor que jamais se apagará do meu coração.

À minha Mãe,
Dedico

A pessoa que deixou o “nada” para trás e foi em busca de um futuro. Que enfrentou as adversidades da vida e provou que nada é impossível quando existe a necessidade de fazer.

Ao meu pai,
Ofereço

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por todas as oportunidades colocadas na minha vida. Pela força e determinação nos momentos de fraqueza e por sua presença, que sempre ilumina a minha vida.

Aos meus Pais, Manoel Matos Carvalho e Alcione Álvares Carvalho que souberam abrir mão dos próprios sonhos, para viver os sonhos de cada um dos seus filhos. Indicaram sempre o melhor caminho a ser seguido, apesar das dificuldades enfrentadas e hoje, o que guardo no peito, é uma das lições mais belas de liderança que aprendi na vida.

Aos meus irmãos, Almerly, Altair, Aldacir, Anilton, Adailton, Adenilton, Glorinha e Simone que mesmo seguindo suas vidas e construindo suas famílias, jamais esqueceram de apoiar aqueles que ainda não haviam descoberto o seu caminho. Continuam a me direcionar, mesmo na ausência daquela que durante muito tempo foi o elo de nossa união familiar, a nossa Amada Mãe.

Aos cunhados e cunhadas por terem me apoiado durante esta e outras etapas de minha vida.

Aos meus queridos sobrinhos “grandões” Saulo, Júnior, Silas, Thiago, Danilo, Thayse que sempre me ajudaram, estando sempre presentes quando necessário e aos “pequeninos” Vinícius, Alícia, Thavyne, Ígor, Maria Eduarda, Dannyel e Gabriel que apesar de em alguns momentos me deixarem estressada pelas bagunças, proporcionam momentos de incalculável alegria.

À Profa. Dra. Renata Silva Mann, pela confiança, incentivo, orientação e por todas as oportunidades que a mim concedeu, propiciando sempre o meu aperfeiçoamento profissional e acadêmico.

Aos professores Laura Jane Gomes e Robério Anastácio Ferreira pelas valiosas sugestões, auxílio e confiança durante o acompanhamento deste trabalho.

À pesquisadora Ana Veruska Cruz da Silva pelo carinho e sugestões na melhoria do meu trabalho.

Às pessoas que sem dúvida tenho um carinho muito especial. Minhas Amigas Marília e Itamara, por tudo que compartilhamos e vivenciamos juntas, por nossas afinidades e diferenças, pela amizade, compreensão e apoio sempre. Muito obrigada por estarem sempre comigo.

À toda equipe do Laboratório de Cultura de Tecido, em especial ao pessoal da rotina, por compreenderem minhas necessidades, sendo generosos e amigos. Danilla, Thalyta, Glauber, Marcus, Rafaela, Rosângela. Saibam que contribuíram de forma importante para a concretização deste trabalho.

À equipe de campo Paula, Thaiza, Luís e Raquel, pelos momentos cansativos nas nossas coletas.

À Universidade Federal de Sergipe e ao Núcleo de Pós-Graduação e Estudos em Recursos Naturais – NEREN, pelo apoio.

À CAPES, pela concessão da bolsa.

Ao Sr. Djenal e D. Nair, por estarem sempre dispostos a nos receber e acompanhar o trabalho com todo o carinho.

Ao Sr. Edson (Petrobrás), por propiciar algumas idas a campo. Sem elas, talvez não conseguisse concluir as minhas coletas.

Agradeço a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito Obrigada!!!!

SUMÁRIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT	ii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	3
2.1. Conservação da biodiversidade.....	3
2.2. Extrativismo como fator promotor da fragmentação florestal	6
2.3. Estrutura genética de populações	7
2.4. Enfoque genético na fragmentação florestal.....	9
2.5. Parâmetros genéticos como ferramentas para a caracterização da diversidade	10
2.6. A espécie <i>Schinus terebinthifolius</i> Raddi	14
2.7. Indicadores de sustentabilidade para monitoramento da conservação da diversidade genética	15
3. METODOLOGIA.....	17
3.1. Caracterização da área de estudo	17
3.2. Seleção de indicadores.....	18
3.3. Extração do DNA e reações de RAPD	19
3.4. Análise dos dados.....	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
4.1. Seleção de indicadores.....	24
4.2. Parâmetros dendrométricos	25
4.3. Parâmetros Genéticos.....	27
5. CONCLUSÃO.....	40
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

RESUMO

CARVALHO, Sheila Valéria Álvares. **PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS COMO INDICADORES DE SUSTENTABILIDADE EM POPULAÇÕES NATURAIS DE PIMENTA ROSA - *Schinus terebinthifolius* RADDI. (Anacardiaceae) NO BAIXO CURSO DO RIO SÃO FRANCISCO-SE/AL.** 2009. 47p. (Dissertação - Mestrado em Agroecossistemas). Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE*.

A conservação de espécies florestais requer o conhecimento prévio de parâmetros genéticos pertencentes às populações, para se traçar estratégias para este fim. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar parâmetros genéticos e sugerir indicadores de sustentabilidade em populações de *Schinus terebinthifolius* Raddi, visando à conservação e manutenção da diversidade nesta espécie. Em análise da área de estudo, foram selecionados 20 descritores, e destes sugeridos 20 indicadores de sustentabilidade da área. As amostragens foram realizadas em cinco populações localizadas nas margens e ilhas do Rio São Francisco, sendo coletado material de 15 indivíduos para cada uma das populações. Na extração do DNA, empregou-se folhas tenras dos indivíduos e o método CTAB 2%. Foram usados 20 oligonucleotídeos de 10 bases de sequência arbitrária nas amplificações, cujos produtos foram separados em gel de agarose 1% submetidos à eletroforese horizontal, corados com brometo de etídio e visualizados em luz ultravioleta. A presença e a ausência de bandas foi usada para a construção de uma matriz de binária para a análise dos parâmetros genéticos. Em cada população a porcentagem de locos polimórficos variou de 32,92 a 45,34%. A diversidade média gênica de Nei foi de 0,37. Da variação genética total observada, 63,60% correspondeu à variação entre as populações; e, 36,40% dentro das populações. O fluxo gênico (Nm) estimado foi de 0,28. Desta forma conclui-se que as populações encontram-se isoladas geneticamente e os parâmetros genéticos analisados podem ser utilizados como indicadores de sustentabilidade da área.

Palavras-chave: Alelos, Deriva genética, Extrativismo, Similaridade genética e RAPD.

Comitê Orientador: Profa. Dra. Renata Silva-Mann - UFS (Orientadora), Profa. Dra. Laura Jane Gomes - UFS e Dra. Ana Veruska Cruz da Silva – EMBRAPA - CPATC.

ABSTRACT

CARVALHO, Sheila Valéria Álvares. **POPULATIONAL GENETIC PARAMETERS AS SUSTAINABILITY INDICATORS IN NATURAL POPULATIONS OF RED PEPPER – *Schinus terebinthifolius* RADDI (Anacardiaceae), IN LOW SÃO FRANCISCO RIVER-SE/AL.** 2009. 47p. (Dissertation – Master Science in Agroecosystems). Federal University of Sergipe, São Cristóvão, SE*.

The conservation of forest species requires the prior knowledge of genetic parameters belonging to the population, to help to design strategies for this purpose. This study aimed to evaluate genetic parameters and suggest indicators of sustainability in populations of *Schinus terebinthifolius* Raddi, aiming the conservation and maintenance of diversity in this species. In analysis of the study area, were selected 20 descriptors, and these suggested 20 indicators of sustainability for the area. Tender vegetal leaves were sampled in five populations located on the shores and islands of São Francisco River, and the material collected from 15 individuals for each population. In the DNA extraction it was used tender leaves of individuals and 2% CTAB method. We applied 20 primers of 10 bases of arbitrary sequence in amplification, the products were separated in agarose gel at 1% submitted to horizontal electrophoresis, stained with ethidium bromide and visualized in ultraviolet light. The presence and absence of bands were used to construct a binary matrix for the analysis of genetic parameters. In each population the percentage of polymorphic *loci* ranged from 32.92% to 45.34%. The average gene diversity of Nei was 0.37. The total genetic variation observed, 63.60% corresponded to variation among populations, and 36.40% within populations. The gene flow (*Nm*) estimated was 0.28. Thus the conclusion is the populations are genetically isolated, and analyzed the genetic parameters can be used as indicators of sustainability of the area.

Keywords: Alleles, genetic drift, Extraction, genetic similarity and RAPD

Guidance Committee: Dr. Renata Silva-Mann – DEA/UFS (Major professor), Dr. Laura Jane Gomes – DCF/UFS and Dr. Ana Veruska Cruz da Silva – EMBRAPA/TABULEIROS COSTEIROS.

1 – INTRODUÇÃO

Sergipe é um dos Estados do Nordeste que se apresenta bastante devastado com relação a sua área natural, onde cerca de 90% desta é utilizada como pastagens e atividade intensiva de agricultura, restando apenas algumas manchas da floresta costeira, mata de restinga, vegetação ciliar, cerrados arbustivos e caatinga (MOPEC, 2008).

Em Sergipe, as áreas remanescentes são pequenas e extremamente fragmentadas devido ao grande impacto antrópico. A Mata Atlântica sergipana, ocorre desde os municípios localizados no município de Canindé do São Francisco até Mangue Seco, na divisa com a Bahia. Originalmente, a Mata Atlântica ocupava toda faixa litorânea sergipana, restando atualmente poucos corredores ao longo da extensão litorânea do Estado (MOPEC, 2008).

Um trecho que tem sofrido intensa pressão antrópica é o do baixo curso do Rio São Francisco, localizado entre os municípios de Neópolis e Santana do São Francisco. A estrada que liga estes dois municípios foi construída a aproximadamente 5 m da margem do rio, e, segundo a classificação do Código Florestal (Lei no 4.777/65) está dentro de área de preservação permanente (APP). Esse acesso entre os dois municípios propiciou uma maior facilidade para exploração dos recursos naturais e abertura de áreas para pastagens, agricultura e extração de argila, sendo que a população ribeirinha localizada no povoado Saúde, pertencente ao município de Santana do São Francisco, vive num ambiente bastante devastado e vem enfrentando grandes problemas para a sua sobrevivência.

A economia do município de Santana está baseada na pesca, na comercialização de artesanato e mais recentemente na extração dos frutos de pimenta rosa (*Schinus terebintifolius* Raddi.), espécie de ocorrência natural na região. As populações de *S. terebintifolius* existentes no referido trecho têm sido exploradas a mais de cinco anos pela população local, onde seus frutos são repassados para compradores do Estado do Espírito Santo, que por sua vez exportam para produção de condimentos alimentares. A atividade de extrativismo dos frutos requer cuidados para a manutenção da espécie ao longo do tempo. No entanto, essa atividade na região é feita sem nenhuma atividade de manejo, comprometendo a manutenção da espécie e de sua composição genética em termos de variabilidade. Como consequência dessas atividades, prevê-se que possa

ocorrer região deriva genética para a espécie promovida por alterações em sua estrutura genética.

A pressão do extrativismo sobre os frutos tem sido preocupante, pois esta promove a falta de sementes no solo, o que impede a sua distribuição e propagação, com a germinação diferencial distribuída no tempo. Soma-se ao fato anteriormente citado, a provável ocorrência de bancos de sementes, que podem surgir, porém com baixa diversidade, em ambiente que sofre constantes alterações devido à fragmentação da área, bem como, mudanças microclimáticas. Como resultado tem-se a diminuição da possibilidade, no longo prazo, de adaptação de novas combinações de alelos, a ocorrência de indivíduos menos vigorosos (PRIMACK e EFRAIM, 2001), por uma possível endogamia.

É evidente que diante do quadro descrito, os diferentes mecanismos e fluxo gênico, tanto de pólen como de sementes, têm implicações diretas sobre a estrutura genética das populações e com os possíveis problemas que possam surgir com isolamento ou endogamia, comprometendo a sustentabilidade ao longo do tempo destas populações (MARTINS, 1987).

A necessidade de conhecer os mecanismos que influenciam na manutenção da diversidade de uma espécie em um ambiente, devido à exploração intensiva, poderá auxiliar na elaboração de indicadores genéticos de sustentabilidade, que podem ser empregados como ferramentas para simplificar, quantificar e analisar dados técnicos transformando-os em informações, permitindo aos tomadores de decisões o acesso a dados técnicos e relevantes para medir o progresso quanto à sustentabilidade.

Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar parâmetros genéticos e sugerir indicadores de sustentabilidade em populações de *S. therebintifolius* Raddi. visando à conservação e manutenção da diversidade nesta espécie.

2 – REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Conservação da Biodiversidade

A biodiversidade constitui uma propriedade dos ecossistemas vivos, sendo uma característica básica para o funcionamento da natureza. A diversidade dos seres vivos é o resultado do longo processo de evolução e constitui uma das mais importantes condições para a estabilidade da biosfera. O empobrecimento de qualquer ecossistema por diminuição do número de espécies e indivíduos de uma espécie compromete seriamente sua estabilidade.

Grande parte da diversidade genética vem sendo destruída de modo irreversível, antes mesmo do seu inteiro conhecimento, exigindo medidas urgentes de sua conservação. A exploração dessa diversidade tem levado a uma depredação dos ecossistemas, com alterações profundas e consequências desastrosas ao meio ambiente (KAGEYAMA, 1987). A redução no tamanho populacional, em função da fragmentação ou práticas predatórias de exploração, pode reduzir a variabilidade genética por meio da deriva amostral causada pelo estreitamento da base genética e, conseqüente, endogamia. A endogamia pode levar a fixação de alelos recessivos deletérios, colocando em risco de extinção determinadas populações e espécies (GUSSON, 2003). Assim, a diversidade genética promove a matéria prima para a adaptação, evolução e a sobrevivência das espécies e de indivíduos, sendo fundamental para a sustentabilidade e estabilidade do ecossistema (BARREIRA, 2005).

Portanto, para o estabelecimento de reservas genéticas, devem ser levadas em consideração, tanto as necessidades da existência de variabilidade genética para assegurar evolução contínua, como a ocorrência de certos processos ecológicos básicos, que permitam a reprodução contínua e a sobrevivência das espécies. As restrições de natureza genética e ecológica afetam diretamente a evolução de estratégias adaptativas e novas adaptações, em ambientes que vêm mudando aceleradamente, devido aos impactos causados pelo homem (MARTINS, 1987).

Diante das possíveis perdas da diversidade existente nos diferentes ecossistemas, ações de conservação que garantam a sobrevivência das espécies são necessárias. Para se saber quais as áreas mais importantes para preservar a biodiversidade na Terra, observando que esta não se distribui por igual no planeta, Myers procurou identificar as regiões que concentravam os mais altos níveis de biodiversidade e onde as ações de

conservação seriam mais urgentes. Essas regiões prioritárias para preservar a biodiversidade na Terra são conhecidas, desde 1988, como *Hotspots*.

Nesta ocasião foram identificados dez *Hotspots* mundiais, já em 1999 este número aumentou para 25. Estas áreas cobriam apenas 1,4% da superfície terrestre e abrigavam mais de 60% de toda a diversidade animal e vegetal do planeta. Em 2005 houve uma atualização desta análise de *Hotspots* e identificou-se 34 regiões, somando-se todas estas áreas computou-se 2,3% da superfície terrestre, onde se encontram 50% das plantas e 42% dos vertebrados conhecidos. No Brasil pode-se encontrar dois *hotspots*, o Cerrado e a Mata Atlântica, sendo que esta última apresenta de 7 a 8% do seu território original (CI/BRASIL, 2007). É considerado *hotspot* o bioma que tem pelo menos 1.500 espécies de plantas endêmicas, e já perderam 75% ou mais de sua vegetação original.

Apesar da devastação da Mata Atlântica no Estado de Sergipe, por conta da forte ação antrópica, o pouco que resta preservado proporciona uma enorme diversidade biológica e garante a reprodução de muitas espécies, sendo que várias delas ainda são endêmicas e ainda consegue ser o primeiro e maior bloco de florestas do Estado de Sergipe (MOPEC, 2008).

A forma mais correta de conservar estes recursos genéticos é a preservação *in situ*, ou seja, no meio em que se encontra em estado de equilíbrio no seu ecossistema, e que continue sua evolução. Na conservação de recursos genéticos *in situ* é essencial obter dados sobre a estrutura e comportamento reprodutivo das populações, pois os padrões de distribuição da variabilidade genética estão correlacionados com os sistemas reprodutivos. Os programas de conservação de recursos genéticos *in situ* devem levar em consideração as características genéticas e demográficas das espécies (MARTINS, 1987).

Grande parte da manutenção dos biomas é feita empregando a conservação *in situ*. Nessas condições, há dois grupos de unidades de conservação da biodiversidade adotados no Brasil. No primeiro, estão as unidades de conservação de uso indireto, destinadas à conservação da biodiversidade, à pesquisa científica, à educação ambiental e à recreação. Nessas unidades é totalmente vedada a exploração dos recursos naturais, admitindo-se apenas o aproveitamento indireto dos seus benefícios. Nesse grupo encontram-se: Estação Ecológica, Reserva Biológica, Parque Nacional, Refúgio da Vida Silvestre, Monumento Natural. No segundo, encontram-se as unidades de conservação de uso direto direcionadas à conservação da biodiversidade, onde se permite utilizar

esses recursos naturais de forma sustentável, estabelecendo modelos de desenvolvimento. São desta categoria: Área de Proteção Ambiental, Área de Relevante Interesse Ecológico, Floresta Nacional, Reserva Extrativista, Reserva de Fauna, Reserva de Desenvolvimento Sustentável, Reserva Particular do Patrimônio Natural (SNUC, 2000).

Outra forma de conservação da biodiversidade são as Áreas de Preservação Permanente (APP) presente no Código Florestal brasileiro (Lei 4.771 de 15/09/1965), sendo áreas “...cobertas ou não por vegetação nativa, com a função ambiental de preservar os recursos hídricos, a paisagem, a estabilidade geológica, a biodiversidade, o fluxo gênico de fauna e flora, proteger o solo e assegurar o bem-estar das populações humanas”. Este surge da importância da manutenção da vegetação de determinadas áreas, as quais ocupam porções particulares de uma propriedade, não apenas para os legítimos proprietários dessas áreas, mas, em cadeia, também para os demais proprietários de outras áreas de uma mesma comunidade, de comunidades vizinhas, e, finalmente, para todos os membros da sociedade (SKORUPA, 2003).

Ainda segundo o Código Florestal brasileiro (Lei 4.771 de 15/09/1965), a Reserva Legal é mais uma forma de garantir a conservação da biodiversidade, sendo esta: área localizada no interior de uma propriedade ou posse rural, excetuada a de preservação permanente, necessária ao uso sustentável dos recursos naturais, à conservação e reabilitação dos processos ecológicos, à conservação da biodiversidade e ao abrigo e proteção de fauna e flora nativas. Ela varia de acordo com o bioma e o tamanho da propriedade e pode ser: 80% da propriedade rural localizada na Amazônia Legal; 35% da propriedade rural localizada no bioma cerrado, dentro dos Estados que compõem a Amazônia Legal; 20% nas propriedades rurais localizadas nas demais regiões do país.

Porém estes vêm sofrendo pressões prevendo alteração do Código Florestal Brasileiro, reduzindo a área de reserva na Amazônia Legal, de 80% para até 50% nos imóveis rurais. Essa área pode ser reduzida para até 30% do imóvel rural ou posse, no caso de uso para plantio de espécies florestais, nativas ou exóticas. O que eleva o nível de preocupação para a conservação da biodiversidade na área, devido os desmatamentos ilegais já de ocorrência na região

Assim, observa-se que tais métodos de conservação dos recursos da diversidade biológica não são capazes de evitar o crescente perigo de extinção de espécies e,

sobretudo, a perda da variabilidade genética (BARBOSA, 2001), sendo necessária uma interferência humana mais direta.

Diante dessa necessidade surgiram os bancos de germoplasma *ex situ*, onde, basicamente são constituídos de sementes armazenadas a baixas temperaturas e baixas umidades relativas, de modo que as sementes tenham sua atividade biológica minimizada, ou em coleções em campo.

Assim, ações antrópicas intensas levam a fragilidade das populações naturais, sendo o extrativismo exacerbado, sem critérios e sem monitoramento, um dos fatores que contribuem para a fragmentação florestal, sendo uma necessidade constante no planeta e principalmente no Brasil e mais especificamente em Sergipe, com ações que possam minimizar estes efeitos nocivos às populações naturais nos agroecossistemas.

2.2 Extrativismo como promotor da fragmentação florestal

A ocupação do Brasil deu-se ao longo dos mais de 500 anos de história recente por diferentes formas de exploração, o que levou à depleção e extinção de muitos recursos. Neste contexto, a população rural sempre fez uso de plantas medicinais, mas com a expansão de seu uso entre a população urbana, iniciou-se uma pressão extrativista nos locais, onde ainda se pode encontrar populações de espécies com valor de mercado (AZEVEDO E SILVA, 2006).

O extrativismo é entendido como forma primária de exploração econômica, na qual a coleta de produtos existentes na natureza apresenta baixa produtividade ou produtividade declinante, decorrente do custo de oportunidade do trabalho próximo do zero ou devido a sua extinção com o decorrer do tempo (HOMMA, 1993).

Para algumas espécies, como por exemplo, as do gênero *Dimorphandra*, existe um lugar garantido no mercado mundial de produtos cosméticos e farmacêuticos, mas sua exploração ainda é feita pela simples coleta das favas nas áreas de vegetação de cerrado. Essa atividade extrativista, porém, é uma alternativa sócio-econômica para algumas populações (GOMES et al., 2000), o mesmo tem sido verificado para a pimenta rosa em Sergipe.

Não longe dessa realidade, as populações tradicionais que habitam as margens do Rio São Francisco, têm como principais atividades a pesca, artesanato e agricultura de subsistência, exercendo atividades sazonais nos períodos críticos de produção. No povoado Saúde, localizado no município de Santana do São Francisco, no Estado de Sergipe, a população em meados de 2002, identificou como uma alternativa de renda

com a coleta dos frutos da pimenta rosa (*Schinus terebinthifolius* Raddi.) (GOMES, 2005).

Segundo Gomes (2000), em 1996 o Sindicato da Indústria de Produtos Farmacêuticos no Estado de São Paulo (Sindusfarm-SP) divulgou uma lista de 102 espécies vegetais que, deveriam ser objeto de maiores estudos científicos. Desse total, cerca de 30 são nativas do Brasil, algumas dessas espécies estão ameaçadas de extinção, uma vez que pouco se sabe sobre a ocorrência, nível de conservação, estrutura genética e formas adequadas de manejo.

Estudos efetuados na África vêm apontando a tendência de extinção de muitas espécies em função do excesso de coletas decorrentes da demanda urbana atual pela utilização de plantas com propriedades medicinais, reforçando a necessidade de se apurar os impactos, em longo prazo, da ação das populações que utilizam a flora local (AZEVEDO E SILVA, 2006).

O extrativismo intensivo dos frutos de pimenta rosa pode gerar perdas de material genético, já que os frutos originados são coletados e comercializados, o que impede a reprodução natural a partir destes frutos. Dessa forma, a caracterização dos níveis de variabilidade e o entendimento da dinâmica de movimentação de alelos nas populações naturais podem trazer subsídios para a maximização de estratégias de manejo do processo extrativista favorecendo a conservação da espécie (MELO JÚNIOR. et al., 2004).

2.3 Estrutura genética de populações

Do ponto de vista ecológico, a estrutura genética é caracterizada pela densidade populacional, natureza das relações entre os indivíduos e o ambiente e as interações entre indivíduos e populações locais. Sob o ponto de vista genético evolutivo, a estrutura genética é caracterizada pela variabilidade morfológica e quantitativa existentes entre indivíduos, sistema reprodutivo, padrões de fluxo gênico e estratégias adaptativas aos ambientes locais (MARTINS, 1987), bem como variabilidade em nível molecular.

Em espécies de plantas, devido à sua mobilidade limitada, a estrutura genética pode ainda estar associada à distribuição espacial e temporal dos genótipos. A estrutura espacial refere-se à distribuição espacial dos genótipos, sendo uma característica própria da espécie e determinada, principalmente, pelo seu sistema de reprodução e pelos padrões de dispersão de sementes, pólen e propágulos. Devido aos sistemas de

reprodução e dispersão, uma espécie pode desenvolver estrutura espacial agrupada, dando origem a sub-populações com maior grau de parentesco dentro dos grupos do que entre os grupos (PÓVOA, 2002).

A extensão geográfica é considerada o principal fator relacionado à quantidade de variação genética dentro de espécies. Em nível populacional, a extensão geográfica e os sistemas de cruzamento contribuem com maior parte da variação genética encontrada dentro de populações.

Assim, a estrutura genética de uma espécie pode ser definida como a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações. Esta estrutura resulta da combinação entre mutação, migração, seleção e deriva genética, as quais definem a distribuição da variabilidade genética nas populações (WADT, 2001).

A dispersão de pólen e sementes promove o fluxo gênico nas plantas, que é um importante componente na estrutura genética das espécies, pois reduz a diversidade genética entre populações (NASON et al., 1997). Para Wright (1943), populações separadas por longas distâncias e com limitado fluxo gênico podem tornar-se diferenciadas geneticamente uma das outras pelo processo de “isolamento por longas distâncias”.

A diferenciação entre populações, geralmente, deve-se à seleção e deriva genética, sendo o fluxo gênico um fator contrário a estas forças. Portanto, se os mecanismos de dispersão de pólen e sementes forem restritos a uma pequena vizinhança, aumentam as chances destes indivíduos serem aparentados, gerando endogamia. Dentro de populações naturais de espécies arbóreas, grande parte da endogamia observada é determinada pela distância e taxa com que os genes migram dentro e entre populações; e outra parte é determinada por seu sistema de reprodução, mais especificamente pela taxa de auto-fecundação (PÓVOA, 2002).

A estrutura genética de uma população vegetal pode ser alterada, conforme apresentado na contextualização anterior, e a única forma de promover a sustentabilidade de uma dada espécie é a sua conservação, levando-se em consideração aspectos relacionados à conservação da Biodiversidade.

2.4 Enfoque genético na fragmentação florestal

Uma das consequências da fragmentação é que as populações remanescentes sofrem alterações nos padrões de troca de genes e têm sua variabilidade e estrutura genética alterada. Um outro fator é que a fragmentação florestal isola indivíduos reprodutivamente, que contêm apenas uma pequena amostra do conjunto gênico da população original (gargalo genético - *bottleneck*), que pode causar contínua perda de alelos devido à deriva genética, caso a população remanescente permaneça isolada por várias gerações (SEOANE et al. 2000).

O gargalo contribui para a perda de alelos, especialmente dos raros e isto é mais efetivo do que a perda de heterozigose. A redução na heterozigosidade média por loco não depende apenas do tamanho do gargalo, mas também da taxa de cruzamento e crescimento da população. Caso esta cresça rapidamente, a redução da heterozigosidade é mínima, mesmo que o número de fundadores seja pequeno. Em contraste, o número médio de alelos por loco é profundamente afetado pelo tamanho do gargalo (SOUZA et al., 2004).

Na população pequena pode ocorrer também a deriva genética, o que significa ter as frequências de seus genes afastadas daquelas da população original, inclusive chegando a perder alelos e ainda pode haver um aumento da endogamia, decorrente da maior probabilidade de auto-fecundação e cruzamentos entre indivíduos aparentados (KAGEYAMA e GANDARA, 1998).

Sendo assim, segundo Seoane (2000), em curto prazo, a perda de variabilidade genética pode reduzir a aptidão individual da espécie, inviabilizando o remanescente populacional e em longo prazo, a redução da riqueza alélica limita a habilidade das espécies a responderem às mudanças devido à ação de forças seletivas.

A fragmentação florestal é um processo de formação de mosaicos de habitats, que incluem fragmentos de diferentes tamanhos, áreas agrícolas e urbanas e que apresentam uma probabilidade reduzida de dispersão e estabelecimento de indivíduos adultos e juvenis da fauna, fauna esta, responsável pela maior parte do fluxo gênico entre populações de plantas.

Assim, espera-se que o fluxo gênico haja de forma a homogeneizar a composição genética em qualquer um dos modelos de estrutura populacional, isto é, tendo como único fator operante o fluxo gênico, todas as populações convergirão para a mesma frequência alélica (FUTUYMA, 1992), uma vez que esse é resultado da troca de genes entre populações.

2.5 Parâmetros genéticos como ferramentas para a caracterização da diversidade

Para que se possa melhorar as estratégias de manejo e conservação de espécies, é necessário conhecer a estrutura e a diversidade genética de suas populações (CARTHEW, 1993). Desta forma, será possível preservar ao máximo os recursos genéticos existentes, que incluem toda a variação herdável dentro de populações de uma mesma espécie (MORAN e HOPPER, 1987 *apud* SILVA et al. 2007). Estrategicamente, esta conservação deve ter como foco a sustentabilidade das florestas, que combina a conservação da biodiversidade e variabilidade com interesse econômico e fins sociais.

A estrutura e a diversidade genética das populações são a base da biodiversidade e podem ser acessadas por meio de marcadores genéticos, sendo a utilização destes marcadores em estudos populacionais de espécies arbóreas uma ferramenta potencial (FREITAS et al., 2005) devido, principalmente ao fato de permitir detectar diferenças existentes entre dois ou mais indivíduos ou organismos e populações.

Dentre os marcadores genéticos, os dendrológicos, apresentam a desvantagem de serem somente identificados, em sua maioria, em nível de planta inteira ou adulta como a expressão fenotípica, ou seja, marcadores morfológicos. Tais características, de variação discreta são utilizadas como marcadores desde os tempos de Mendel, como fenótipos de fácil identificação visual (nanismo, deficiência clorofítica, cor de pétala, morfologia foliar, circunferência a altura do peito (CAP), aspectos do tronco, altura total, altura da primeira ramificação, área da copa etc.).

No final da década de 60 os estudos de variações fenotípicas foram facilitados pelo desenvolvimento de marcadores enzimáticos e na década de 80 foram desenvolvidos os marcadores moleculares em nível de DNA (VASCONCELOS, 2002). Estes podem ser utilizados a partir de amostras de células ou de tecidos de partes da planta (folhas, embriões, cotilédones, pólen etc.) e também em qualquer estágio de desenvolvimento da planta (DANTAS e NODARI, 2006).

O princípio básico envolvido na obtenção e detecção de cada classe de marcador bioquímico ou de DNA reside no uso de eletroforese. Seu princípio é o da migração de moléculas de carga negativa para o pólo positivo, e moléculas com carga positiva para o pólo negativo (DANTAS e NODARI, 2006).

A eletroforese visa à separação de moléculas em função de suas cargas elétricas, de seus pesos moleculares e de suas conformações, em suportes porosos (géis) e soluções-tampões (estabilizam o pH do meio e permitem o fluxo de corrente elétrica). O

sentido e a velocidade de migração são determinados pelo tamanho e carga das proteínas (DANTAS e NODARI, 2006).

Como marcador molecular define-se todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso, de um segmento específico de DNA (correspondentemente a regiões expressas ou não do genoma). Diversas técnicas de biologia molecular são usadas para detecção de variabilidade genética ao nível de sequência de DNA para a detecção de polimorfismo genético. Estas técnicas permitem a obtenção de um número virtualmente ilimitado de marcadores moleculares cobrindo todo o genoma do organismo. Tais marcadores podem ser utilizados para as mais diversas aplicações, tanto no estudo de genética como na prática de melhoramento de plantas (BORBA, 2006). O delineamento de estratégias para a conservação de uma espécie passa pelo entendimento de sua forma de reprodução, distribuição da diversidade genética entre e dentro populações, níveis de diversidade intra-populacional, tamanho efetivo e distribuição espacial dos genótipos (KAGEYAMA et al., 2003).

O DNA tem diversas aplicações que inclui a obtenção de “digitais” genômicos de indivíduos, variedades, populações; além de possibilitar a análise da estrutura e diversidade genética em populações naturais, populações de melhoramento, bancos de germoplasma, bem como no estabelecimento de relacionamentos filogenéticos entre espécies, na construção de mapas genéticos de alta cobertura genômica e na localização de genes de interesse econômico (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998).

Dentre as diversas tecnologias utilizadas para obtenção da estrutura genética de indivíduos e populações por meio de DNA, a técnica de RAPD é a que mais tem sido usada em Sergipe, devido à relativa simplicidade que não requer equipamentos muito sofisticados. Este marcador trouxe uma verdadeira “democratização” da análise genética em espécies contempladas na área agrícola e florestal (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998). A técnica consiste na amplificação ao acaso de fragmentos de DNA em um único oligonucleotídeo de sequência arbitrária, que irá traduzir-se na síntese final de vários segmentos de DNA de diferentes tamanhos, onde é possível detectar polimorfismos na sequência do DNA que podem ser usados como marcadores genéticos, medindo a similaridade entre indivíduos dentro de populações (WILLIAMS et al., 1990).

A amostragem de espécies-modelo de diferentes grupos sucessionais, em ecossistemas semelhantes utilizando os marcadores genéticos como o RAPD, pode

permitir avanços no entendimento genético das populações naturais de espécies arbóreas e essas informações são incipientes na literatura (KAGEYAMA et al., 2003).

Os marcadores genéticos apresentam diversas aplicações na conservação genética dos recursos florestais, por meio da mensuração da diversidade genética, estimativa da taxa de fluxo gênico ou migração, caracterização do sistema de reprodução, análise de paternidade, avaliação da eficiência do pomar de sementes, estudos filogenéticos e taxonômicos, podendo ser mensuradas diferenças genéticas em populações naturais e manejadas (GLAUBTIZ e MORAN, 2000).

Como exemplo da eficiência desse método, pode-se citar o trabalho de Salla et al. (2002), onde os marcadores moleculares foram utilizados na análise de variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* D.C.), sendo utilizados 24 acessos dessa espécie, pertencente ao Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal de Londrina, onde foram analisados, utilizando marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) e microssatélites - sequência simples repetidas (SSRs). Um total de 164 e 73 marcadores foram obtidos com ambos os marcadores. Os marcadores obtidos foram analisados, usando o método de agrupamentos UPGMA. A análise comparativa dos dendrogramas gerados com os *primers* de RAPD e com os *primers* SSR mostrou que, enquanto alguns acessos se associaram em grupos diferentes, outros apresentaram a mesma associação. Entretanto, maior polimorfismo entre acessos foi detectado com os *primers* de RAPD. A análise dos resultados revelou a alta variabilidade contida na coleção, permitindo associar o grau de similaridade genética, obtido por marcadores de DNA, com caracteres morfológicos compartilhados entre os acessos.

A variação genética presente em uma espécie, essencial para sobrevivência e adaptação a possíveis mudanças do ambiente, e a base para programas de conservação genética. Portanto, o conhecimento da variabilidade genética nessas populações é importante para o estabelecimento de estratégias de conservação, além de orientar programas de coleta de material para banco de germoplasmas e produção de mudas para os programas de reflorestamento (BOTREL et al., 2006).

Dentre os inúmeros trabalhos realizados com a técnica de RAPD, Freire et al. (2007) avaliaram o padrão de distribuição da variação genética entre e dentro de cinco populações de *Schizolobium parahyba* (Guapuruvu). O número de indivíduos amostrados em cada população variou de oito a vinte e sete, sendo encontrados em unidades de conservação, bordas de florestas, pastos, bananais e em alguns casos, em remanescentes de vegetação inseridos em área urbana (Paraty). Foi realizada análise de

diversidade gênica das populações, estimando-se o número médio de alelos por loco (n_a), número médio de alelos efetivos por loco (n_e), diversidade gênica de Nei (1973), H_e , porcentagem de locos polimórficos (P) para cada população e para o conjunto de populações. Sendo os valores médios dos parâmetros analisados de n 1,97, n_e 1,64, H_e 0,36 e P 96,9%, onde foi verificado um alto nível de polimorfismo e de diversidade gênica, sugerindo que as populações têm potencial para a conservação genética e deve reter ambos os níveis de variação, tanto entre (10,49%) como dentro de populações (89,51%).

Resultados satisfatórios também foram encontrado por Zimback et al. (2004) estudando a diversidade genética de *Trichilia pallida* Swartz (Meliaceae) para uso potencial em um sistema de silvicultura sustentável para pequenos agricultores e preservar a espécie, com dados dominantes diplóides (RAPD). Além dos parâmetros analisados pelo autor supracitado, foi realizada também a análise de diversidade gênica em populações pelo método de Nei (1978), estimando a heterozigosidade total (H_T), diversidade gênica média dentro de populações (H_S), divergência genética entre populações (G_{ST}) e fluxo gênico (N_m). Os valores obtidos foram H_T 0,334; H_S 0,292; G_{ST} 0,125 e N_m 0,78, onde verificou que a espécie não perdeu muita variabilidade, mas já apresenta isolamento genético e pode ser preservada nas condições atuais de reservas e fragmentos florestais, existindo necessidade de iniciar coletas para a preservação da espécie.

Estudo foi realizado com *Myrcia splendns*, espécie pioneira, de crescimento rápido localizadas em fragmentos florestais de pequeno porte, circundados, na maioria, por pastagens (*Brachiaria* spp.) para a criação bovina e o plantio de café e de milho. Os fragmentos estudados são interligados por corredores de vegetação. Nos fragmentos foram encontrados número médio de alelos por locos variando de 1,84 a 1,94, número médio de alelos efetivos por locos 1,60 a 1,71, diversidade genética de Nei 0,35 a 0,39, índice de Shannon 0,49 a 0,55 e porcentagem de locos polimórficos variando de 84,29 a 94,29%. Os fragmentos que apresentaram menores valores de locos polimórficos foram os mais fragmentados e recebem apenas um corredor. Na avaliação da estrutura genética dos fragmentos a heterozigosidade total média foi 0,39 e do corredor 0,37, o fluxo alélico foi 8,72 para os fragmentos e 4,93 para os corredores e a diversidade genética entre as populações foi 5,5% para os fragmentos e 9,2% para os corredores. Assim a espécie apresenta altos níveis de diversidade genética dentro das populações analisadas, sendo superiores as médias relatadas para espécies arbóreas, e a baixa

diferenciação genética entre os fragmentos foi explicada pelo elevado fluxo alélico entre eles, sendo este associado ao fato de estes remanescentes estarem ligados pelos corredores de vegetação. O processo de fragmentação da área estudada tem idade aproximada de 200 anos, talvez o efeito deste processo não esteja ainda refletindo nos parâmetros estudados, porém os corredores de vegetação, interligando as populações, são de grande importância para a manutenção dos níveis de diversidade (BRANDÃO, 2008).

Assim, o estudo dos parâmetros genéticos de espécies florestais são ferramentas importantes para a medida da conservação de espécies. Estes estudos focam a conservação da diversidade genética das espécies, e como os processos de fragmentação e isolamento de populações podem afetar a referida diversidade.

2.6 A Espécie *Schinus terebinthifolius* Raddi.

Schinus terebinthifolius Raddi. é uma Anacardiaceae, dióica pertencente ao grupo das pioneiras e espécie nativa do Brasil. É popularmente conhecida como aroeira-vermelha, aroeira-pimenteira e pimenta brasileira. Esta variação nos nomes se dá, principalmente, pelo fato de seus frutos possuírem a aparência de uma pequena pimenta de coloração rosa-avermelhada, por isso, também chamados de pimenta rosa. A espécie vem se destacando cada vez mais pelo consumo de seus frutos (pimenta rosa), cuja demanda tem aumentado, tanto no mercado nacional como no internacional, que os utiliza como condimento alimentar. No Brasil apresenta uma ampla distribuição geográfica e grande plasticidade ecológica, de ocorrência natural desde Pernambuco até o Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul, em várias formações vegetais (LENZI e ORTH, 2004b).

A pimenta rosa é uma espécie heliófita e perenifólia, comum em beira de rios, córregos e em várzeas úmidas de formações secundárias. Por apresentar flores melíferas é uma espécie muito procurada pela avifauna e sua semente é amplamente disseminada por pássaros, o que explica sua boa regeneração natural. Apresenta potencial na recuperação de áreas degradadas e na economia da região (LORENZI, 1998).

A exploração de seus frutos se restringe à coleta manual em populações naturais. Embora seja uma espécie aparentemente pouco cultivada no Brasil, a pimenta rosa possui um grande potencial para exploração e uso (LENZI e ORTH, 2004a).

No Estado da Florida nos E.U.A, pimenta rosa é considerada invasora agressiva, rapidamente espalhando entre a vegetação nativa dando forma a monoculturas densas.

Estas árvores reduzem a diversidade biológica de outras plantas nativas e de animais. A invasão desta planta agressiva apresenta uma ameaça séria à biodiversidade em muitos dos ecossistemas nativos da Florida. Os atributos da planta que contribuem para sua invasão incluem um grande número de frutos produzidos pela planta fêmea e seu mecanismo eficaz de dispersão por pássaros (HIGHT et al., 2002).

Pelo exposto constata-se dois aspectos, um onde a intensa ação extrativista pode promover a fragmentação florestal e perda da diversidade, no entanto, deve-se apontar também a invasão agressiva da espécie, que devido a facilidade de colonização pode dominar um ambiente impedindo a regeneração/colonização de outras espécies. Assim sob o primeiro foco é vítima e sob o segundo foco passa a ser vilã, ambos os focos devido a perda da sustentabilidade dos agroecossistemas.

2.7 Indicadores de sustentabilidade para monitoramento da conservação da diversidade

Todos os ecossistemas naturais permanentes tendem a ser sustentáveis, visto que, do ponto de vista ecológico, mantêm: a produtividade de acordo com a capacidade de suporte do meio, a diversidade genética, as características físico-químicas do solo, a dinâmica dos nutrientes, o ciclo da água etc. Neste sentido, deve-se reconhecer que, em longo prazo, qualquer produção econômica baseada no uso dos recursos naturais será insustentável, se estiver degradando o ecossistema (POGGIANI, 1998).

As ações propostas na Agenda 21, com ênfase na construção de indicadores ambientais possibilita um aperfeiçoamento nos modelos de gerenciamento dos recursos naturais, por meio da avaliação das medidas adotadas e monitoramento das ações estratégicas a serem empregadas com vistas ao desenvolvimento sustentável. A necessidade de informação é um dos aspectos fundamentais, para que se possa diagnosticar situações que se pretende modificar e acompanhar o impacto das ações propostas (GUIMARÃES, 2004).

As informações expressas na forma de indicadores procuram descrever um determinado ângulo da realidade, ou a relação entre seus diversos aspectos. Com o crescente interesse na conservação de florestas nativas, torna-se importante à definição de indicadores de sustentabilidade, que possam servir de referência para a avaliação dos fragmentos e recuperação de áreas degradadas quanto à sua capacidade de manutenção das populações das espécies neles existentes. Por outro lado, medidas devem ser tomadas, no sentido de orientar ações visando à reconstituição de populações

deterioradas geneticamente, ou ainda a ligação entre populações pequenas, o que se tem denominado de corredores de fluxo gênico (GANDARA e KAGEYAMA, 1998).

Os indicadores podem ser utilizados para interpretar os fenômenos naturais e permite estabelecer relações de causa-efeito e fazer previsões sobre o comportamento, a médio e longo prazo, quanto à sustentabilidade do ecossistema. Os dados, devidamente armazenados e organizados permitem detectar pontos críticos de funcionamento do ecossistema florestal, estabelecer correlações entre diferentes eventos, levantar hipóteses para embasar novas pesquisas com o objetivo final de averiguar a validade dos indicadores escolhidos (POGGIANI, 1998).

Os indicadores de sustentabilidade diferenciam-se dos demais por exigirem uma visão de mundo integrada, necessitando relacionar para tanto, a economia, o meio ambiente e a sociedade de uma dada comunidade. Um bom indicador alerta sobre os problemas, antes que eles se tornem muito graves, indicando o que precisa ser feito para resolvê-los. E dessa maneira em comunidades em crise, os indicadores são considerados importantes instrumentos para definir soluções e propor estratégias (MARANGON et al., 2007).

Em estudo realizado por Santana et al. (2008) observou-se que os marcadores de RAPD podem nos fornecer conhecimentos necessários para tomada de decisão com custos relativamente mais baixos que as novas técnicas e também em curto prazo. Segundo os autores a técnica de RAPD apresentou resultados satisfatórios para definição de matrizes para coleta de sementes, pois a partir desses resultados, a depender das características da espécie (fenologia, mecanismos de dispersão vegetal etc.), a recomendação da distância mínima entre matrizes (50 m) não precisa ser rigorosamente seguida, principalmente em áreas que apresentam números de indivíduos bastante reduzidos.

Estudos comparando diretamente os diferentes tipos de marcadores sugerem que o marcador de RAPD revelou padrões similares de diversidade genética (ZUCCHI, 2002), sendo muito úteis para mensurar similaridades ou distâncias genéticas e parâmetros afins, quantificando a variabilidade genética dentro e entre populações (MOURA et al., 2005). O conhecimento destas características é importante para estudos de populações, o que permite inferir sobre os possíveis meios de conservação da espécie.

3. METODOLOGIA

3.1 Caracterização da área de estudo

Para a análise dos parâmetros genéticos populacionais empregou-se DNA extraído de brotações de indivíduos de pimenta rosa. As amostragens foram realizadas em cinco populações localizadas nas margens esquerda e direita em trecho do rio São Francisco, e em ilhas localizadas entre estas margens. A área total amostrada corresponde a uma extensão de 20 Km, considerando o trecho entre Neópolis e Santana do São Francisco ($10^{\circ}10'43,28''\text{S}/36^{\circ}33'46,66''\text{W}$ e $10^{\circ}15'55,33''\text{S}/36^{\circ}39'59,31''\text{W}$) (Figura 1).



FIGURA 1. Mapa com trecho do Rio São Francisco (margem entre os Estados de Sergipe e Alagoas) onde foram feitas coletas de material vegetal de *Schinus terebinthifolius* Raddi. Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão-SE, 2009.

Nesta área de estudo os indivíduos foram georeferenciados, e em seguida brotações de 15 indivíduos levadas ao laboratório para a extração de DNA. Para cada uma das cinco populações amostradas, empregou-se a distância mínima de 50 metros entre indivíduos, conforme sugerido por Kageyama e Gandara (1999).

As coletas das brotações foram realizadas entre os meses de julho a outubro de 2008, que na referida região coincide com final da época das chuvas (Figura 2).

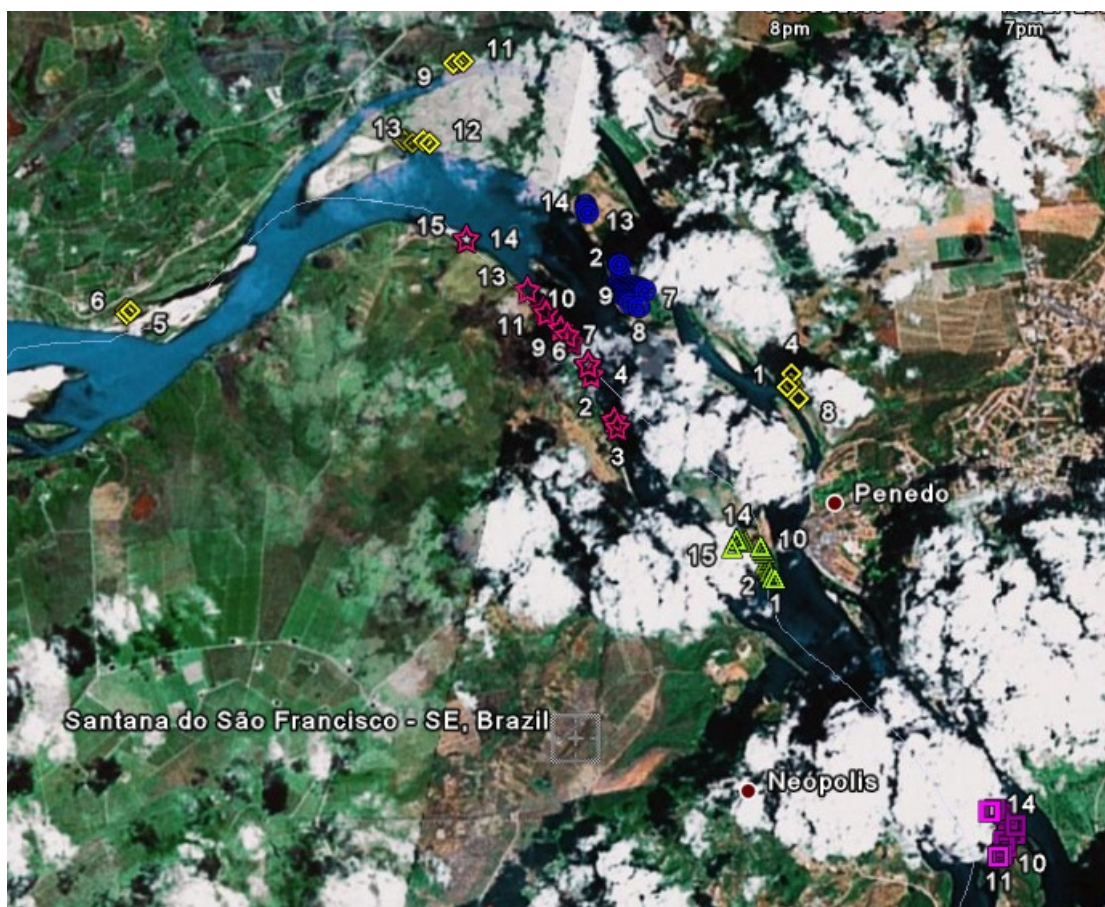


FIGURA 2. Distribuição espacial de indivíduos de *Schinus terebinthifolius* Raddi., localizadas em trecho do baixo São Francisco sergipano (pop 5 ☆) e alagoano (pop 4 ◇); ilhas entre Estado de Sergipe e Alagoas (pop 3 ○; pop 2 △; pop 1 □). Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão-SE, 2009.

3.2 Seleção de indicadores

Para a seleção de indicadores foram avaliados os impactos das ações naturais e antrópicas de ocorrência na área empregando a metodologia criada pela OCDE (Organização para a Cooperação e Desenvolvimento Econômico), identificada como modelo de indicadores de Pressão-Estado-Impacto/Efeito-Resposta (PEI/ER). Para o levantamento da lista de indicadores, inicialmente foram definidos descritores considerando as categorias sugeridas por Windograd (1996), onde:

Pressão: se refere às pressões diretas e indiretas sobre o meio ambiente em consequência das atividades humanas;

Estado: se refere ao estado em que se encontra o ambiente, em consequência das pressões sofridas pelas atividades antrópicas nos diversos ambientes (físico, biológico e

químico), bem como a uma condição do ecossistema e suas funções, incluindo a população humana;

Impacto/efeito: relaciona-se com os efeitos e impactos das interações sociedade/natureza, essa categoria muda em função das respostas que a sociedade gera sobre o meio ambiente.

Respostas: às ações que a sociedade gera como respostas às pressões, estados e efeitos sobre o meio ambiente e são os que conduzem os processos de desenvolvimento e uso dos recursos naturais.

3.3 Extração do DNA e reações de RAPD

Para a extração e análise da diversidade genética, as brotações dos indivíduos foram levadas para o Laboratório de Melhoramento Vegetal e Cultura de Tecidos, do Departamento de Engenharia Agrônômica (UFS), no qual foram maceradas, conforme descrito a seguir.

Para obtenção do DNA, 2g de folhas jovens foram macerados com o auxílio de almofariz e pistilo adicionando-se 10 mL de tampão CTAB 2% (2% de Brometo de Cetil Trimetil Amônio - CTAB, 100mM de Tris (pH 8,0), 20mM de EDTA (pH 8,0), 1,4M de NaCl e 1% de PVP) e 20 µL de β-mercaptoetanol seguindo o protocolo descrito por Nienhuis et al. (1995), com modificações. O material macerado foi colocado em tubos de ensaio e levados ao banho-maria a 65°C por 60 minutos.

Após o período de incubação, 1.000µL de cada amostra foram colocados em tubos tipo eppendorf contendo 1.000µL da mistura de clorofórmio e álcool isoamílico (24:1). Os tubos foram agitados lentamente até obtenção de uma emulsão e, posteriormente centrifugados a 7.000 rpm por 30 minutos. O sobrenadante obtido foi pipetado, vertido em 750µL de mistura de álcool etílico e acetato de amônio e acondicionado em freezer (-20°C) por no mínimo 1 hora para precipitação dos ácidos nucleicos. Após a precipitação do DNA, as amostras foram centrifugadas a 14.000 rpm por 10 minutos e ao precipitado foram adicionados 100µL de álcool etílico, deixando-se 10 minutos em temperatura ambiente, e procedeu-se uma nova centrifugação por 10 minutos a 4.000 rpm, sendo assim possível descartar o sobrenadante e secar o precipitado. Após a secagem, o DNA foi solubilizado com 100µL de TE (1mM de Tris e 0,1mM de EDTA).

A qualidade e a concentração de DNA de cada amostra foi determinada em espectrofotômetro (CARY 50 PROBE UV-VISIBLE), com base na absorbância a 260nm e 280nm.

As reações de RAPD foram baseadas no método descrito por Williams et al. (1990), empregando para amplificação 20 oligonucleotídeos de dez bases com sequência arbitrária (Integrated DNA Technologies - IDT) (Tabela 1).

TABELA 1. Sequências dos oligonucleotídeos utilizados nas reações de RAPD empregando *Schinus terebinthifolius* Raddi. Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2009.

Oligonucleotídeos	Sequência 5' – 3'	C+G (%)
01	CAG GCC CTT C	70
02	TGC CGA GCT G	70
03	GTT TCG CTC C	60
04	TGA TCC CTG G	60
05	TTC GAG CCA G	60
06	GTG AGG CGT C	70
07	ACC GCG AAG G	70
08	GGA CCC AAC C	70
09	CCC AAG GTC C	70
10	GGT GCG GGA A	70
11	ACG GAT CCT G	60
12	GAG GAT CCC T	60
13	CTA CGG AGG A	60
14	GGC ACT GAG G	70
15	GGT CGG AGA A	60
16	TCG GAC GTG A	60
17	ACC TGG ACA C	60
18	GGA GGA GAG G	70
19	CCC GGC ATA A	60
20	AAA GTT GGG A	40

O produto final para as reações de amplificação constituiu de volume de 13µL, contendo 2,92µL de água ultrapura; 1,30µL de tampão PCR 10X; 1µL de cloreto de magnésio 50mM; 1,04µL de dNTP 2,5mM; 1,04µL de BSA (Soro Albumina Bovina); 0,2µL da enzima *Taq* DNA polimerase; 2,5µL do oligonucleotídeo iniciador e 3µL do DNA genômico.

Para cada população foi constituído um *bulk* contendo 10 ng de DNA de cada um dos 15 indivíduos, sendo a seguir diluído na proporção de 1:10 com água ultrapura e

em seguida procedeu-se a amplificação do DNA de cada população. Empregou-se a análise do DNA em *bulk*, ou seja, misturando quantidades equitativas de DNA de indivíduos de cada população, obtendo-se 1 *bulk* para cada população. A após procedeu-se a análise individual de cada representante da população.

As reações foram conduzidas em termociclador Uniscience Biometra Tpersonal submetidas a 45 ciclos de amplificação após a desnaturação inicial a 94°C por 2 minutos. Cada ciclo constituiu-se de 15 segundos para desnaturação a 94°C, 30 segundos para o anelamento a 36°C e 30 segundos para a extensão a 72°C. Ao final dos 45 ciclos foi realizada uma extensão final de 2 minutos a 72°C.

A composição G+C (guanina/citosina) dos oligonucleotídeos utilizados é igual ou superior a 40%. Essa característica se torna importante, devido à ocorrência de ligações triplas de hidrogênio, entre estas bases nitrogenadas, tornando o *primer* mais estável (WILLIAMS et al., 1990).

O produto da amplificação foi separado por eletroforese em gel de agarose 1% em tampão TBE 0,5X (Tris-base, ácido bórico, EDTA 0,5 M e água), corados com brometo de etídio 25µg/mL de água destilada e então, visualizada sob luz ultravioleta.

Para a avaliação dos resultados obtidos na reação de RAPD, cada banda presente no gel foi designada como 1 (um) e a ausência como 0 (zero). Com a obtenção desses dados foi construída uma matriz de 0 e 1. As bandas que apresentaram coloração fraca e baixa resolução não foram usadas no computo dos resultados. Esta matriz binária foi empregada para cálculo dos parâmetros genéticos populacionais e para cálculo de similaridade genética (Sg_{ij}) entre cada par de indivíduos.

3.4. Análise dos dados

A similaridade genética (Sg_{ij}) entre e dentro das populações foi estimada utilizando o programa computacional NTSYS 2.0 (ROHLF, 2001). Os agrupamentos de similaridade foram obtidos pelo coeficiente de Jaccard, e computados pelo método UPGMA (método da média aritmética não ponderada), segundo a expressão:

$$sg_{ij} = \frac{a}{a + b + c}$$

As variáveis das expressões foram obtidas conforme Tabela 2.

TABELA 2 – Presença (1) e/ou ausência (0) de bandas em cada par (*ij*)

	Genótipo <i>i</i>	
	1	0
Genótipo <i>j</i>	1 a (1, 1)	0 b (1, 0)
	0 c (0, 1)	d (0, 0)

Onde, **a** representa a presença de bandas em ambos os genótipos, **b** representa a presença de banda no primeiro genótipo e ausência no segundo, **c** representa a presença no segundo e ausência no primeiro e **d** a ausência em ambos os genótipos.

Foi realizada a análise de *bootstrap*, utilizando o programa GENES (CRUZ, 2006) com o objetivo de verificar se o número de bandas polimórficas geradas pelos 20 oligonucleotídeos foi suficiente para determinar com precisão as estimativas de similaridades genéticas entre os indivíduos.

Os erros associados a cada similaridade foram estimados pelas seguintes expressões (NIENHUIS, 1995).

$$V = \frac{ns(1-s)}{(n-1)}$$

$$\text{Erro padrão estimado} = \left(\frac{V}{n}\right)^{1/2}$$

Sendo:

V: variância da similaridade entre cada par de indivíduos;

s: similaridade genética entre cada par de indivíduos;

n: número total de bandas utilizadas na estimativa da similaridade genética.

Os indivíduos geneticamente diferentes foram identificados nos dendrogramas a partir da estimativa do valor mínimo de similaridade, acima do qual os indivíduos são semelhantes, ou o valor máximo significativo de similaridade (Sg_m) (CASTANHEIRA, 2001). O Sg_m foi estimado por meio do teste *t*, no nível de 1% de probabilidade.

$$Sg_m = 1 - \left(t \times \bar{S}sg_{ij} \right)$$

Em que:

t = o valor tabelado de t com $n-2$ graus de liberdade;

\overline{Ssg}_{ij} = erro médio das comparações consideradas no dendrogramas.

A análise da estrutura genética populacional foi realizada com o auxílio do programa computacional Popgene 1.31 (YEH *et al.*, 1997), considerando dados dominantes diplóides. Foram estimados:

- Número de alelos observados (n_a),
- Número de alelos efetivos (n_e),
- Diversidade gênica de Nei (\hat{H}_e) (1973),
- Porcentagem de locos polimórficos ($P\%$)
- Heterozigosidade total (H_T),
- Heterozigosidade média dentro de populações (H_S)
- Diversidade entre populações (D_{ST})

$$D_{ST}=H_T-H_S$$

- Coeficiente de divergência genética entre populações (G_{ST}).

$$G_{ST}=D_{ST}/H_T$$

- Fluxo gênico (N_m)

$$Nm= 0,5 (1-G_{ST})/G_{ST} \text{ (McDermott e McDonald, 1993)}$$

- Índice de Shannon (I)

Mede o grau certeza em se prever a proximidade genética entre indivíduos. Quanto menor o valor do índice de Shannon, menor o grau de incerteza e, portanto, a diversidade da amostra é baixa. A diversidade tende a ser mais alta quanto maior o valor do índice.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Seleção de indicadores

Com a avaliação dos impactos das ações naturais e antrópicas de ocorrência na área foram listados vinte descritores (Tabela 1).

TABELA 1- Matriz pressão-estado-impacto/efeito-resposta dos descritores utilizados para a seleção de indicadores de sustentabilidade *Schinus terebinthifolius* Raddi., do Baixo curso do Rio São Francisco sergipano. UFS, São Cristóvão-SE, 2009.

Categoria	Descritores
Pressão	Ação Antrópica Diversidade Florística Tamanho efetivo das populações Legislação ambiental
Estado	Estrutura da população Baixa disponibilidade de sementes Falta de dados de conservação <i>ex situ</i> Disponibilidade de informações Isolamento reprodutivo Fenologia
Impacto/efeito	Diversidade genética Estrutura genética da população Erosão Genética Endogamia Manejo sustentável
Resposta	Manutenção da diversidade genética Corredores de fluxo gênico Projetos de pesquisa Banco de dados Intercâmbio de germoplasma

A partir destes descritores, sugeriu-se um ou mais indicadores (Tabela 2) permitindo a mensuração das modificações ocorridas no ecossistema que poderão influenciar na gestão integrada dos recursos naturais e genéticos de trecho do Baixo curso do Rio São Francisco sergipano.

TABELA 2 - Matriz pressão-estado-impacto/efeito-resposta de indicadores de sustentabilidade para populações de *Schinus terebinthifolius* Raddi., do Baixo São Francisco sergipano. UFS, São Cristóvão-SE, 2009.

PRESSÃO	ESTADO	IMPACTO/EFEITO	RESPOSTA
- Matrizes para coleta de sementes (n)	- Altura (m) - Área de copa (m ²) - CAP (cm)	- Similaridade genética entre as espécies (%) - Heterozigosidade [-1,0 /+1,0] - Fluxo gênico [< 1,0] - Perda de alelos (n/loco gênico) - Diversidade genética de Nei (%) - Diversidade entre populações (%) - Índice de Shannon [0-1] - Locos Polimórficos (%) - Alelos efetivos (n)	- Conservação <i>in situ</i> (n) - Intercâmbio de germoplasma (n) - Recuperação de áreas degradadas (n e Ne) - Produção científica (n) - Banco de dados para as espécies (n) - Projeto de pesquisa (n) - Acessos em Bancos de sementes e Bancos de Germoplasma (n)

Foram sugeridos 20 indicadores potenciais para mensuração do grau de fragmentação em nível genético para populações estudadas.

4.2 Parâmetros dendrométricos

A espécie *S. terebinthifolius* é uma pioneira, de fácil dispersão de seus frutos e de fácil colonização de área. No entanto, para a população 3 e, principalmente, para a população 4 (margem Alagoas) observou-se baixa densidade, sendo que nesta última. Assim, para atendimento da coleta das amostras (15 indivíduos) foi percorrido aproximadamente 20 km às margens do rio. A baixa densidade populacional da espécie corrobora com um potencial indicador de pressão na área, pois além da espécie fazer parte do grupo sucessional das pioneiras, que tem como característica uma alta

densidade populacional, o número de matrizes para coleta de sementes é fundamental em programas de reflorestamento, uma vez que, quanto maior número de matrizes, maior será a probabilidade de indivíduos divergentes geneticamente serem amostrados.

As características dendrométricas dos indivíduos (Tabela 3) podem ser empregadas para a indicação do estado em que a população se encontra e, pois com esses indicadores existe a possibilidade de escolha de matrizes porta-sementes fenotipicamente superiores, que se pode traduzir em vigor.

TABELA 3 - Parâmetros dendrométricos de indivíduos de *Schinus terebinthifolius* Raddi., de 5 populações do baixo curso do Rio São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

INDIV.	POPULAÇÃO 1			POPULAÇÃO 2			POPULAÇÃO 3			POPULAÇÃO 4			POPULAÇÃO 5		
	ALT.	DAP	ÁREA DE COPA	ALT.	DAP	ÁREA DE COPA	ALT.	DAP	ÁREA DE COPA	ALT.	DAP	ÁREA DE COPA	ALT.	DAP	ÁREA DE COPA
1	5,00	0,545	62,37	7,40	0,646	88,20	4,30	0,298	70,47	4,20	0,081	16,60	4,90	0,396	59,50
2	6,00	0,643	59,25	9,00	1,512	204,10	6,14	0,182	39,27	4,88	0,095	25,30	4,90	0,485	54,60
3	7,25	0,753	81,37	7,00	0,924	75,75	5,80	0,121	38,80	4,38	0,238	18,70	6,10	0,131	25,48
4	4,44	0,486	129,87	7,00	0,257	46,90	6,13	0,719	39,20	8,60	0,253	41,27	4,70	0,478	34,65
5	5,10	0,207	48,80	8,00	0,612	66,42	4,52	0,108	9,80	4,15	0,294	32,72	8,00	1,082	99,40
6	4,45	0,682	75,53	5,00	0,266	61,20	4,00	0,319	15,68	3,83	0,346	41,23	9,50	0,595	68,00
7	4,62	0,423	43,40	5,50	0,467	15,00	7,14	0,370	101,92	3,83	0,237	33,69	7,45	0,990	94,00
8	5,05	0,139	65,96	5,50	0,660	97,20	6,63	0,471	35,28	6,00	0,349	57,75	7,00	1,730	100,00
9	4,90	0,221	54,18	3,60	0,385	0,42	5,80	0,439	17,15	9,30	0,783	128,52	6,50	1,140	87,30
10	5,30	0,175	27,72	7,00	0,616	75,92	5,90	0,209	84,84	9,10	0,307	66,81	6,50	1,019	147,00
11	5,10	0,658	64,40	9,00	0,586	115,50	6,64	0,710	10,00	7,95	0,129	26,40	6,00	0,345	58,28
12	3,85	0,142	57,51	6,00	0,609	52,20	6,14	0,439	42,00	4,74	0,224	46,44	5,30	0,968	86,45
13	5,80	0,509	70,84	7,00	0,336	23,22	7,64	0,991	180,00	6,30	0,304	66,15	4,50	0,652	47,52
14	5,10	0,724	60,68	5,00	0,488	43,20	5,64	0,158	12,00	7,65	0,801	99,00	7,20	0,887	118,75
15	7,00	0,368	74,48	8,00	0,400	59,28	5,10	0,144	12,00	5,70	0,323	36,00	3,50	0,277	20,64
Mín	3,85	0,14	27,72	3,60	0,25	0,42	4,00	0,10	9,80	3,83	0,08	16,60	3,50	0,13	20,64
Máx	7,25	0,75	129,87	9,00	1,51	204,10	7,64	0,99	180,00	9,30	0,80	128,52	9,50	1,73	147,00
Médias	5,26	0,45	65,09	6,67	0,58	68,30	5,83	0,38	47,23	6,04	0,32	49,11	6,14	0,75	73,44

Indivíduos - (INDIV); Altura da árvore (m) – ALT; Diâmetro à altura do peito (m) – DAP; Área de Copa (m²).

Na avaliação dos dados dendrométricos, observou-se para os indivíduos da população 2 maior média em altura (6,67m), sendo que nesta população apenas um indivíduo apresentou altura menor que 5 m e os demais variaram entre 5 e 9 m. Para as características DAP e área de copa, os indivíduos da população 5 se destacaram dos demais com valores de 0,75 e 73,44 m, respectivamente (Tabela 3).

Com relação ao extrativismo, as populações de pimenta rosa apresentaram-se bastante influenciadas pelas ações antrópicas (Figura 4). Para facilitar as coletas, os extrativistas forçam os galhos das árvores para baixo, o que facilita o alcance e a coleta,

porém modificam a estrutura das árvores, que muitas vezes terminam induzindo novos brotamentos. No entanto, esta ação pode levar a quebra daquele galho, além da retirada destes para outras finalidades.



FIGURA 4 - Indivíduos de *Schinus terebinthifolius* Raddi. em populações do Baixo curso do Rio São Francisco. (A) Corte dos galhos; (B) Brotações em galhos danificados. Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão-SE, 2009.

4.3 Parâmetros Genéticos

Na avaliação direta da estrutura genética das populações, com a análise do *bulk* de DNA populacional, observou-se que dos 20 oligonucleotídeos utilizados para o estudo da diversidade genética, foram gerados 146 locos (bandas polimórficas geradas com a amplificação), destes 54 (36,98%) foram polimórficos. Para a análise da diversidade genética dos indivíduos dentro de cada população, observou-se uma variação dos locos de 91 (Pop3) a 132 (Pop5), sendo que a porcentagem dos locos polimórficos variou de 50% (Pop4) a 60,60% (Pop5) (Tabela 4).

TABELA 4 - Resumo dos produtos de ampliações de DNA com marcadores RAPD em populações de *Schinus terebinthifolius* Raddi., em cinco populações do baixo São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

Populações	Nº Locos	Locos polimórficos (%)	Locos polimórficos
<i>Bulk</i>	146	36,98	54
Pop1	129	55,81	72
Pop2	95	52,63	53
Pop3	91	57,14	52
Pop4	112	50,00	56
Pop5	132	60,60	80

Na análise de *bootstrap* observou-se que o número de fragmentos polimórficos gerados foi suficiente para obter associação estável entre os indivíduos das populações amostradas, e, portanto, confiabilidade dos resultados encontrados. Silveira et al. (2003), analisando a estrutura genética de *Coffea arabica* L., avaliaram que 70 fragmentos foram suficientes para estabilizar os dendrogramas gerados nas análises. E segundo Torezan et al. (2005) analisando *Aspidosperma polyneuron* Muell. Arg. (Peroba-rosa) 50 fragmentos foram suficientes.

A partir dos 54 fragmentos polimórficos gerados na análise do *Bulk* populacional, foi estimada a matriz de similaridade genética pelo coeficiente de Jaccard, relacionando os pares de populações (Tabela 5).

TABELA 5 - Matriz de similaridade genética (%) estimada pelo coeficiente de Jaccard (abaixo da diagonal) entre populações (Pop) de *Schinus Terebinthifolius* Raddi. usando o programa NTSYS pc 2.0 e erro padrão, e distância espacial (Km) entre as populações (acima da diagonal). UFS, São Cristóvão-SE, 2009.

	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4	Pop5
Pop1		4,14	7,93	5,85	6,91
Pop2	29±0,06		3,34	2,00	2,20
Pop3	40±0,06	20±0,05		2,16	0,84
Pop4	54±0,06	22±0,05	44±0,06		1,35
Pop5	50±0,06	30±0,06	45±0,06	71±0,05	

A similaridade genética média entre as populações foi de 40,50%, variando de 80 (±0,05) a 29% (±0,06). O par de populações que apresentou índice menor de

similaridade genética foi a Pop 2 e 3, populações que distanciam entre si 3,34 Km e o maior índice de similaridade genética foi encontrado entre o par constituído pela Pop 4 e 5, que se distanciam em torno de 1,35 km.

Para a identificação do valor referência nos agrupamentos gerados, quais indivíduos são similares ou divergentes, obteve-se valor de linha de corte estimado de 83% (Figura 5). Com este valor se estabelece que todos os agrupamentos, que estão à direita deste valor são similares, e os obtidos à esquerda são divergente. Assim, para os dados encontrados nesta avaliação, todos estão à esquerda da referida linha, indicando que as populações estudadas possuem expressiva diversidade genética.

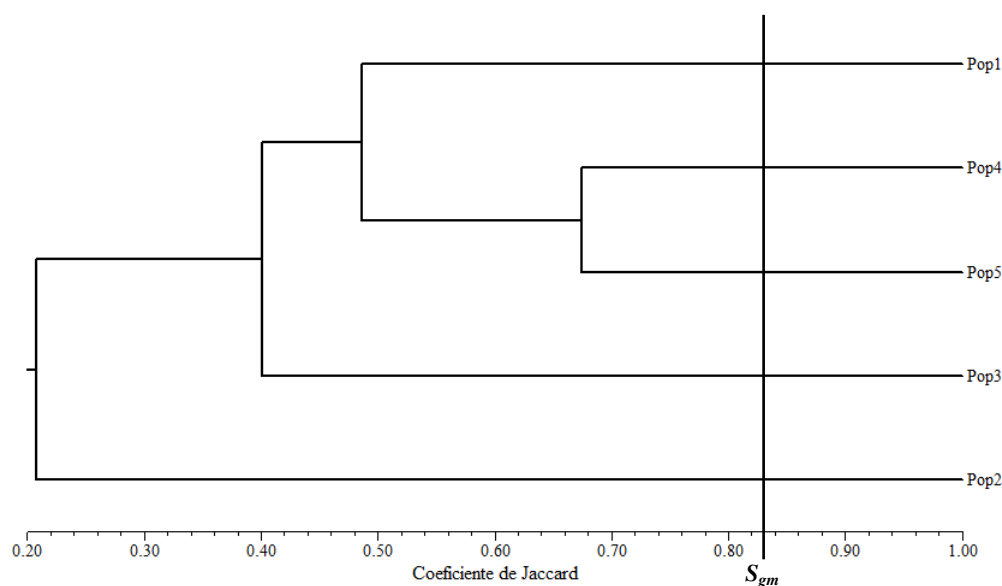


FIGURA 5 - Agrupamento de similaridades genéticas entre cinco populações de *Schinus terebinthifolius* Raddi. em área do baixo curso do Rio São Francisco, definido pelo critério de agrupamento UPGMA, com base na média dos índices de Jaccard. Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2009.

Para se conhecer melhor a diversidade distribuída dentro de cada população, analisou-se a similaridade de indivíduos para cada uma das cinco populações. Verificou-se que, dentro das populações a similaridade genética média variou de 46,91 a 54,88% (Tabela 6).

TABELA 6 – Estimativas de similaridade genética (*Sgm*) pelo coeficiente de Jaccard entre populações de *Schinus Terebinthifolius* Raddi. em área do baixo curso do Rio São Francisco, erro padrão e distância espacial (Km). UFS, São Cristóvão, 2009.

Populações		Pop 1		Pop 2		Pop 3		Pop 4		Pop 5	
Parâmetros		Dist Km	Dist Km	Dist Km	Dist Km	Dist Km	Dist Km	Dist Km	Dist Km	Dist Km	
Sim	Mín	26,19	22,0	12,12	0,14	27,77	0,05	24,13	5,91	34,84	3,12
	Máx	80,85	0,11	82,35	0,05	77,50	0,24	78,72	8,70	71,92	0,77
Sim	Média	50,93	-	50,09	-	54,88	-	46,91	-	50,67	-
	erro	0,06	-	0,06	-	0,06	-	0,06	-	0,05	-
	<i>Sgm</i>	0,85	-	0,82	-	0,82	-	0,83	-	0,85	-

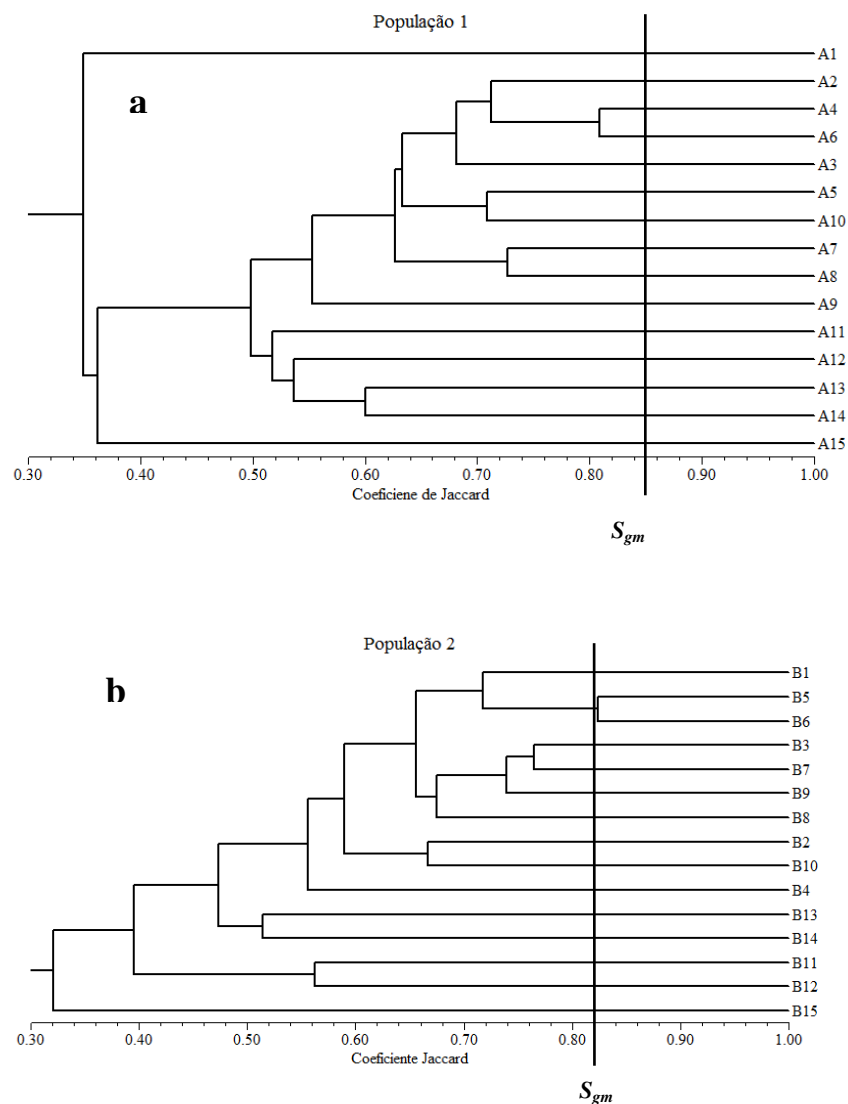
Sim.-Similaridade; Mín- Mínima; Máx- Máxima; *Sgm* - valor máximo significativo de similaridade.

Para a população 3 observou-se maior similaridade genética média, de 54,88%. Nesta população estimou-se o maior valor de similaridade encontrado, que foi identificado entre os indivíduos 1 e 15 (77,5%), que estão distantes entre si em 0,24 Km. Menor entre os indivíduos 4 e 6 (27,77%), com a distância espacial de 0,05 Km.

Assim, cuidados especiais devem ser tomados quando se refere a utilização da similaridade genética e distância espacial como indicador de sustentabilidade, pois apesar de espaço mínimo recomendado para coleta de sementes de árvores-matriz ser de 50 a 100 m, para assegurar a amostragem da variabilidade genética (KAGEYAMA e GANDARA, 1999), em programas de conservação e/ou recuperação de áreas, esse parâmetro se torna bastante delicado, uma vez que, em áreas que apresentam poucos indivíduos se torna difícil a utilização desse padrão. Fato confirmado por Santana et al. (2008), estudando *Enterolobium contortisiliquum* Vell. Morong (tamboril), localizados em área de mata ciliar na região do Baixo Rio São Francisco que, confrontando os dados obtidos na avaliação da diversidade genética com a localização dos indivíduos na área de estudo, constataram moderada a alta divergência genética entre indivíduos, pois cerca de 54% de distância genética foi apresentada por indivíduos localizados a aproximadamente 40 m de distância geográfica; e, 33% de diversidade genética entre indivíduos que se distanciam geograficamente mais de 110 m. Dessa forma observa-se uma diversidade relativamente alta, porém com indivíduos mais próximos geograficamente.

Ao se considerar a similaridade genética, como indicador de sustentabilidade para o estado da área em estudo, observou-se um índice significativo para a conservação da biodiversidade, pois os valores médios encontrados variaram 46,91 a 54,88% contribui para a diferenciação entre populações. Porém ao considerar a similaridade genética dentro das populações, estas apresentaram índices de similaridade entre os indivíduos mais elevadas e uma maior amplitude (Tabela 6).

Na população 2 observou-se menores e maiores índices de similaridade genética. A amplitude dessa população foi de 12,12 a 82,35%, sendo esta a única população que apresentou indivíduos considerados similares em relação ao valor de referência aos agrupamentos gerados, pois a linha de corte (S_{gm}) obtido na referida população foi 82%, assim o par de indivíduos 5 e 6 ficou a direita da linha por apresentar similaridade genética de 82,35 (Figura 6b). Esta informação auxilia na tomada de decisão na definição de estratégias para conservação e planejamento de recuperação da degradação da área.



(Continua)

Figura 6. Cont

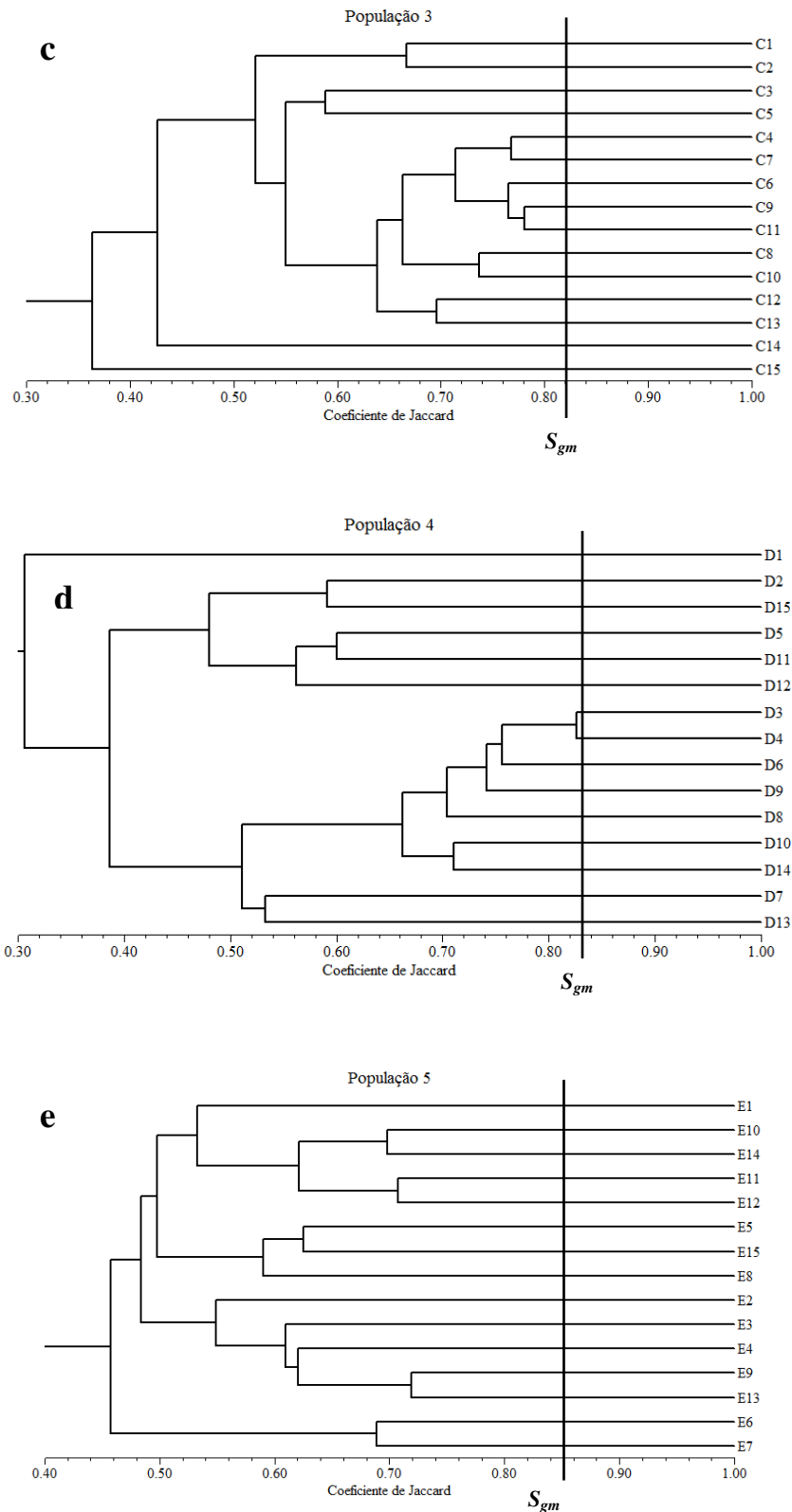


FIGURA 6. Estimativa da similaridade genética entre indivíduos de cinco populações de *Schinus terebinthifolius* Raddi. em área do baixo curso do Rio São Francisco, definido pelo critério de agrupamento UPGMA, com base na média obtidas com o Índice de Jaccard. Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão-SE, 2009.

Assim, com a avaliação da similaridade genética pode-se inferir e sugerir a utilização deste parâmetro como indicador relacionado ao impacto/efeito. Este parâmetro possibilita o conhecimento de quais indivíduos apresentam-se mais similares geneticamente, possibilitando a tomada de decisão de quais pares de indivíduos devem ser amostrados. Cabe salientar que o indicado seria coletar sementes de todos os indivíduos, no entanto, nem sempre se encontra todos os indivíduos em estado de frutificação, tendo o amostrador que optar por selecionar as matrizes mais divergentes. Este conhecimento permite que indivíduos mais divergentes e ativos para coleta de sementes, sejam amostrados garantindo a manutenção da diversidade genética, o que corrobora para que este parâmetro seja usado como um indicador, pois a disponibilidade de matrizes produtoras de sementes é extremamente importante para subsidiar programas de restauração e/ou recuperação de áreas degradadas.

Somando-se aos resultados de similaridade genética, observou-se para a população 2 menor valor de estimativa do número de alelos, além destes apresentarem menor número de alelos efetivos dentro da população, o que implica em uma menor estimativa da diversidade genética pelo método de Nei (Tabela 7), quando comparada as outras populações.

TABELA 7 – Estimativa de parâmetros genéticos populacionais utilizando marcadores RAPD, para indivíduos de *Schinus terebinthifolius* Raddi., em 5 populações (Pop) do baixo curso do Rio São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

Populações	Pop 1		Pop 2		Pop 3		Pop 4		Pop 5		Todas as populações	
	Média	s	Média	s	Média	s	Média	s	Média	s	Média	S
<i>na</i>	1,45	0,49	1,32	0,47	1,32	0,47	1,34	0,47	1,49	0,50	1,99	0,07
<i>ne</i>	1,25	0,35	1,19	0,34	1,22	0,36	1,19	0,32	1,33	0,37	1,66	0,28
<i>He</i>	0,14	0,19	0,10	0,18	0,12	0,19	0,11	0,18	0,19	0,20	0,37	0,12
<i>P%</i>	45,34	-	32,92	-	32,92	-	34,78	-	40,69	-	-	-
<i>I</i>	0,22	0,27	0,16	0,26	0,18	0,27	0,17	0,26	0,28	0,29	0,55	0,14

na: número de alelos observados; *ne*: número efetivo de alelos; *He*: diversidade gênica de Nei; *P%*: porcentagem de locos polimórficos *s*: desvio padrão; *I*: índice de Shannon

A média da diversidade genética de Nei (*He*) observada nas populações de pimenta rosa foi de 0,37, sendo valores próximos a estes encontrados em trabalhos realizados com esse tipo de marcador. Zimback et al. (2004), trabalhando com populações de *Trichilia pallida* Swartz localizadas na Reserva de Santa Genebra e na Estação Ecológica de Caetetus, em Gália, obteve *He* média de 0,33. Freire et al. (2007) trabalhando com populações de *Schizolobium parahyba* sendo encontradas em unidades de conservação, bordas de florestas, pastos, bananais e em alguns casos, em

remanescentes de vegetação inseridos em área urbana (Paraty), no estudo obteve He 0,36.

Considerando o caráter de dominância dos marcadores de RAPD e a estimativa desses índices sendo realizada por estimativas (FREIRE et al, 2007), os resultados obtidos apresentam-se dentro do nível encontrado para as diversas espécies analisados com marcadores codominantes, como em *Aspidosperma polyneuron*, $He=0,24$ (MALTEZ, 1997), população localizada na Estação Ecológica dos Caetetus, administrada pelo Instituto Floresta de São Paulo, *Cedrela fissilis* $He=0,24$ (GANDARA, 1996), situada na Área de Proteção Ambiental da Serra do Mar e está ligada a três unidades de conservação, *Trema micrantha* $He=0,381$ (RIBAS, 2004) e *Cecropia pachystachia* $He=0,345$ (RIBAS, 2003).

A estimativa de locos polimórficos para as populações de pimenta rosa variou de 32,92% (Pop2 e Pop3) a 45,34% (Pop1) (Tabela 7). Sebbenn (1997) e Maltez (1997) em trabalho realizado com *G. americana* e *Aspidosperma polyneuron* respectivamente, encontraram valores de 50% para ambas as populações, e consideram alto polimorfismo, o que indica que as populações ainda não se apresentam em fase isolamento.

Para o índice de Shannon, os valores obtidos para as populações de pimenta rosa permitem inferências de uma baixa diversidade genética dentro de cada população analisada (Tabela 7), uma vez que o referido índice varia de 0 a 1, e quanto mais próximo de zero, mais baixa é a diversidade genética (ESTOPA et al., 2006).

Na análise da estrutura genética das populações observou-se que os valores de heterozigidade total (H_T) foi de 0,379 (Tabela 8), o que indica alto índice de locos polimórficos, sendo estes valores, superiores aos observados para espécies nativas arbóreas (0,22) (NYBOM, 2004).

TABELA 8 – Estimativa de parâmetros genéticos populacionais de *Schinus terebinthifolius* Raddi., em 5 populações em área do baixo curso do Rio São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

	H_T	H_S	D_{ST}	G_{ST}	N_m
Média	0,379	0,137	0,242	0,636	0,28
Desvio padrão	0,015	0,014	-	-	-

H_T : heterozigidade total; H_S : heterozigidade média dentro de populações; D_{ST} : diversidade gênica entre populações; G_{ST} : Coeficiente diversidade gênica entre populações; N_m : Fluxo gênico

A perda de heterozigidade pode reduzir o valor adaptativo individual, diminuindo a viabilidade da população remanescente, o que culmina com a extinção da

espécie. Assim este parâmetro funciona como indicador de impacto/efeito, sendo a variação deste de -1,0 a +1,0.

A distribuição da variabilidade genética entre as populações (D_{ST}) de *Schinus terebinthifolius* foi de 0,242 e o coeficiente de diversidade genética entre populações foi (G_{ST}) 0,636 (Tabela 8). Com este valor de G_{ST} infere-se que a variabilidade entre as populações, contribui com 63,6% da heterozigosidade total, sendo 36,4% a variabilidade distribuída dentro das populações. Estudos realizados em diversas espécies, baseados em marcadores RAPD e locos isoenzimáticos têm estimado valores que variam de 0,05 a 0,34 de divergência genética (G_{ST}) entre populações de *Trichilia pallida* Swartz (ZIMBACK et al, 2004). Uma estimativa de G_{ST} de 0,151 a 0,250 representa um alto nível de diferenciação (YEH, 2000), assim o índice de G_{ST} entre as populações de pimenta rosa foi considerado um índice muito elevado de divergência genética entre as populações.

O resultado de divergência genética encontrado no presente trabalho diferiu dos padrões observados para outras espécies arbóreas tropicais de fecundação cruzada, onde a maior proporção da variabilidade genética encontra-se dentro das populações (NYBOM, 2004; APTE, 2006), ao se considerar a alogamia e o caráter pioneiro da espécie. Para as populações aqui consideradas de pimenta rosa, observou-se valores divergentes destes anteriormente apresentados. A estimativa média de fluxo gênico nas populações analisadas foi abaixo do valor esperado (0,28) (Tabela 8), condizente com a alta diferenciação genética entre os fragmentos.

Assim, considerando as populações além de apresentarem baixa diversidade dentro das populações, em parte conseqüente da baixa heterozigosidade, pode-se sugerir que as mesmas estão isoladas geneticamente, ou seja, não ligadas pela ocorrência de corredores e de fluxo gênico. Esta observação contribui para promoção de deriva genética e endogamia, tornando-se necessário a implementação de estratégias de conservação das populações, uma vez que, valores de Nm menores do que 1 correspondem a ocorrência de isolamento genético (WRIGHT, 1930).

Para evitar os efeitos da endogamia e reverter os efeitos da deriva genética é necessária a manutenção de 1 a 10 migrantes por gerações entre fragmentos (WANG, 2004). Segundo Slatkin (1987), quando o fluxo gênico entre populações excede quatro migrantes por geração, ocorre a homogenização dos alelos entre estas, que funcionam como população panmítica. Fato confirmando por Estopa et al. (2006) que em estudo com populações de *Eremanthus erthropappus* (candeia), a estimativa de fluxo gênico

(3,38) não demonstrou ser suficiente para contrapor os efeitos da deriva genética, devido a distância existentes entre as mesmas, que era de 1.260 m.

Um fator que contribui para esse isolamento e baixo fluxo gênico das populações de pimenta rosa são as barreiras físicas existentes entre essas populações, pois além da distância entre elas, a condição de ilhas circundadas pelo Rio São Francisco inviabiliza a troca de genes entre essas populações.

O conhecimento da diversidade genética entre as populações e fluxo gênico funciona como um importante indicador de impacto/efeito (Figura 7), uma vez que a mensuração destes indica o nível de heterozigosidade, isolamento genético, a prevenção da diferenciação devido à deriva genética e alterações na produtividade.

Com a análise do baixo fluxo gênico da população pode-se propor mais um indicador, a perda de alelos (n/loco gênico), devido a presença da deriva genética na população (Figura 7).

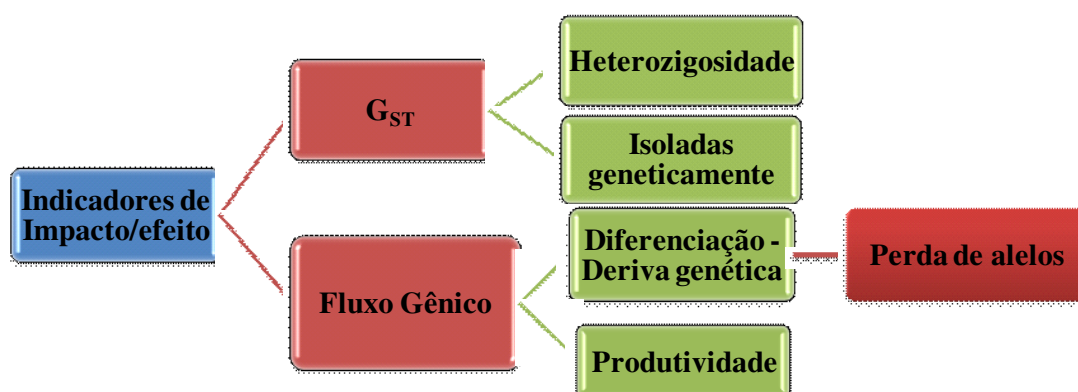


FIGURA 7: Fluxograma de indicadores de impacto/efeito com base nos parâmetros genéticos populacionais de *Schinus terebinthifolius* Raddi., em 5 populações do baixo curso do Rio São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

O número de trabalhos de pesquisa e publicações também pode ser sugerido como um indicador. Apesar do número reduzido de estudos sobre a diversidade genética de espécies nativas no Estado de Sergipe, alguns trabalhos têm desempenhado funções importantes na definição de estratégias de conservação das áreas e podem ser sugeridos como importantes indicadores de resposta (Figura 8).

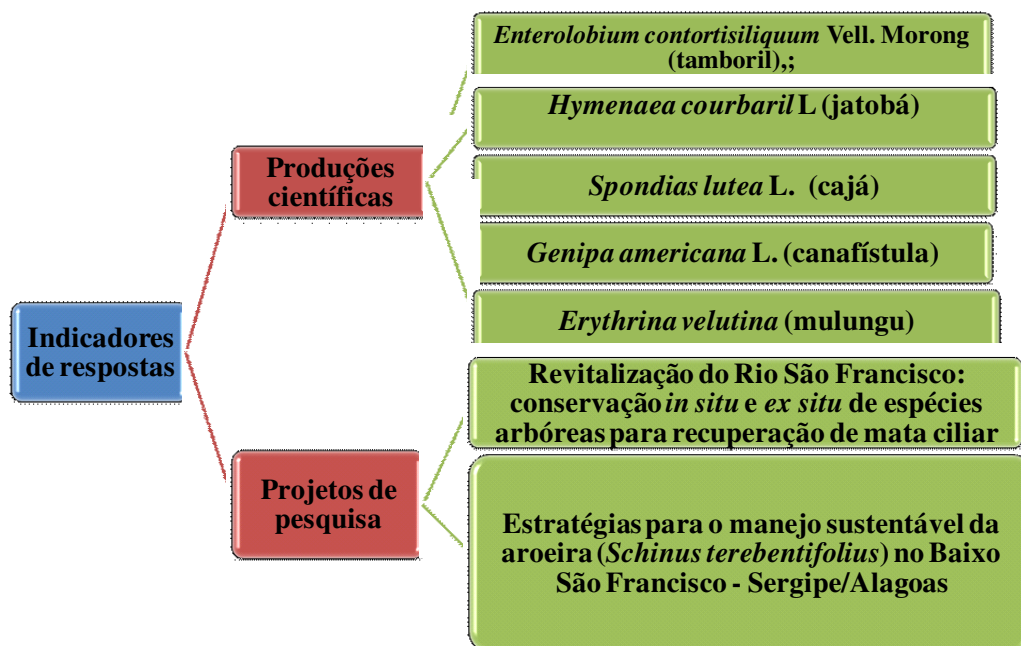


FIGURA 8 - Fluxograma de indicadores de resposta às ações desenvolvidas na região do baixo curso do Rio São Francisco relacionadas a perda de biodiversidade. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

A avaliação da existência destes estudos resultam na existência de publicações, ou seja produções científicas (Figura 8), que têm sido feitas na forma de artigos e monografias. Os trabalhos citados tinham como objetivo a identificação da diversidade genética em espécies nativas em área do baixo curso do Rio São Francisco. Destaca-se entre estes, os trabalhos obtidos para indivíduos de *Enterolobium contortisiliquum* Vell. Morong (tamboril) (SANTANA et al., 2008), *Hymenaea courbaril* L.) var. *stilbocarpa* (Hayne) Lee Et Lang. (jatobá) (MELO, 2006), *Erythrina velutina* (mulungu) (AZEVEDO, 2008), *Genipa Americana* L (jenipapo) (SANTOS, 2006) e *Spondias lutea* L. (cajá) (GOIS, 2006).

Outro indicador é o número de projetos realizados ou em andamento na área, com a mesma natureza, ou seja avaliando a biodiversidade. Os projetos de pesquisa intitulados “Revitalização do Rio São Francisco: conservação *in situ* e *ex situ* de espécies arbóreas para recuperação de mata ciliar”; e “Estratégias para o manejo sustentável da aroeira (*Schinus terebinthifolius*) no Baixo São Francisco - Sergipe/Alagoas” são potenciais indicadores para avaliação da conservação da área e da sustentabilidade destes ecossistemas.

No início dos trabalhos de recuperação realizados na área em estudo, existia falta de informações genéticas sobre as espécies ali existentes, o que pode ter limitado a implantação de ações de recuperação usando parâmetros genéticos populacionais. No

entanto, os dados que foram obtidos permitiram a criação de banco de dados para as espécies, que têm funcionado como indicador potencial de resposta às atividades desenvolvidas no Estado (Figura 9). Sendo uma dessas atividades, a recuperação de áreas degradadas, que tem funcionado como um bom indicador de resposta à preservação do meio ambiente.

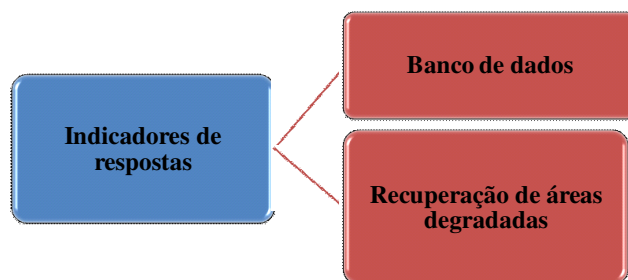


FIGURA 9 - Fluxograma de indicadores de resposta às ações desenvolvidas na região do baixo curso do Rio São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

Além deste, o conhecimento do estado em que se encontra a estrutura genética das populações de pimenta rosa na área, podem ser indicadores de respostas visando à conservação *in situ* (Figura 10), enfatiza-se que esta conservação predispõe as espécies a uma evolução contínua e manutenção da sua sustentabilidade ao longo do tempo.

Os indivíduos obtidos por meio de sementes germinadas em mudas que poderão compor conjunto de acessos em bancos de sementes/germoplasma também é um indicador resposta (Figura 10).

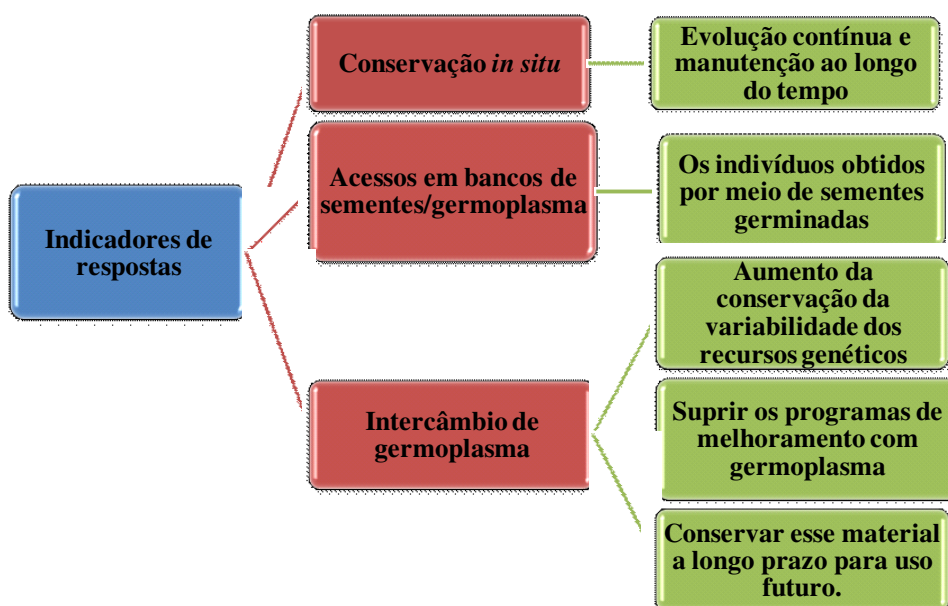


FIGURA 10 - Fluxograma de indicadores de resposta às ações desenvolvidas na região do baixo curso do Rio São Francisco. São Cristóvão-SE, UFS, 2009.

Soma-se ao anteriormente citado, o intercâmbio de germoplasma, que permite um aumento da conservação da variabilidade dos recursos genéticos, de forma a suprir os programas de melhoramento com germoplasma necessário para o desenvolvimento de novas variedades, além de conservar esse material em longo prazo para uso futuro.

O estudo realizado nesta dissertação é pioneiro, não pela avaliação dos parâmetros genéticos, mas sim pela forma como foram empregados, ou seja, como indicadores.

Tais parâmetros poderão ser empregados para definição de políticas públicas regionais e nacionais, e ainda poderão servir para monitoramento às ações de revitalização propostas para o Rio São Francisco.

5. CONCLUSÃO

O número reduzido de indivíduos na margem alagoana indica a necessidade de estabelecimento estratégias de conservação da espécie.

Em todas as populações, devido o extrativismo dos frutos, existe modificações nas características dendrométricas dos indivíduos.

As populações de pimenta rosa encontram-se isoladas geneticamente, o que pode contribuir para a perda de alelos, endogamia e culminar com deriva genética.

Sugere-se a introdução de novos indivíduos nas populações visando à inclusão de novos genes, contribuindo-se para se evitar a perda de alelos e desequilíbrio da estabilidade da estrutura genética no longo prazo.

Com análise da diversidade e estrutura genética das populações de pimenta rosa os parâmetros genéticos populacionais podem ser sugeridos como indicadores potenciais para o monitoramento de populações naturais que sofrem grande ação extrativista e, portanto, antrópica.

A avaliação e monitoramento dos indicadores propostos possibilitam mecanismos de tomada de decisão visando um desenvolvimento sustentável do ecossistema com a manutenção da dinâmica contínua de populações naturais, além de subsidiar políticas públicas.

Os parâmetros genéticos populacionais sugerem a necessidade emergente de um plano de manejo para as populações analisadas visando à conservação da espécie na região, uma vez que o extrativismo sem o plano de manejo tende ao declínio genético das populações remanescentes.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

APTE, G. S.; BAHULIKAR, R. A.; KULKARNI, R. S.; LAGU, M. D.; KULKARNI, B. G.; SURESH, H. S.; RAO, P. S. N.; GUPTA, V. S. Genetic diversity analysis in *Gaultheria fragrantissima* Wall. (Ericaceae) from the two biodiversity hotspots in India using ISSR markers. **Current Science**, Bangalore, v. 91, n.12, 2006.

AZEVEDO, R. M. **Caracterização molecular e bioquímica de indivíduos de *Erythrina velutina* WILLD.** 2009. 44p. Monografia (Graduação). Universidade Federal de Sergipe – UFS.

AZEVEDO, S. K. S.; SILVA, I. M.; Plantas medicinais e de uso religioso comercializadas em mercados e feiras livres no Rio de Janeiro, RJ, Brasil. **Acta botanica brasílica** 20(1): 185-194. 2006.

BARBOSA, F. B. C. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**. Brasília, v.18, n.2, p.69-94, maio/ago 2001.

BARREIRA, S. **Diversidade genética em populações naturais de *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish como base para o manejo Florestal**. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), 2005. 61p. Tese Doutorado.

BORBA, V.S. **Marcadores Moleculares Classificação e Aplicações**. Disponível em: <<http://www.ufv.br/dbg/trab2002/GMOL/GMOL005.htm>>. Acesso em 02 de out. de 2006.

BOTREL, M. C. G.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D; PINTO, S. I. C. MOURA, M. C. O.; ESTOPA, R. A. Caracterização genética de *Calophyllum brasiliense* Camb. em duas populações de mata ciliar. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.30, n.5, p.821-827, 2006.

BRANDÃO, M. M. **Diversidade genética de *Myrcia splendens* (SW.) DC. (Myrtaceae) por marcadores de ISSR em sistema corredor-fragmento semidecíduais no sul de Minas Gerais**. Universidade Federal de Lavras (UFLA), 2008. 80p. Dissertação Mestrado

CARTHEW, S.M. Population genetic structure of *Banksia spinulosa*. **Heredity**, London.v.70 n.6, p.566-573, 1993.

CASTANHEIRA, A.L.M. **Marcadores RAPD na avaliação do potencial de métodos de condução de população segregante de feijão**. 2001. 76p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.

CI/Brasil. Conservação Internacional: **Hotspots as regiões biologicamente mais ricas e ameaçadas do planeta**.

Disponível<http://www.conservacao.org/publicacoes/files/capa_hotspots.pdf>. Acessado em 1 de dezembro de 2007.

CONSELHO NACIONAL DO MEIO AMBIENTE - **CONAMA**. Resolução Conama lei nº4.771, de 15 de setembro de 1965.

(Publicado eletronicamente e acessível como: www.mma.conama.gov.br/conama).

CRUZ, C. D. **Genes versão 98.2.0**: Programa para análise e processamento de dados baseado em modelos de genética e estatística experimental. Viçosa, MG: UFV, 2006.

DANTAS, A. C. M.; NODARI, R. O.. **Marcadores Genéticos**. Parte 2, FDGV/CCA.UFSC. Disponível em <www.cca.ufsc.br/dfito/labs> Acesso em 21 de fevereiro de 2006.

ESTOPA, R. A.; SOUZA, M. S.; MOURA, M. C. O.; BOTREL, M. C. G.; MENDONÇA, E. G.; CARVALHO, D. Diversidade genética em população natural de candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC) MacLeish). **Scientia Florestalis**. n.70, p.97-106, abril 2006.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPLAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: EMPRAPA-CENARGEN, 1998, 220p.

FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. A.; SEBBENN, A.M.; MORAES, M. L. T.; LEMOS, E.G.M. Variabilidade genética intrapopulacional em *Myracrodum urundeuva* Fr. All. por marcadores dos AFLP. **Scientia Florestalis**. n 68, p. 21-28, ago, 2005.

FREIRE, J. M.; PIÑA-RODRIGUES, F.C. M.; LIMA, E. R.; SODRÉ, C. R. S.; CORRÊA, R.X. Estrutura genética de populações de *Schizolobium parahyba* (Vell.) Blake (guapuruvu) por meio de marcadores RAPD. **Scientia Florestalis**. n. 74, p. 27-35, junho 2007

FUTUYMA, D. J. **Biologia evolutiva**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 631p.

GANDARA, F. B.; CASTELLEN, M.; PERECEIM, M. B.; VENCOVCKY, R. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis**. N 64, p. 93-1007, dez, 2003

GANDARA, F. B. **Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de Cedrela fissilis Vell. (Meliaceae)**. Universidade de Campinas, Campinas, SP, 1996, 96p, Dissertação Mestrado.

GANDARA, F. B.; KAGEYAMA, P. Y. Indicadores de sustentabilidade de florestas naturais. **IPEF**, Piracicaba, v. 12, n. 31, p. 79-84, abr., 1998.

GLAUBITZ, J. C.; MORAN, G. F. Genetic tools. In: YOUNG, A.; BOYLE, T.; BOSHIER, D. (Ed.). **Forest conservation genetics**. Melbourne: CSIRO Publishing, 2000. p.39-59.

GOIS, I. B. **Diversidade Genética de *Spondias lutea* L., por meio de marcadores moleculares, procedentes do Baixo São Francisco sergipano**. 2007. Monografia (Graduação em Engenharia Florestal). Universidade Federal de Sergipe – UFS.

GOMES, M. D. G.; GÓIS, S. N.; SILVA, C. M.; GOMES, L. J. Extrativismo e comercialização da aroeira (*Schinus terebinthifolius* Raddi.) na região do Baixo São Francisco. XLIII Congresso da Sociedade Brasileira de Economia e Sociologia Rural. **CD Room**, Ribeirão Preto/SP, julho, 2005.

GOMES, L. J. Extrativismo e biodiversidade: o caso da fava-d'anta. **Ciência Hoje**. vol. 27 .n. 161 2000 p. 66-69.

GUIMARÃES, M. F. R. D. **Construção de indicadores ambientais para o estudo da erosão marginal do baixo são Francisco**. Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão, 2004. Dissertação Mestrado.

GUSSON, E. **Uso e diversidade genética em populações naturais de biriba (*Eschweilera ovata*[cambess.] Meiers): subsídios ao manejo e conservação da espécie**. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ). 2003, 91p. Dissertação Mestrado.

HOMMA, A. K. O. **Extrativismo vegetal na Amazônia: limites e oportunidades**. Brasília: EMBRAPA - SPI, Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Oriental, 1993. 201p.

HIGHT, S. D.;CUDA, J.P.;MEDAL, J. C. Brazilian Peppertree; In: Van Driesche, R., *et al.*, **Biological Control of Invasive Plants in the Eastern United States**, USDA Forest Service Publication FHTET-2002-04, 413 p.

KAGEYAMA, P.Y. Conservação *in situ* de recursos genéticos de plantas. **IPEF**, n.35, p.7-37, 1987.

KAGEYAMA, P Y; GANDARA, F B. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série Técnica IPEF**. v. 12, n. 32, p. 65-70, dez. 1998.

KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B. Restauração, conservação genética e produção de sementes. In: SIMPÓSIO MATACILAR: CIÊNCIA E TECNOLOGIA, Belo Horizonte. **Anais...** Lavras: Universidade Federal de Lavras, 1999. p.59-68.1999.

KAGEYAMA, P Y.; SEBBENN, A. M.; RIBAS, L. A.; GANDARA, F. B.; CASTELLEN, M, PERECIM, M. B.; VENCOVSKY, R. Diversidade genética em espécies tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis** 64:93-107. 2003

LENZI, M.; ORTH, A. I. Caracterização funcional do sistema reprodutivo da aroeira varmelha (*Schinus terebinthifolius* Raddi), Florianópolis-SC, Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 26, n. 2, p. 198-201, Agosto 2004a.

LENZI, M.; ORTH, A. I. Fenologia reprodutiva, morfologia e biologia floral de *Schinus terebinthifolius* Raddi (Anacardeaceae), em restinga da Ilha de Santa Catarina, Brasil. **Biotemas**, 17 (2): 67-89, 2004b.

- LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. v. 1, 2 ed., Nova Odessa: Editora Plantarum, 1998, 177 p.
- MARANGON, M.; PRESZNHUK, R.; SORDI, R. F.; AGUDELO, L. P. P. Indicadores de sustentabilidade como instrumento para avaliação de comunidades em crise: aplicação à comunidade de serra negra. **Revista Educação & Tecnologia**. Periódico técnico científico dos programas de pós-graduação em tecnologia dos CEFETs-PR/MG/RJ. v. 8, setembro 2004.
- MALTEZ, H.M. **Estrutura genética de *Aspidosperma polyneuron* Muell. Arg. - Apocynaceae (peroba rosa) em uma floresta estacional semidecídua no estado de São Paulo**. 1997. 132p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1997.
- MARTINS, P. S., Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação "in situ". **IPEF**, n.35, p.71-78, abr.1987 Piracicaba, SP.
- McDERMOTT J. M.E; McDONALD, B. A. Gene flow in plant pathosystems. **Annual Review Phytopathology**, Palo Alto, v. 31, p 353-373, 1993.
- MELO, M. F. V. **Diversidade genética de jatobá (*Hymenaea courbaril* L.) var. *stilbocarpa* (HAYNE) LEE ET LANG. no baixo São Francisco, Sergipe**. 2007. 28p. Monografia (Graduação em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Sergipe-UFS.
- MELO JÚNIOR, A. F.; CARVALHO, D.; PÓVOA, J. S. R.; BEARZOTI E. Estrutura genética de populações naturais de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) **Scientia Forestalis**. Piracicaba. n. 66, p.56-65, dez. 2004.
- MOPEC. **A Mata Atlântica no Estado de Sergipe**. Disponível em <<http://mopec.no.sapo.pt/mata.htm>>, acessado em 15 de maio de 2008.
- MOURA, N. F.; CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; ZUCCHI, M. I.; PINHEIRO, J. B.; MORAIS, L. K.; MOURA, M. F. Seleção de marcadores rapd para o estudo da estrutura genética de populações de *Hancornia speciosa* Gomez. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.21, n.3, p.119-125, set/dez.2005.
- NASON, J. D.; ALDRICH, P. R.; HAMRICK, J.L. Dispersal and the dynamics of genetic structure in fragmented tropical tree populations. In LAURENCE, W. F. E; BIERREGAARD JR., R.O. (Ed). **Tropical forest remnants: ecology, management, and conservation of fragmented communities**. Chicago: University of Chicago Press, 1997. p. 304-320.
- NEI, M. **Molecular evolutionary genetics**. New York: Columbia University Press, 1978. 512p.
- NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.70. p.3321-3223,1973.

- NIENHUIS, J., SKROCH J. T. and P. Genetic relationships among cultivars and lines of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 120, n. 2, p. 300-306, 1995.
- NYBOM, H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. **Molecular Ecology**, Dordrecht, v. 13, p 1143-1155, 2004.
- POGGIANI, F.; STAPE, J. L.; GONÇALVES, J. L. M. Indicadores de sustentabilidade das plantações florestais. **IPEF**, Piracicaba v. 12, n. 31, p. 33-44, abr., 1998.
- PÓVOA, J. S. R. **Distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* Vell., em fragmentos florestais, no sul de Minas gerais por meio de isoenzimas**. Universidade Federal de Lavras (UFLA), 2002, 95p. Dissertação Mestrado.
- PRIMACK, R. B.; EFRAIM, R. **Biologia da conservação**. Londrina, 2001. 327p.
- RIBAS, L. A.; KAGEYAMA, P. Y. Diversidade e estrutura genética e populações naturais de *Trema micrantha* Trec. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.66, p. 1-20, 2004 trema
- RIBAS, L. A. **Diversidade genética e sistema de cruzamento em populações naturais de duas espécies pioneiras arbóreas**. 2003. 103p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.
- ROHLF, F.J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York. Version 2.1. 2001.
- SALLA, M. F. S.; RUAS, C. F.; RUAS, P. M.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V. Uso de marcadores moleculares na análise da variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* D.C.). **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal, v.24, n.1, p.15-22, abr. 2002. ISSN 0100-2945.
- SANTANA, G. DA C.; SILVA MANN, R., FERREIRA; R. A., GOIS, I. B; OLIVEIRA; A. DOS S., BOARI, A. DE J; CARVALHO, S. V. A. Diversidade genética de *enterolobium contortisiliquum* (vell.) morong. no baixo Rio São Francisco, por meio de marcadores RAPD. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.32, n.3, p.427-433, 2008.
- SANTOS, A. R. F. **Variabilidade genética de jenipapo (*Genipa americana* L.) em área de mata ciliar do Baixo São Francisco, visando à produção de sementes**. 2007. Monografia. (Graduação em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Sergipe-UFS.
- SEBBENN, A. M. **Estrutura genética de subpopulações de *Genipa americana* L. (Rubiaceae) em mata ciliar a partir de isoenzimas**. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP,1997, 107p, Dissertação Mestrado

SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Efeitos da fragmentação florestal na estrutura genética de populações de *Esenbeckia leiocarpa* Engl. (Guarantã). **Scientia Forestalis**, n. 57, p. 123-139, jun. 2000.

SILVEIRA, S.; RUAS, P. M.; RUAS, C. de F.; SERA, T.; CARVALHO, V. de P.; COELHO, A. S. G. Assessment of genetic variability within and among coffee progenies and cultivars using RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, 26, 3, p.329-336, 2003.

SILVA, C. M.; KARASAWA, M. M. G.; VENCOSKY, R.; VEASEY, E. A. Elevada diversidade genética interpopulacional em *Oryza glumaepatula* Steud. (Poaceae) avaliada com microssatélites. **Biota Neotropica**. v.7, n.2, p.165-171,2007.

SKORUPA, Ladislau Araújo. Áreas de Preservação Permanente e Desenvolvimento Sustentável. **Embrapa**, dezembro 2003. Disponível em: www.agencia.cnptia.embrapa.br/recursos. acessado em 04 de junho de 2009.

SNUC - **Sistema Nacional de Unidades de Conservação** .LEI No 9.985, de 18 de julho de 2000.

SOUZA, L. M. F. I.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Estrutura genética em populações fragmentadas de *Chorisia speciosa* St. Hil (Bombacaceae). **Scientia Forestalis**, n. 65, p. 70-79, jun. 2004

SLATKIN, M. The Average Number of Sites Separating DNA Sequences Drawn from a Subdivided Population. **Theoretical Population Biology**, n. 32, p. 42-49, 1987.

TOREZAN, J. M. D.; SOUZA, R. F.; RUAS, P. M.; RUAS, C. de F.; CAMARGO, E. H.; VANZELA, A. L. L. Genetic Variability of Pre and Post-Fragmentation Cohorts of *Aspidosperma polyneuron* Muell. Arg. (Apocynaceae). **Brazilian Biology and Technology**. Vol.48, n. 2 : p. 171-180, 2005

VASCONCELOS, G. M. P. **Diversidade genética de Myrciaria floribunda (West ex Willdenow) Berg (Cambuí) em paisagem fragmentada da Serra da Mantiqueira-MG**. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), 2002. 77p. Dissertação Mestrado.

WADT, L. H. O.; **Estrutura genética de populações naturais de pimenta longa (*Piper hispidinervum* C.DC.) visando seu uso e conservação**. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), 2001, 95 p, Tese Doutorado.

WARG, M.; DICK, C. W.; GRIBEL, R.; LEMES, M; CARON, H.; LOWE, A. J. To self, or not selfy: a review of outcrossing and pollen-mediated gene flow in neotropical trees. **Heredity**, London, v. 95, n. 4, p. 246-254, Oct. 2005.

WILLIAMS, J. G.K.; KUBELIK A. R., LIVAK; K. J.; RAFALSKI, J.; TINGEY, S. V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, vol. 18, No. 22, 1990.

WINDOGARD, M. Marco conceptual para el desarrollo y uso de Indicadores Ambientales y de sustentabilidad para la tomada de decisiones en Latinoamérica y el Caribe. **PNUMA-CIAT**, México, 1996.

WRIGHT, S. Evolution in Mendelian population. **Genetics**, v. 16, p.97-159, 1930.

WRIGHT, S. Isolation by distance. **Genetics**, v.28, p.114-138, 1943.

YEH, R.C; YANG, R. C; BOYLE, T. POPGENE. Version 1.21: **Software Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis**. Edmonton: University of Alberta, 1997.

YEH, F.C. Population genetics. *In: Forest conservation genetics: principles and practice*. A.Young, D. Boshier & T.Boyle (eds.). pp. 21-37. Collingwood: CSIRO Publishing 2000.

ZIMBACK, L; MORI, E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; VEIGA, R. F. A.; MELLO JUNIOR, J. R. S. Estrutura genética de populações de *Trichilia pallida* Swartz (Meliaceae) por marcadores RAPD. **Scientia Forestalis**, n.65, p. 114-119, 2004.

ZUCCHI, M. I. **Análise da estrutura genética da *Eugenia dysenterica* DC utilizando marcadores RAPD e SSR**. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), 2002, 130p. Tese Doutorado.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)