

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Diversidade genética, sistema de reprodução, estrutura
genética espacial e fluxo gênico em *Tabebuia aurea* (Silva Manso)
Benth. & Hook. f. ex S. Moore no Cerrado**

MARIA CAROLINA SILVA

**Tese apresentada para obtenção do título de
Doutor em Ciências. Área de concentração:
Recursos Florestais, com opção em
Conservação de Ecossistemas Florestais**

**Piracicaba
2010**

Livros Grátis

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

Milhares de livros grátis para download.

Maria Carolina Silva
Eng. Florestal

**Diversidade genética, sistema de reprodução, estrutura
genética espacial e fluxo gênico em *Tabebuia aurea* (Silva Manso)
Benth. & Hook. f. ex S. Moore no Cerrado**

Orientador:
Prof. Dr.: **PAULO YOSHIO KAGEYAMA**

Tese apresentada para obtenção do título de
Doutor em Ciências. Área de concentração:
Recursos Florestais, com opção em
Conservação de Ecossistemas Florestais

**Piracicaba
2010**

*Ajuntei todas as pedras
que vieram sobre mim.
Levantei uma escada muito alta
e no alto subi.
Teci um tapete floreado
e no sonho me perdi.*

*Uma estrada,
um leito,
uma casa,
um companheiro.
Tudo de pedra.*

*Entre pedras
cresceu a minha poesia.
Minha vida...
Quebrando pedras
e plantando flores.*

*Entre pedras que me esmagavam
levantei a pedra rude
dos meus versos.*

DAS PEDRAS (CORA CORALINA, 1976)

DEDICO

*Aos meus amados pais, José Osmar e Maria Teresa,
queridos irmãos, José Osmar e João Fernando
e avô Sebastião (in memoriam)*

OFEREÇO

*À pessoa que colore e perfuma a minha vida,
minha querida e amada avó, Lourdes*

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Paulo Yoshio Kageyama, pela orientação e pela confiança, também por ter permitido que eu conduzisse a pesquisa com autonomia, sempre me orientando de forma primorosa, quando precisei. Serei sempre grata por sua atenção e dedicação em ensinar. São dez anos de aprendizado e amor crescente pelas florestas. Muito obrigada!

Ao Prof. Dr. Flávio Gandara, por ter me orientado sempre com muita paciência, mas principalmente, por sua terna amizade.

Ao Prof. Dr. Mário Luiz Teixeira de Moraes, pela amizade e pela ajuda em etapas importantes da pesquisa.

Ao Dr. MSc. Roberto Tarazi e à MSc. Maria Andréia Moreno, dois amigos queridos sem os quais certamente eu não conseguiria realizar este trabalho. Não há como agradecer tudo o que fizeram por mim. Obrigada Roberto, por me orientar sempre tão prontamente, esclarecer minhas dúvidas e me acalmar nos momentos em que a tese parecia não ter fim.

Aos meus amados pais e irmãos, por me oferecerem sempre o amor e incentivo que precisei e por tantas vezes se alegrarem com as minhas conquistas.

À minha querida avó Lourdes, por ter estado presente em todas as etapas da minha vida e por ter sido a minha principal companheira no decorrer dos dez anos de estudo na ESALQ. Foram muitas as suas palavras de incentivo e de força e muitos seus gestos carinhosos. Serei eternamente grata por seu amor e dedicação.

À querida amiga Alessandra Regina Aguilar Voigt, minha primeira irmã, fiel escudeira, amizade compartilhada e sólida; presente em muitos momentos, em tantas florestas, tropeços, pensamentos e comemorações. Obrigada pela ajuda essencial nas viagens e coletas de campo, pelos incansáveis incentivos e por sua preciosa amizade.

Ao Angelo Francisco Gimenez por seu amor, olhares dedicados e amparo.

À minhas lindinhas Giullia, Rebeca, Bruna, Jéssica, Gabi e Luana, todas irmãs que não tive. Obrigada pela ajuda no laboratório e nas coletas de campo, mas, acima de tudo, pelos sorrisos, pela doçura e abraços carinhosos.

À amiga Elza Martins Ferraz, pelos mimos, abraços afetuosos e palavras de incentivo.

À Norma Pinzan e ao seu esposo Sérgio, pela amizade e acolhida tão carinhosa no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho/SP.

Ao Edivaldo Furlan, José Augusto de Souza, Eurípides Evangelista de Macedo, Vanderlei Aparecido Alves de Miranda, Alexandre Marques da Silva e José Cambuim, pelo auxílio nos trabalhos de campo.

À pesquisadora e amiga Dr^a. Lúcia Helena de Oliveira Wadt, pelo exemplo de vida e trabalho e por ter aberto os meus olhos para a pós-graduação, mesmo involuntariamente.

Ao Dr. Alexandre Magno Sebbenn pelas importantes contribuições no início do trabalho.

Aos Profs. Drs. João Luis Ferreira Batista, Giancarlo Conde Xavier Oliveira e Weber Antonio Neves do Amaral, que prontamente aceitaram ser membros da banca do meu exame de qualificação e também pelas contribuições que fizeram à pesquisa.

À Maria Aparecida R. C. Bermudez, amiga e técnica do Laboratório de Anatomia e Identificação de Madeiras da ESALQ/USP que sempre me acolheu com amabilidade e com seu cafezinho aconchegante quando tudo parecia mais difícil.

Aos amigos da natação, em especial ao Prof. Ronaldo, Nelson, Prof^a. Mariana, Prof^a. Cinthia, Prof^a Mônica, Denise, Priscila e ao Chico, que mesmo sem saberem, tornaram os meus dias mais leves e felizes.

Aos funcionários do Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP, em especial à Margarete, Catarina e Zé Martins pelo apoio e amizade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES -, pela concessão da bolsa nos primeiros meses da pesquisa.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP - pela concessão inicial da bolsa de mestrado (2006/59395-0), posteriormente pela bolsa de doutorado direto (Proc. 2007/59512-0) e por fim, pelo financiamento do projeto (Proc. 2006/04490-9).

Aos revisores anônimos da FAPESP por acompanharem a pesquisa e pelas valiosas sugestões.

Aos amigos ausentes, mas sempre presentes em mim, meu sincero obrigada.

SUMÁRIO

RESUMO	xi
ABSTRACT	xiii
LISTA DE FIGURAS	xv
LISTA DE TABELAS	xviii
1 INTRODUÇÃO	1
1.1 Objetivos.....	3
1.2 Hipóteses	4
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
2.1 O bioma Cerrado	5
2.2 Conseqüências genéticas da fragmentação de habitat	10
2.3 <i>Tabebuia aurea</i> (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex S. Moore	12
2.4 Marcadores moleculares microssatélites	17
2.5 Diversidade genética.....	20
2.6 Estrutura genética	23
2.7 Sistema de reprodução.....	24
2.8 Fluxo gênico	27
3 MATERIAL E MÉTODOS	30
3.1 Áreas de estudo e amostragem	30
3.1.1 Assis-SP.....	32
3.1.2 Pedregulho-SP	34
3.1.3 Selvíria-MS.....	37
3.1.4 Três Lagoas-MS	40
3.2 Desenvolvimento	42
3.3 Procedimentos laboratoriais	44
3.3.1 Extração e quantificação do DNA.....	44
3.3.2 Amplificação dos locos microssatélites.....	46
4 ANÁLISES DOS DADOS	50
4.1 Distribuição espacial.....	50
4.2 Diversidade genética e índice de fixação	50

4.3 Gargalo genético populacional	51
4.4 Estrutura genética espacial	51
4.5 Correções do índice de fixação para o efeito Wahlund	52
4.6 Tamanho efetivo populacional e área mínima viável para conservação	53
4.7 Sistema de reprodução.....	53
4.8 Análise de paternidade.....	54
4.8.1 Distância de dispersão de pólen.....	55
4.9 Estrutura genética entre populações e fluxo gênico realizado.....	55
4.10 Estimativa do número mínimo de matrizes para coleta de sementes	56
5 RESULTADOS	57
5.1 Distribuição espacial.....	57
5.2 Diversidade genética e índice de fixação	59
5.3 Gargalo genético populacional	66
5.4 Estrutura genética espacial	70
5.5 Correções do índice de fixação para o efeito Wahlund	75
5.6 Tamanho efetivo populacional e área mínima viável para conservação	75
5.7 Sistema de reprodução.....	81
5.8 Análise de paternidade.....	83
5.8.1 Distância de dispersão de pólen.....	83
5.9 Estrutura genética entre populações e fluxo gênico realizado.....	85
5.10 Estimativa do número mínimo de matrizes para coleta de sementes	88
6 DISCUSSÃO	90
6.1 Diversidade genética e gargalo genético populacional.....	90
6.2 Distribuição espacial, estrutura genética espacial e análise de paternidade	91
6.3 Sistema de reprodução.....	95
6.4 Estrutura genética entre populações e fluxo gênico realizado.....	97
6.5 Tamanho efetivo populacional e área mínima viável para conservação	99
7 CONCLUSÕES	101
REFERÊNCIAS	103
ANEXOS.....	127

RESUMO

Diversidade genética, sistema de reprodução, estrutura genética espacial e fluxo gênico em *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex S. Moore no Cerrado

O bioma Cerrado é considerado atualmente área crítica para a conservação mundial em decorrência do seu endemismo e da atual velocidade de devastação. Quanto mais fragmentadas e perturbadas as paisagens naturais, maiores são os desafios para a manutenção da sua variabilidade genética, que possui hoje um papel de destaque na definição das estratégias de conservação e manejo de populações naturais. Visando a propor recomendações para estratégias de conservação *in situ* com base em indicadores genéticos, este trabalho objetivou estudar, por meio de oito locos microssatélites nucleares, a diversidade genética, o sistema de reprodução, a estrutura genética espacial e o fluxo gênico de *Tabebuia aurea* (Bignoniaceae) em remanescentes de Cerrado do Estado de São Paulo e do Mato Grosso do Sul. Foram mapeadas oito populações de *T. aurea* representadas por 290 árvores adultas. Além disso, foram produzidas 750 progênies (25 plântulas de 30 matrizes), totalizando 1040 genotipagens. Os resultados indicaram que os adultos nem sempre detêm maior heterozigosidade que as progênies, e os índices de fixação de suas populações mostraram-se altos e significativos. Os locos analisados indicaram que existe estruturação da variabilidade genética intrapopulacional de *T. aurea* na maioria das populações. Apesar de haver diferenças entre regiões e populações, não há um padrão espacial claro da variabilidade genética. Os correlogramas, entretanto, apoiaram a hipótese de dispersão de sementes espacialmente restrita. Detectou-se, no entanto, uma alta taxa de imigração de pólen nas populações de Assis (74%) e de Pedregulho (87%), e as distâncias de dispersão contemporânea de pólen variaram de 0 a 167m para Assis e de 0 a 7002m para Pedregulho, sugerindo intenso movimento de genes nas populações. De acordo com as estimativas das taxas de cruzamento, as populações apresentaram um sistema de reprodução de cruzamentos em Assis e Pedregulho ($\hat{t}_m = 0,997$; $\hat{t}_m = 1,000$, respectivamente), indicando a presença de mecanismos de auto-incompatibilidade para a espécie. Verificou-se que a divergência genética populacional não se distribuiu igualmente entre as populações e que ocorre o fenômeno de isolamento pela distância. Os tamanhos efetivos populacionais dos adultos indicaram que a maioria dos remanescentes estudados possui áreas de tamanhos inferiores às encontradas pelas estimativas de área mínima viável para a conservação. Apenas o Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP, contém área suficiente para a conservação do potencial evolutivo das populações de *T. aurea*. Visando à coleta de sementes para estratégias de conservação, os resultados sugeriram que a coleta deve ser realizada em, no mínimo, 18 e 20 matrizes, para Assis e Pedregulho, respectivamente, para a retenção de tamanhos efetivos de 50.

Palavras-chave: *Tabebuia aurea*; Cerrado; Microssatélites; Conservação

ABSTRACT

Genetic diversity, mating system, spatial genetic structure and gene flow in *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex S. Moore in the Cerrado

The Cerrado biome is considered a critical area for worldwide conservation due to its endemism and the current devastation speed. The fragmented and disturbed natural landscapes are the biggest challenges for the maintenance of genetic variability, which today has a leading role in defining conservation and management strategies of natural populations. This work intends to propose recommendations for *in situ* conservation strategies based on genetic markers. With the help of eight nuclear microsatellite loci, the study will verify the genetic diversity, the breeding system, the spatial genetic structure and the gene flow of *Tabebuia aurea* (Bignoniaceae) in Cerrado remnants of the State of São Paulo and Mato Grosso do Sul. Eight populations of *T. aurea* with 290 adult trees were mapped. In addition, 750 progeny were produced (25 seedlings of 30 mother-trees), totaling 1040 genotyping. The results indicated that adult trees occasionally have higher heterozygosity than seedlings and the fixation index in the populations were high and significant. The loci analyzed indicated that most populations of *T. aurea* had structuring of the genetic variability. There are differences between regions and populations, but there is no clear pattern of spatial genetic structure, although the correlogram supported the hypothesis of spatially restricted seed dispersal. In turn, high immigration rates of pollen were found on populations of Assis (74%) and Pedregulho (87%) and the distances of the pollen contemporary distribution had been varying between 0 and 167m to Assis and between 0 and 7002m to Pedregulho, what suggests an intense movement of genes in the populations. According to the outcrossing rates estimated, the populations showed an outcrossing breeding system in Assis and Pedregulho ($\hat{t}_m = 0.997$, $\hat{t}_m = 1.000$, respectively), indicating the presence of self-incompatibility mechanisms in this species. It was found that the population genetic divergence was not equally distributed among the population, and so, isolation by distance phenomena may be occurring. The minimum viable area for conservation estimates of adults trees indicated that most part of the areas have sizes below the recommended. Only the State Park Furnas do Bom Jesus, Pedregulho, SP, contains sufficient area for the conservation of evolutionary potential of populations of *T. aurea*. The results suggest that the seed collected for conservation strategies, must come from a minimum of 18 and 20 mother-trees, respectively from Assis and Pedregulho.

Keywords: *Tabebuia aurea*; Cerrado; Microsatellite; Conservation

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Mapa de vegetação do Brasil mostrando a área central do bioma do Cerrado e encaves em outros biomas (cor laranja) e as áreas de tensão ecológica ou áreas de transição existentes nas áreas de contato dos biomas (cor cinza).....	7
Figura 2	Árvore de <i>Tabebuia aurea</i> presente no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP.....	12
Figura 3	(A) Seção longitudinal da flor de <i>Tabebuia aurea</i> . (B) Seção transversal do ovário de <i>T. aurea</i> mostrando o disco nectarífero. (C) Detalhes da inflorescência de <i>T. aurea</i>	14
Figura 4	Abelhas de grande porte dos gêneros <i>Bombus</i> (A) e <i>Centris</i> (B).....	15
Figura 5	Distribuição geográfica de <i>Tabebuia aurea</i> no Brasil.....	16
Figura 6	Municípios dos Estados de São Paulo e do Mato Grosso do Sul nos quais o estudo foi realizado.....	31
Figura 7	Fisionomia de Cerrado presente em Assis-SP (População 1).....	33
Figura 8	Fisionomia de Cerrado presente em Assis-SP (População 2).....	33
Figura 9	Localização das populações de <i>Tabebuia aurea</i> mapeadas no Cerrado de Assis-SP.....	34
Figura 10	Fisionomia de Cerrado presente no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP.....	35
Figura 11	Indivíduo de <i>Tabebuia aurea</i> selecionado para a coleta de amostras foliares, Pedregulho-SP.....	36
Figura 12	Localização das populações de <i>Tabebuia aurea</i> mapeadas no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP.....	37
Figura 13	Fisionomia de Cerrado presente em Selvíria-MS.....	38
Figura 14	Árvore de <i>Tabebuia aurea</i> isolada (margem da Rodovia BR-158).....	39
Figura 15	Localização da população de <i>Tabebuia aurea</i> mapeada em Selvíria-MS.....	39
Figura 16	Fisionomia de Cerrado presente em Três Lagoas-MS.....	41
Figura 17	Localização da população de <i>Tabebuia aurea</i> mapeada em Três Lagoas-MS..	41

Figura 18	Árvore de <i>Tabebuia aurea</i> com frutos, Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP.....	43
Figura 19	Progênies de <i>Tabebuia aurea</i> em desenvolvimento.....	44
Figura 20	Perfis de DNA de indivíduos de <i>Tabebuia aurea</i> para quantificação. Géis de agarose corados com brometo de etídeo.....	46
Figura 21	Perfis de géis de microssatélites utilizados para as análises de <i>Tabebuia aurea</i> (adultos e progênies). Estão representados os locos: (a) TA09, (b) TA15, (c) TA16, (d) TA17, (e) TA19, (f) TA21, (g) TA27 e (h) TA31. Géis de poliácridamida corados com nitrato de prata; tamanhos dos fragmentos em pares de base (pb) indicados à direita.....	49
Figura 22	Correlogramas representativos do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> localizadas em Assis-SP; Populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade.....	71
Figura 23	Correlogramas representativos do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> localizadas em Pedregulho-SP; Populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade.....	72
Figura 24	Correlograma representativo do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> localizadas em Selvíria-MS (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade.....	74
Figura 25	Correlograma representativo do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> localizadas em Três Lagoas-MS (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade.....	74
Figura 26	Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> nas populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) de Assis-SP (ano base 2008).....	76
Figura 27	Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> nas populações 1 (a), 2 (b) e (3) de Pedregulho-SP (ano base 2008).....	78
Figura 28	Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> na população de Selvíria-MS (ano base 2008).....	80
Figura 29	Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> na população de Três Lagoas-MS (ano base 2008).....	80

Figura 30	Frequência da dispersão contemporânea de pólen em Assis-SP (ano base 2007).....	84
Figura 31	Frequência da dispersão contemporânea de pólen em Pedregulho-SP (ano base 2008).....	85

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Áreas de amostragem (ha), números de indivíduos, diâmetros médios e densidades das oito populações naturais de <i>Tabebuia aurea</i> estudadas.....	31
Tabela 2	Locos de microssatélites de <i>Tabebuia aurea</i> com os respectivos motivos, seqüências dos iniciadores, tamanhos em pares de bases, números de alelos e temperaturas de anelamento em °C.....	47
Tabela 3	Descrição das amplitudes alélicas (pares de base: pb), números de alelos e temperaturas de anelamento observadas (T _a em °C) para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i>	48
Tabela 4	Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> em três remanescentes de cerrado do município de Assis-SP (ano base 2008).....	57
Tabela 5	Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> em três remanescentes de cerrado do município de Pedregulho-SP (ano base 2008).....	58
Tabela 6	Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> no cerrado de Selvíria-MS (ano base 2008).....	58
Tabela 7	Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> no cerrado de Três Lagoas-MS (ano base 2008).....	58
Tabela 8	Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> nas populações 1, 2 e 3 de Assis-SP (ano base 2008).....	60
Tabela 9	Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> nas populações 1, 2 e 3 de Pedregulho-SP (ano base 2008).....	62
Tabela 10	Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> na população de Selvíria-MS (ano base 2008).....	63
Tabela 11	Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de <i>Tabebuia aurea</i> na população de Três Lagoas-MS (ano base 2008).....	64
Tabela 12	Diversidade genética e índice de fixação de progênies de <i>Tabebuia aurea</i> , Assis-SP (ano base 2007).....	65
Tabela 13	Diversidade genética e índice de fixação de progênies de <i>Tabebuia aurea</i> , Pedregulho-SP (ano base 2008).....	65

Tabela 14	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população 1 de Assis-SP (ano base 2008).....	66
Tabela 15	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população 2 de Assis-SP (ano base 2008).....	67
Tabela 16	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população 3 de Assis-SP (ano base 2008).....	67
Tabela 17	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população 1 de Pedregulho-SP (ano base 2008).....	68
Tabela 18	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população 2 de Pedregulho-SP (ano base 2008).....	68
Tabela 19	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população 3 de Pedregulho-SP (ano base 2008).....	69
Tabela 20	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população de Selvíria-MS (ano base 2008).....	69
Tabela 21	Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de <i>Tabebuia aurea</i> da população de Três Lagoas-MS (ano base 2008).....	70
Tabela 22	Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para as populações naturais de <i>Tabebuia aurea</i> presentes em Assis-SP (ano base 2008).....	75
Tabela 23	Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para as populações naturais de <i>Tabebuia aurea</i> presentes em Pedregulho-SP (ano base 2008).....	77
Tabela 24	Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para a população natural de <i>Tabebuia aurea</i> presente em Selvíria-MS (ano base 2008).....	79
Tabela 25	Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para a população natural de <i>Tabebuia aurea</i> presente em Três Lagoas-MS (ano base 2008).....	79

Tabela 26	Estimativas de parâmetros do sistema de reprodução de <i>Tabebuia aurea</i> a partir de oito locos SSR para progênies provenientes de Assis-SP (ano base 2007) e Pedregulho-SP (ano base 2008).....	82
Tabela 27	Divergência genética entre as populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Assis-SP.....	86
Tabela 28	Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre as populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Assis-SP.....	86
Tabela 29	Divergência genética entre as populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Pedregulho-SP.....	86
Tabela 30	Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre as populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Pedregulho-SP.....	87
Tabela 31	Divergência genética entre as populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS.....	87
Tabela 32	Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre as populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS.....	87
Tabela 33	Divergência genética entre todas as populações de <i>Tabebuia aurea</i>	88
Tabela 34	Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre todas as populações de <i>Tabebuia aurea</i>	88
Tabela 35	Estimativa do número mínimo de matrizes para a coleta de sementes de <i>Tabebuia aurea</i> em Assis-SP (ano base 2007) e Pedregulho-SP (ano base 2008).....	89
Anexo A	Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Assis-SP (adultos e progênies).....	128
Anexo B	Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Pedregulho-SP (adultos e progênies).....	132
Anexo C	Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de <i>Tabebuia aurea</i> de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS (adultos).....	136

1 INTRODUÇÃO

O conhecimento das conseqüências da destruição, fragmentação e depauperamento dos habitats naturais é fundamental para a compreensão e conservação de amostras funcionais representativas dos ecossistemas naturais e dos recursos biológicos. Dentre os ecossistemas tropicais que sofrem com aceleradas taxas de destruição destaca-se o Cerrado. Embora seja o segundo bioma brasileiro em extensão, cobrindo quase um quarto do território nacional, sua biodiversidade ainda é pouco conhecida, o que parece irônico, pois se trata da mais rica e ameaçada savana tropical do planeta. No Brasil, dos 204 milhões de hectares originais, 39% já foram completamente destruídos e apenas 3,18% dos remanescentes estão protegidos e distribuídos entre 48 unidades de conservação federais, estaduais e municipais (MMA, 2006).

A paisagem natural do Cerrado, manifestada em muitas fisionomias de vegetação que hospedam espécies endêmicas, conhecimentos tradicionais, culturas particulares e cenários deslumbrantes, está rapidamente sendo transformada em monoculturas e pastagens. A facilidade com que a vegetação pode ser removida, diferente daquela de outros biomas, clima e solos propícios à agricultura e pecuária, mais a falta de ordenamento na ocupação da paisagem e do uso dos recursos naturais poderá trazer conseqüências desastrosas.

No Estado de São Paulo a situação é ainda mais alarmante, pois o Cerrado cobria 14% do território e estimativas mais atuais relatam que restam menos de 260.000 hectares ou 0,74%, distribuídos em pequenos fragmentos (KRONKA et al., 2005). Esforços para conservar estes remanescentes resultam em projetos para conhecer e divulgar sua biodiversidade, estabelecer áreas prioritárias e diretrizes para a conservação e promover a exploração econômica sustentável do bioma.

No Mato Grosso do Sul, a ausência de estudos em escala regional com abordagens mais amplas fragiliza a criação e a consolidação de políticas públicas ambientais que sejam eficientes na proteção da biodiversidade do Cerrado presente na região (SILVA et al., 2006a). Até a segunda metade do século XX, esse Estado apresentava-se coberto, em quase sua totalidade, por vegetação nativa. A partir de 1940 iniciou-se um processo de contínua modificação dessas paisagens naturais, que foram intensamente exploradas pela indústria madeireira e seqüencialmente substituídas por extensas monoculturas e pecuária extensiva de baixa produtividade. Sabe-se que o Mato Grosso do Sul conta com menos de 30% da sua cobertura vegetal nativa (FUNDAÇÃO CÂNDIDO RONDON, 2007).

O desmatamento e o avanço das fronteiras agrícolas têm alterado a dinâmica populacional de muitas espécies do Cerrado (DURIGAN, 2003). As alterações nessas áreas podem reduzir a variabilidade genética dessas espécies por deriva genética, restrição do fluxo gênico e, conseqüentemente, aumentarem a endogamia que, por sua vez, pode conduzir à fixação de alelos deletérios, ameaçando certas populações presentes neste habitat (COLLEVATTI ; BRONDANI ; GRATTAPAGLIA, 1999; COLLEVATTI ; GRATTAPAGLIA ; HAY, 2001a; VENCOVSKY, 1987; ZUCCHI et al., 2003).

O conhecimento da estrutura genética, isto é, da forma como a variabilidade genética se distribui entre e dentro das populações de uma espécie, permite determinar a viabilidade evolutiva das populações ao longo das gerações, estimar a área mínima viável para conservação e a intensidade ideal de coleta de sementes e distância mínima de coleta entre matrizes para fins de conservação genética *in situ* e *ex situ*, ou ainda, de melhoramento genético (EPPERSON, 1990). Tais conhecimentos têm sido beneficiados pelo emprego de marcadores genéticos, principalmente os codominantes, como as isoenzimas e os microssatélites (*SSR- Simple Sequence Repeat*) (ALVES et al., 2003; GRATTAPAGLIA, 2004).

Nesse contexto, torna-se imprescindível gerar informações relacionadas com a variabilidade genética dos poucos núcleos restantes de Cerrado. Todavia, a execução de estudos genéticos populacionais para todas as espécies que compõem o ecossistema é inviável (BOYLE, 2000). Uma alternativa consiste na escolha de espécies que sirvam de modelo e, portanto, possam ser utilizadas como referência para a conservação genética *in situ* do bioma como um todo. Essas espécies modelo representam grupos de espécies com características comuns e que apresentam padrões genéticos e ecológicos extrapoláveis, até certo ponto, para todo o grupo (KAGEYAMA; GANDARA; VENCOVSKY, 2001). Com essa abordagem, o principal desafio é a seleção de espécies que sirvam como indicadoras dos efeitos da fragmentação, ou de outros processos antrópicos. Nankoong et al. (2002) definiram alguns critérios que podem ser utilizados para a seleção de espécies indicadoras: se a espécie possui importância ecológica; se é rara; se apresenta interesse econômico; se os vetores de fluxo gênico são especializados, dentre outros.

Tabebuia aurea é uma espécie lenhosa típica do Cerrado que apresenta características consideradas por Nankoong et al. (2002) para a seleção de espécies indicadoras. As características de biologia da reprodução da espécie já foram relativamente bem estudadas, de modo que a quantidade de conhecimento prévio sobre a ecologia da espécie é considerável. Um

segundo aspecto apontado por Namkoong et al. (2002) é a amplitude de distribuição da espécie. *T. aurea* está amplamente distribuída pelo bioma Cerrado e sua escolha como espécie indicadora pode ser interessante por possibilitar comparações inter-regionais. Segundo Cabral, Barbosa e Simabukuro (2003), a espécie ocorre nas margens dos rios do Nordeste semi-árido e no Cerrado, Cerradão e Floresta Estacional Semidecidual de quase todo o Brasil.

O terceiro fator considerado por Namkoong et al. (2002) é a susceptibilidade da espécie aos efeitos adversos da intervenção humana, nesse caso a fragmentação de habitat. A densidade populacional de *T. aurea* é afetada por alterações antrópicas na vegetação natural. Outro aspecto considerado é o valor econômico da espécie:- tem-se que é utilizada como melífera, ornamental, medicinal, além da madeira empregada para variados fins (ALMEIDA et al., 1998).

A escolha de espécies modelo, o conhecimento de sua biologia, da dinâmica e da estrutura das populações são fatores importantes para que se promova uma conservação genética eficiente, proporcionando à espécie e ao ecossistema a expressão de seu potencial evolutivo. Além disso, o conhecimento da magnitude e a organização da variabilidade genética determinam o tamanho, a localização das áreas para a conservação e a necessidade de expansão de sua base genética.

1.1 Objetivos

Considerando-se as conseqüências genéticas da fragmentação de habitats, objetivou-se com este estudo estimar, por meio de oito locos microssatélites nucleares, a diversidade genética, o sistema de reprodução, a estrutura genética espacial, o fluxo gênico e a área mínima viável para a conservação de populações naturais de *Tabebuia aurea* em regiões distintas, duas no Estado de São Paulo e duas no Mato Grosso do Sul. Apresentaram-se como objetivos específicos do estudo:

- (a) Determinar o padrão de distribuição populacional da espécie;
- (b) Caracterizar a diversidade genética intrapopulacional de oito populações naturais de *T. aurea* por marcadores moleculares microssatélites;
- (c) Avaliar a distribuição espacial dos genótipos dentro das populações;
- (d) Caracterizar o sistema de reprodução da espécie;
- (e) Estimar o fluxo gênico realizado e a contribuição relativa da migração de pólen;
- (f) Estimar a área mínima viável para a conservação da espécie;

- (g) Determinar o número necessário de árvores matrizes para a coleta de sementes visando a conservação;
- (h) Com base em indicadores genéticos, propor recomendações para estratégias de conservação *in situ*.

1.2 Hipóteses

- (a) A espécie é preferencialmente de cruzamento e apresenta diversidade genética semelhante à das espécies arbóreas das Florestas Tropicais;
- (b) Há estruturação espacial dos genótipos dentro das populações, devido à dispersão de sementes espacialmente restrita;
- (c) Como a dispersão de sementes de *T. aurea* ocorre predominantemente nas vizinhanças das árvores matrizes, espera-se que árvores localizadas espacialmente próximas entre si apresentem algum grau de parentesco;
- (d) O fluxo gênico em longa distância ocorre predominantemente por pólen e o fluxo de sementes é espacialmente restrito;
- (e) Embora a distância entre algumas árvores isoladas seja superior a 1 km, como a polinização da espécie é efetuada por abelhas de grande porte, acredita-se que essas árvores não estejam reprodutivamente isoladas. O tamanho, porém, da vizinhança reprodutiva deve ser restrito a poucos indivíduos, e grande parte das sementes dessas árvores deve apresentar parentesco no grau de meios-irmãos;
- (f) Os remanescentes de Cerrado estudados, por estarem cercados por monoculturas e estradas, principalmente, não devem apresentar áreas mínimas viáveis para a conservação de *T. aurea*.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O bioma Cerrado

Cerrado é uma palavra que possui três acepções técnicas (RIBEIRO; WALTER, 1998): a primeira e mais abrangente acepção, “refere-se ao bioma¹ predominante no Brasil Central. A segunda acepção, Cerrado sentido amplo (*lato sensu*), reúne as formações savânicas e campestres do bioma, incluindo desde o Cerradão até o Campo Limpo (COUTINHO, 1978; EITEN, 1994). Portanto, sob este conceito há uma única formação florestal incluída, o Cerradão. O Cerrado sentido amplo é um tipo de vegetação definido pela composição florística e pela fisionomia (formas de crescimento), sem que o critério estrutura seja considerado. A terceira acepção do termo, Cerrado sentido restrito (*sensu stricto*), designa um dos tipos fisionômicos que ocorrem na formação savânica, definido pela composição florística e pela fisionomia, considerando tanto a estrutura quanto as formas de crescimento dominantes. Por ser uma das suas principais fitofisionomias, o Cerrado sentido restrito caracteriza bem o bioma Cerrado”.

Considerando as três acepções indicadas, pode-se afirmar, neste caso, que o bioma Cerrado é caracterizado principalmente por uma típica savana, em seu sentido fisionômico mais difundido - conforme Collinson (1988) - uma “formação tropical com domínio de gramíneas, contendo uma proporção maior ou menor de vegetação lenhosa aberta e árvores associadas”. Esta savana é o Cerrado sentido restrito. O Cerradão, por ser uma floresta, não pode ser incluído como savana, assim como não deve ser incluído o Campo Limpo, pois esta paisagem é um campo puro. Por esta interpretação, somente o Cerrado sentido restrito e o Campo sujo (ou uma parte do Cerrado sentido amplo) estariam enquadrados na definição fisionômica de savana², cujo conceito exclui os campos puros (representados pelo Campo Limpo). O bioma como um todo não é savana, uma vez que nele ocorrem florestas (por exemplo, as Matas de Galeria, Matas Secas e Cerradão) e campos puros, mas é caracterizado primordialmente por uma típica vegetação de savana, que ocupa a maior parte da área; de 80 a 90% do Brasil Central segundo Eiten (1972, 1977, 1978).

¹ Bioma: grande área geográfica, ou biosistema regional ou subcontinental, caracterizado por um tipo principal de vegetação. Com esse sentido, pode ser entendido como um sinônimo de domínio vegetacional, na definição adotada por autores influentes como Leopoldo Magno Coutinho e Aziz Ab'Saber (RIBEIRO; WALTER, 1998).

² Esta análise restringe-se ao conceito de Cerrado *lato sensu*, conforme interpretado por Coutinho (1978), excluindo outros tipos de vegetação savânica como os Palmeirais, por exemplo.

A maioria dos autores considera as principais formas de vegetação do Cerrado (ou parte do bioma, ou do domínio) subordinada ao conceito de savana, como por exemplo Felfili e Silva Jr. (1993), que anotaram “A vegetação de Cerrado é considerada uma savana sazonal úmida ...”; ou Ratter, Ribeiro e Bridgewater (1997) que escreveram que “A savana brasileira é chamada cerrado ...”; ou ainda o livro de Oliveira e Marquis (2002), intitulado “Os cerrados do Brasil: ecologia e história natural de uma savana neotropical”. Portanto, o Cerrado é uma savana floristicamente rica. Ressalta-se ainda que no domínio do Cerrado ocorrem outros tipos de biomas em meio àquela mesma área, como por exemplo, Veredas, Matas Galeria e Matas Mesófilas de Interflúvio (COUTINHO, 2009).

Coutinho (1978) considerou como Cerrado, em seu sentido amplo (*lato sensu*) “... os campos limpos, os campos sujos, os campos cerrados, os cerrados *sensu stricto* e os cerradões ...”. Neste trabalho, o autor analisou conceitos fisionômicos e florísticos do Cerrado e defendeu um terceiro conceito, designado “conceito floresta-ecótono-campo”. Para Coutinho (1978):

“... o cerrado [é] ... um complexo de formações oreádicas, que vão desde o campo limpo até o cerradão, representando suas formações savânicas (campo sujo, campo cerrado e cerrado ‘s.s’) verdadeiros ecótonos de vegetação, entre aquelas duas formas extremas: a florestal, representada basicamente pelo cerradão, e a campestre constituída pelo campo limpo. As formas savânicas podem apresentar a mais ampla gama de características fisionômicas e estruturais intermediárias, dependendo de as condições ecológicas ... se aproximarem ora mais do ótimo campestre, ora do ótimo florestal.”

As interfaces com outros biomas (Figura 1) são particularmente importantes no Cerrado, pois estes limitam-se com todos os demais biomas de terras baixas da América do Sul, ressaltando-se os ambientes contrastantes como as interfaces entre Cerrado e Caatinga e aquelas entre Cerrado e Florestas Tropicais Úmidas (FELFILI; SCARIOT; SILVA, 2005).

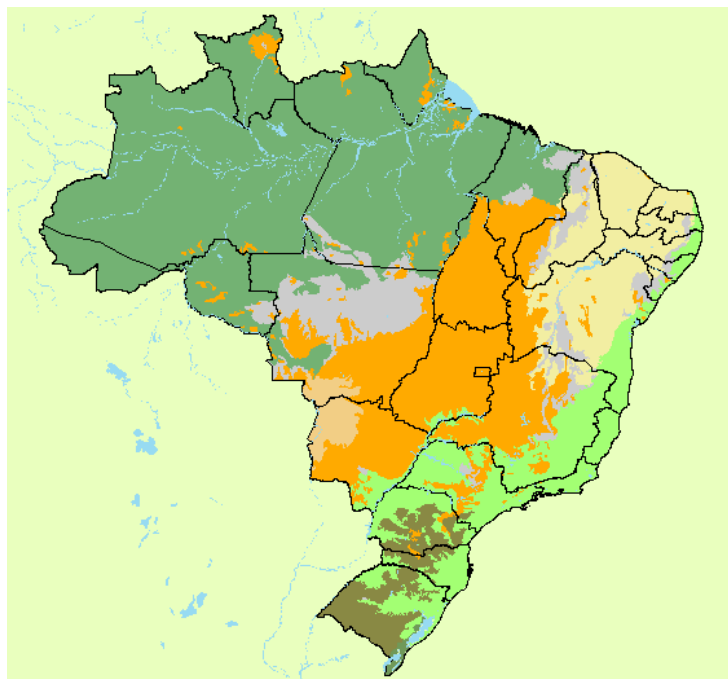


Figura 1- Mapa de vegetação do Brasil mostrando a área central do bioma do Cerrado e encraves em outros biomas (cor laranja) e as áreas de tensão ecológica ou áreas de transição existentes nas áreas de contato dos biomas (cor cinza) (MACHADO et al., 2004)

Sabe-se hoje que a flora do “ótimo florestal” de Coutinho (o Cerradão) efetivamente tem muitos elementos savânicos em comum com o Campo Cerrado e o Cerrado *sensu stricto*, e elementos campestres comuns ao Campo Sujo (p.ex. MUNHOZ, 2003; MUNHOZ; FELFILI, 2005). O mesmo não parece que aconteça com relação ao “ótimo campestre” (o Campo Limpo). Neste último caso, no mínimo, ainda não existem informações suficientes confiáveis para supor que isso aconteça, especialmente em locais de solo úmido e inundável. A flora herbácea dos Campos Limpos não parece ser exatamente a mesma das demais formas que completam o conceito amplo (*lato sensu*) de Cerrado, ainda que haja táxons altos (gêneros e famílias) em comum (MUNHOZ; FELFILI, 2005).

A área central do domínio do Cerrado é estimada em 1,5 milhão de km². Considerando-se as áreas periféricas que se encontram em outros domínios vizinhos e nas faixas de transição, esse valor pode chegar a 1,8 ou 2 milhões de km². Essa dimensão justifica a ocorrência desse domínio em grande parte dos estados brasileiros, concentrando-se naqueles da região do Planalto Central. O Domínio de Cerrado ocorre desde o Amapá e Roraima, até o Paraná, em sentido latitudinal, enquanto que, em sentido longitudinal, ocorre desde Pernambuco, Alagoas, Sergipe, até o Pará e o Amazonas (COUTINHO, 2009). É importante ressaltar que os estados do Mato Grosso do Sul,

Paraná e São Paulo possuem a menor área de cobertura vegetal natural por bacia, enquanto a região norte do Cerrado possui as áreas com maiores índices de vegetação remanescente (natural), concentrando-se nos estados do Maranhão (89%), Piauí (92%) e Tocantins (79%) (SANO et al., 2008).

Segundo Ribeiro e Walter (1998), o Cerrado ocorre em altitudes que variam de aproximadamente 300m, na Baixada Cuiabana (MT), a mais de 1600m, na Chapada dos Veadeiros (GO). Vários autores (EITEN, 1972, 1982, 1994; RIBEIRO; WALTER, 1998, etc.) anotaram que além do clima, influenciariam na distribuição da flora alguns efeitos devidos ao solo (química e física do solo, disponibilidade de água e nutrientes), a geomorfologia e a topografia, a latitude, a frequência das queimadas, a profundidade do lençol freático, o pastejo e inúmeros fatores antrópicos, como a abertura de áreas para a agropecuária, extração de madeira, manejo de pastagens, dentre outros.

O Cerrado é caracterizado pela presença de invernos secos e verões chuvosos, cujo clima principal é classificado como *Aw* de Köppen (tropical chuvoso) – clima *Aw* que coincide com a distribuição da maioria das savanas (RICHARDS, 1976). A precipitação média anual gira em torno de 1500mm, variando de 750 a 2000mm. As chuvas concentram-se de outubro a março (estação chuvosa) e a temperatura média anual fica em torno de 22-23°C, com as máximas absolutas podendo chegar a mais de 40°C, e as mínimas absolutas mensais apresentando valores próximos de zero, em maio, junho e julho (COUTINHO, 2009). A ocorrência de duas estações bem definidas (com a seca de abril a setembro) caracteriza a distribuição concentrada das chuvas em toda a região, com influência direta sobre a vegetação, pois as chuvas, ao longo do tempo geológico, intemperizaram os solos deixando-os pobres em nutrientes essenciais. A textura, a baixa disponibilidade de nutrientes e a pequena profundidade de alguns solos constituem importantes elementos na distribuição das diferentes paisagens dentro das savanas.

Do ponto de vista hidrológico, no Cerrado encontram-se três das maiores bacias hidrográficas da América do Sul (Tocantins-Araguaia, São Francisco e Paraná). Por conter zonas de planalto, a região possui diversas nascentes de rios e, conseqüentemente, importantes áreas de recarga hídrica, que contribuem para grande parte das bacias hidrográficas brasileiras. Sendo assim, o Cerrado é fundamental para a manutenção do equilíbrio hidrológico do país, contribuindo com 14% do total da produção hídrica superficial brasileira (LIMA; SILVA, 2005).

Apesar da diversidade biológica e cultural que o Cerrado propicia, esse bioma tem sido um dos mais rapidamente destruídos no Brasil nas últimas décadas (SILVA Jr.; BATES, 2002; DURIGAN, 2003; KLINK; MACHADO, 2005; SILVA et al., 2006b). Tanto no Brasil quanto em outras partes do globo, domínios de vegetação não florestais, destacando-se aí as savanas, ainda não sensibilizaram suficientemente o público leigo, mesmo aquele preocupado com as questões ambientais, que tem dispensado atenção especial para as florestas tropicais (KLINK; MOREIRA; SOLBRIG, 1993; SOLBRIG; YOUNG, 1993; RATTER; RIBEIRO; BRIDGEWATER, 1997; KLINK; MACHADO, 2005).

A acelerada e desordenada ocupação do Cerrado (RATTER; RIBEIRO; BRIDGEWATER, 1997; AÇÕES..., 1999; VEGETAÇÃO..., 2000; KLINK; MACHADO, 2005) é um exemplo real dos impactos humanos negativos sobre áreas de savana. O uso da terra naquele ambiente tem se caracterizado predominantemente pelos sistemas de produção intensivos, com utilização de elevadas doses de fertilizantes e pesticidas, além de mecanização pesada, buscando produtividades máximas. Dessa forma, dos 204 milhões de hectares originais, 39% já foram completamente destruídos, tornando o Cerrado uma paisagem fragmentada, composta por ilhas inseridas numa matriz agrícola (MMA, 2006). Klink e Machado (2005) registraram como principais formas de uso da terra a implantação de pastagens (ocupando 41,56% da área nuclear do bioma), atividades agrícolas (11,35%), florestas artificiais (0,07%) e áreas urbanas (1,90%), as quais modificaram profundamente a paisagem de mais da metade da área originalmente ocupada pelo bioma. Isto, basicamente, nos últimos 35 anos (KLINK; MACHADO, 2005).

Atualmente apenas 3,18% ou 6.233.193,73ha do Cerrado estão protegidos e distribuídos entre 48 unidades de conservação federais, estaduais e municipais (MMA, 2006). Segundo Machado et al. (2004), cerca de pelo menos 20% das espécies endêmicas e ameaçadas permanecem fora dos parques e reservas existentes.

Considerada uma das 34 regiões prioritárias para o estudo e conservação da biodiversidade no mundo (MITTERMEIER et al., 2005), o Cerrado possui a mais rica e endêmica flora dentre as savanas do mundo (KLINK; MACHADO, 2005). A flora vascular nativa catalogada chega a 11.627 espécies, representada principalmente pela família Fabaceae (Faboideae, Mimosoideae, Caesalpinioideae), com 108 gêneros e 1.174 espécies (MENDONÇA

et al., 2008). Essa diversidade de flora vascular está distribuída nas diferentes fisionomias do Cerrado, desde o Campo Limpo até o Cerradão (OLIVEIRA-FILHO; RATTER, 2002).

Conservação, manejo e recuperação de ecossistemas são possíveis com o conhecimento dos conceitos teóricos envolvidos, sendo fundamental a junção de conceitos da ecologia e da genética de populações de forma a orientar as ações a serem efetuadas e definir parâmetros adequados para o seu monitoramento (KAGEYAMA; GANDARA; SOUZA, 1998).

Diversos estudos relacionados com a conservação genética de espécies do Cerrado vêm apontando que as alterações provocadas por atividades antrópicas nas últimas quatro décadas possivelmente causaram a redução da variabilidade genética das espécies por deriva genética e restrição do fluxo gênico, aumentando conseqüentemente a endogamia e conduzindo à fixação de alelos deletérios e à redução da adaptabilidade dessas espécies aos efeitos estocásticos (COLLEVATTI; BRONDANI ; GRATTAPAGLIA, 1999; COLLEVATTI ; GRATTAPAGLIA ; HAY, 2001a; VENCOVSKY, 1987; ZUCCHI et al., 2003).

A conservação da diversidade genética é uma pré-condição necessária à manutenção de todos os outros níveis da biodiversidade, sendo um componente essencial da sustentabilidade das populações (BOYLE, 2000; NAMKOONG et al., 2002). A redução dos habitats naturais e o subseqüente isolamento espacial das populações causam alterações em processos evolucionários básicos, os quais resultam em mudanças na diversidade genética. Portanto, para evitar extinções e para manter os níveis de diversidade genética é necessário que esses processos evolucionários estejam conservados (NAMKOONG et al., 2002).

2.2 Conseqüências genéticas da fragmentação de habitat

A fragmentação de habitat de origem antrópica tem sido uma das principais causas de alteração, tanto na estrutura como nos processos de diferentes paisagens (LORD; NORTON, 1990; PUTZ et al., 2001). Geneletti (2004) cita que a fragmentação, de maneira geral, caracteriza-se por três principais efeitos: aumento no isolamento dos fragmentos, diminuição em seus tamanhos e aumento da suscetibilidade aos distúrbios externos, tais como invasão por espécies exóticas ou alterações em suas condições físicas. Esses efeitos promovem, por sua vez, a redução da biodiversidade, da estabilidade dos ecossistemas e da sua capacidade de resiliência frente aos distúrbios (SAUNDERS; HOBBS; MARGULES, 1991; BASKENT, 1999). Metzger, Goldengerb e Bernacci (1999) complementam ainda que com esse processo antrópico, a estrutura

da paisagem é modificada, resultando em mudanças na composição e diversidade das comunidades.

Vários estudos detectaram que a redução do habitat natural e o subsequente isolamento espacial das populações têm conseqüências negativas sob o sucesso reprodutivo e o fluxo gênico das espécies arbóreas (McCAULEY, 1995; NASON; HAMRICK, 1997; SEOANE; SEBBENN; KAGEYAMA, 2000). Isto pode levar à redução da variabilidade genética e ao aumento de efeitos deletérios da endogamia nas progênes, resultando na depressão por endogamia, especialmente no caso de espécies com reprodução por fecundação predominantemente cruzada (CHARLESWORTH; CHARLESWORTH, 1987; ELLSTRAND, 1992; ELLSTRAND; ELLAN, 1993). Além do mais, evidências mostram que a fragmentação afeta negativamente a reprodução das plantas ao reduzir as atividades de polinização, dispersão de pólen e a formação de frutos e sementes (AIZER; FEISINGER, 1994; CUNNINGHAM, 2000; CASCANTE et al., 2002; FUCHS; LOBO; QUESADA, 2003). Estudos de genética de populações indicam que as progênes de populações fragmentadas são as mais propensas a terem sido geradas por autofecundação ou polinizadas por poucos indivíduos (HALL; WALKER; BAWA, 1996; ALDRICH; HAMRICK, 1998; SEOANE; SEBBENN; KAGEYAMA, 2000; CASCANTE et al., 2002; FUCHS; LOBO; QUESADA, 2003). O cruzamento entre indivíduos parentes e autofecundações causam redução na heterozigosidade e aumento na expressão de alelos recessivos deletérios. Estas mudanças na distribuição genotípica, que produzem depressão endogâmica, foram apontadas como responsáveis pela diminuição na produção de sementes viáveis, redução de crescimento e vigor das plântulas e minimização da sobrevivência em espécies arbóreas (BURGESS et al., 1996; WICKNESWARI; MAHANI; ZAKRI, 2000).

Plantas isoladas, mas na presença de seus polinizadores, tendem a apresentar um aumento na distância de dispersão de pólen, porém este aumento está atrelado a uma dominância de poucos doadores de pólen, o que leva a futuros gargalos genéticos (HANSON et al., 2008). A matriz antropogênica que cerca os fragmentos tende a reduzir a mobilidade de pólen e sementes pela paisagem (SMITH-RAMÍREZ et al., 2007). Independentemente do mecanismo de dispersão de pólen ou sementes, o isolamento e a impossibilidade de colonização de novas áreas aumentam a estrutura genética espacial intrapopulacional, o que pode acarretar, no futuro, em um aumento na probabilidade de cruzamentos entre indivíduos aparentados (TARAZI; MANTOVANI; REIS, 2009).

2.3 *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex S. Moore

Tabebuia aurea (Figura 2) pertence à família Bignoniaceae e é conhecida popularmente como craibeira, caraibeira, caruba, ipê-do-cerrado, ipê-amarelo-do-cerrado, ipê-amarelo, ipezinho-do-campo, para-tudo, para-tudo-do-cerrado, carobeira, carobinha e pau-d'arco (ALMEIDA et al., 1998; CABRAL; BARBOSA; SIMABUKURO, 2003).



Figura 2 - Árvore de *Tabebuia aurea* presente no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP

A família Bignoniaceae é composta por cerca de 120 gêneros e 800 espécies predominantemente neotropicais, com poucas espécies distribuídas nas regiões temperadas (GENTRY, 1979a;1979b). Na América tropical, essa família apresenta cerca de 600 espécies. No Cerrado, a família Bignoniaceae é amplamente representada pelos gêneros *Tabebuia*, *Tecoma* e *Jacaranda* (GOODLAND, 1979). Uma das hipóteses para explicar a grande riqueza de espécies de Bignoniaceae em comunidades tropicais seria que espécies simpátricas de Bignoniaceae possuem nichos específicos, sendo a interação planta-polinizador o principal fator determinante da alta diversidade intra-comunidade (GENTRY, 1974b).

Estudos abrangentes sobre a biologia reprodutiva de Bignoniaceae estão principalmente representados pelos trabalhos pioneiros de Gentry (1974a; 1974b; 1976), que mostrou que os

diferentes padrões da morfologia floral das Bignoniaceae estão vinculados a cinco grupos de vetores de pólen (morcegos, beija-flores, mariposas, borboletas, abelhas de pequeno, médio e grande porte). O referido autor, em seus estudos sobre padrões fenológicos de floração, observou e descreveu cinco padrões distintos para as Bignoniaceae da América Central (posteriormente utilizados por diversos autores, para outros grupos vegetais), concluindo que a alta diversidade dessas espécies parece estar relacionada aos diferentes padrões fenológicos apresentados. Paralelamente aos trabalhos de Gentry, destacam-se, ainda, estudos de biologia da reprodução (VIEIRA et al., 1992; GOBATO-RODRIGUES; STORT, 1992), estudos sobre o sistema de auto-incompatibilidade (GIBBS; BIANCHI, 1993; 1999; BITTENCOURT Jr.; GIBBS; SEMIR, 2003), estudos sobre nectários extraflorais (ELIAS; GELBAND, 1975; 1976; ELIAS; PRANCE, 1978; ELIAS, 1983) e estudos sobre polinização (BARROWS, 1977; WHITHAM, 1977; STEPHENSON; THOMAS, 1977; BERTIN, 1982; BARROS, 2001).

Dependendo do ambiente no qual a espécie se desenvolve, apresenta-se como perenifólia ou semidecídua ou decídua, atingindo de 4 a 20 m de altura e cerca de 30 cm de diâmetro. No Cerrado, seu tronco é tortuoso e desganhado, revestido de casca grossa, rugosa, fendida verticalmente e coloração pardacenta a negra. A copa é geralmente irregular e pouco densa, com ramos grossos e cilíndricos. As folhas são compostas digitadas, opostas, longo-pecioladas, com três a sete folíolos subcoriáceos, oblongos, lanceolados, obtusos no ápice. A inflorescência é paniculada terminal corimbosa, congesta, de 10-12cm de comprimento com grande número de flores amarelas. Os frutos são deiscentes do tipo cápsula lanceolada seca com até 15cm de comprimento, cinzento-ferrugíneos, cilíndricos e contêm cerca de 90 sementes. As sementes, de dispersão anemocórica, possuem núcleo seminífero central com alas laterais, oblongas, branco-rosadas com 2,29cm de comprimento, 1,73cm de largura e 0,31cm de espessura aproximadamente (CARVALHO, 1976; CORRÊA, 1978; GENTRY, 1992; ALMEIDA et al., 1998; BARROS, 2001; SALOMÃO; FUJICHIMA, 2002; SILVA Jr., 2005).

A disposição dos órgãos reprodutivos nas flores de *T. aurea* (Figura 3) favorece a polinização cruzada, uma vez que, no trajeto em direção ao néctar, as abelhas polinizadoras passam, necessariamente e nessa ordem, pelas áreas de recepção e de doação de pólen. Ressalta-se que o fechamento dos lobos estigmáticos contribui para reduzir a interferência destas funções (STEPHENSON; THOMAS, 1977; STEPHENSON, 1979). A grande produção de flores e a disposição das inflorescências por toda a planta certamente são responsáveis pela atração à longa

distância, o que pode ser atestado pela alta taxa de visitação, incluindo polinizadores e pilhadores (BARROS, 2001). Estas características representam uma unidade de atração para os visitantes, o que está de acordo com Wyatt (1981), Brody e Mitchell (1997) e Goulson et al. (1998), quando relatam que o arranjo das flores influencia o padrão de forrageio dos polinizadores.

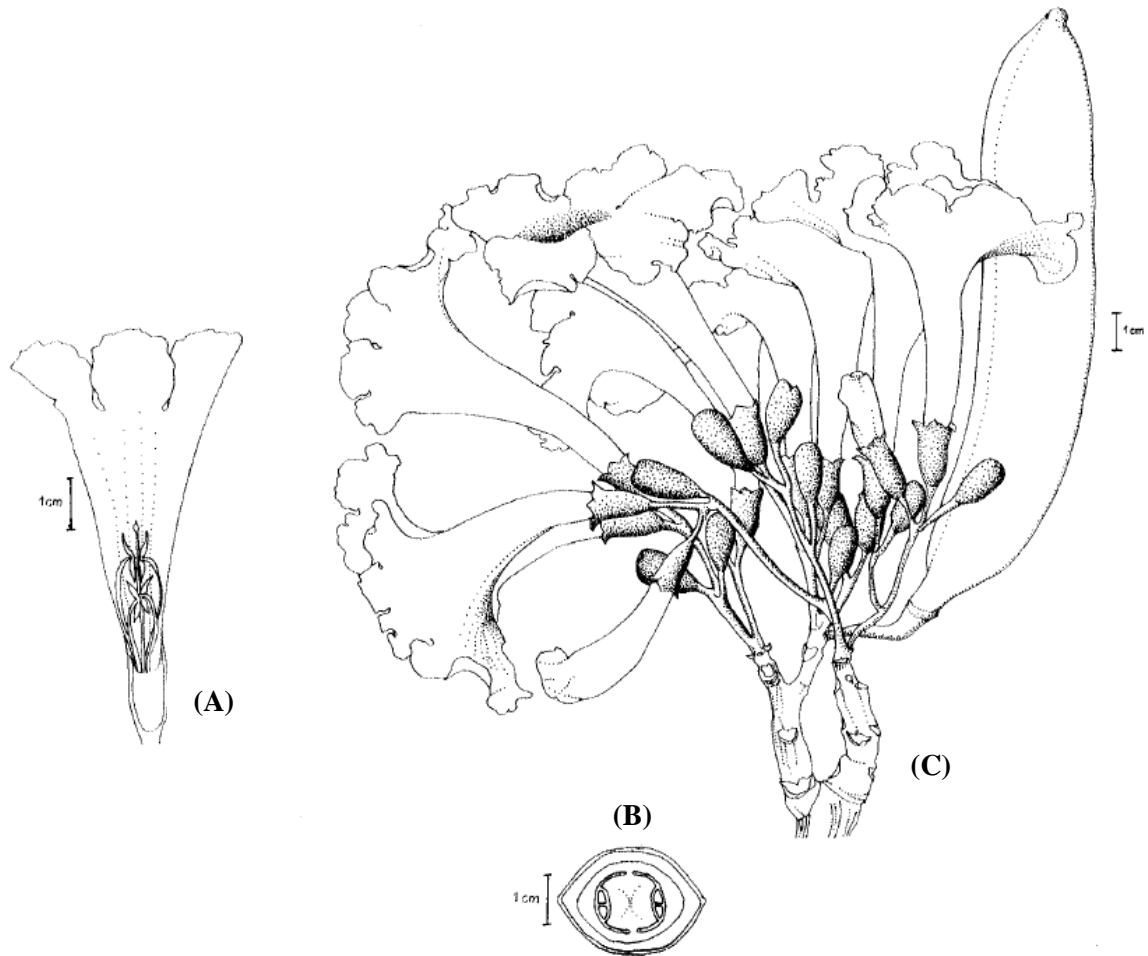


Figura 3 - (A) Seção longitudinal da flor de *Tabebuia aurea*. (B) Seção transversal do ovário de *T. aurea* mostrando o disco nectarífero. (C) Detalhes da inflorescência de *T. aurea*. Adaptado de Barros (2001)

A atividade de pilhagem de néctar, por espécies de *Xylocopa*, é muito documentada na família Bignoniaceae (GENTRY 1974a; 1974b; LAROCA; ALMEIDA, 1985; VIEIRA et al., 1992; GOBATO-RODRIGUES; STORT, 1992; GALETTO, 1995). A intensa e contínua pilhagem das flores pode diminuir a disponibilidade de néctar para os polinizadores, possivelmente obrigando-os a aumentarem a área de forrageio. Tal fato pode promover um maior número de visitas entre as plantas, aumentando, conseqüentemente, o fluxo de pólen entre as mesmas e favorecendo polinizações cruzadas (ROUBIK, 1982; ROUBIK; HOLBROOK;

PARRA, 1985; GILL, 1988). Camargo, Gottsberger e Silberbauer-Gottsberger (1984), Vieira et al. (1992) e Barros (2001) destacam que os pilhadores de néctar têm uma participação efetiva na ecologia da polinização das espécies de Bignoniaceae.

Gentry (1974a) assinala que fêmeas de *Euglossini* são os mais eficientes polinizadores em espécies melitófilas de Bignoniaceae do Panamá e da Costa Rica. Espécies de *Euglossa* são também consideradas polinizadores efetivos de outras espécies desta família (BARROWS, 1977; GENTRY, 1979a). O fato dessas abelhas terem glossa longa favorece a coleta de néctar das flores tubulares (PINHEIRO; SCHLINDWEIN, 1998).

Espécies de *Centris* são apontadas como principais polinizadores de *Tabebuia* da Costa Rica por Frankie et al. (1983). Silberbauer-Gottsberger e Gottsberger (1988) consideram espécies de *Centris*, *Bombus* e *Xylocopa* como principais polinizadores das Bignoniaceae do Cerrado.

T. aurea floresce massiva e sincronicamente, por aproximadamente um mês, durante a estação seca (julho a setembro), com antese diurna, corola tubular e é produtora de néctar. Quatorze espécies de abelhas visitam a *T. aurea*, porém somente três espécies de *Centris* e *Bombus morio* (Figura 4) são consideradas, segundo Barros (2001), polinizadores potenciais, devido a alta frequência e à eficiência no transporte do pólen. Testes de polinização artificial demonstraram que *T. aurea* é auto-incompatível, com auto-incompatibilidade de ação tardia (BARROS, 2001).



Figura 4 - Abelhas de grande porte dos gêneros *Bombus* (A) e *Centris* (B) (EOL, 2010; FREITAS; IMPERATRIZ-FONSECA, 2010)

Muitas hipóteses têm sido levantadas para explicar o modelo de baixa produção de frutos pelas Bignoniaceae, destacando-se entre elas a limitação de pólen ou de polinizadores e a limitação de nutrientes maternos - aborto seletivo (STEPHENSON, 1981; BAWA; WEBB, 1984; SUTHERLAND, 1987; CHARLESWORTH, 1989).

T. aurea é melífera e suas flores são usadas como alimento para aves e bugios e os frutos são consumidos por distintas espécies de Psitacídeos. Ainda que apresente crescimento lento, é indicada para fins ornamentais, paisagísticos e reflorestamentos em locais de solos salinos, clima seco com forte deficiência hídrica e recuperação de áreas degradadas, em plantios mistos (ANDRADE-LIMA, 1958; CARVALHO, 1978; MACHADO; PEREIRA, 1987; MADEIRA..., 2008). Sua madeira é utilizada na construção civil e naval como quilha, vigamento, esquadria, ripa, obras que precisam suportar peso, cabo de ferramenta, cepa de tamanco, selaria, caixotaria, carpintaria, marcenaria, peças curvadas, régua flexível, artigos esportivos, estábulo, cercado, taco e na produção de carvão. Possui o composto natural “lapachol” (quinona) que apresenta atividade anticancerígena, antiinflamatória tópica, analgésica, antimicrobiana, além de atividades contra *Schistosoma mansoni* (esquistossomose), *Plasmodium falciparum* (malária) e *Aedes aegypti* (transmissor da dengue) (RIZZINI; MORS, 1976; TIGRE, 1976; MACHADO; PEREIRA, 1987; CUNHA; ARAÚJO, 1989; VILELLA et al., 2000; OLIVEIRA et al., 2007).

A casca amarga é utilizada por decocção ou infusão como febrífuga de uso pré-colombiano entre os índios, antiinflamatório, depurativo, diurético, antissifilítico, para o tratamento de anemia e no preparo de xaropes para o sistema respiratório. A cocção da casca produz tinta de cor amarela usada para tingir fios de algodão. A raiz, curtida na cachaça ou no vinho, é empregada contra gripe e os brotos como depurativo e anti-séptico. As folhas contêm o alcalóide “carobina” (BRAGA, 1960; TIGRE, 1976; CORRÊA, 1978; FERREIRA, 1980; BRANDÃO, 1991; CHECKLIST..., 2006; OLIVEIRA; SCHLEDER; FAVERO, 2006).

2.4 Marcadores moleculares microsatélites

Dentre os diferentes níveis hierárquicos de biodiversidade, uma importância especial tem sido dada à diversidade genética, que é a base desta hierarquia. Ela geralmente é observada ao nível de espécie, dentro de uma mesma população ou entre diferentes populações. A diversidade genética tem papel importante na conservação de espécies ameaçadas e na manutenção de suas populações ao longo do tempo, pois espécies com baixa variação genética têm geralmente uma redução na habilidade de sobreviver a mudanças ambientais durante o seu processo evolutivo (FRANKHAM, 1995).

Tradicionalmente, a diversidade dentro de uma espécie era medida apenas pelas diferenças morfológicas, mas os métodos de detecção, baseados em dados moleculares, vêm

sendo utilizados e considerados como vantajosos sobre os métodos antigos devido ao maior número de caracteres estudados (KARP; SEBERG; BUIATTI, 1996; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Os marcadores moleculares microssatélites (SSR - *Simple Sequence Repeats*) foram encontrados no genoma de eucariotos no final da década de 80 (TAUTZ, 1989), e logo os pesquisadores perceberam os altos níveis de polimorfismo desse marcador, comprovando que se tratava de uma nova ferramenta molecular bastante eficiente, com pelo menos o dobro de informação obtida duas vezes mais rapidamente do que outros marcadores (WEBER, 1990). Um dos trabalhos mais significativos da época provou a hipervariabilidade desses marcadores em *Drosophila melanogaster* e em baleias e a sua hereditariedade no homem (TAUTZ, 1989). A partir de 1990, trabalhos encontraram esses marcadores moleculares no genoma de plantas ocorrendo com frequência similar à encontrada no genoma de vertebrados (AKKAYA; BHAGWAT; CREGAN, 1992). Sabe-se que existem microssatélites tanto no genoma nuclear das plantas (CONDIT; HUBBELL, 1991; WANG et al., 1994) como no genoma de cloroplastos (POWEL et al., 1995).

Os SSR são marcadores codominantes, ou seja, podem ser observados ambos os alelos presentes no mesmo *locus*, possibilitando a sua aplicação em estudos genéticos e ecológicos através da detecção da estrutura genética de populações isoladas e fragmentadas, o que possibilita também análises do sistema reprodutivo de plantas e animais e suas conseqüências como na porcentagem de heterozigosidade das populações (MORAND et al., 2002; COLLEVATTI; GRATTAPAGLIA; HAY, 2001b; HEUERTZ et al., 2001; WHITE; BOSHIER; POWELL, 1999). As diferentes repetições de SSR encontradas são divididas em: (i) *repetições perfeitas*, quando não apresentam nenhuma interrupção; (ii) *repetições imperfeitas*, quando são interrompidas por bases não repetidas; e (iii) *repetições compostas*, quando duas ou mais repetições de SSR estão dispostas de forma adjacente. Estas repetições compostas podem ser perfeitas ou imperfeitas (CAIXETA et al., 2006). Através dos oligonucleotídeos complementares às seqüências flanqueadoras das repetições dos microssatélites, são obtidos produtos de tamanhos variados correspondendo às expansões e/ou contrações da região repetitiva (PROVAN; POWELL; HOLLINGSWORTH, 2001).

Uma das técnicas mais importantes desenvolvida para estudos de marcadores moleculares é o PCR (*Polymerase Chain Reaction*) que consiste numa reação em cadeia por ação da enzima

DNA polimerase que copia fragmentos de DNA, desde que exposta a uma fita de DNA molde, desoxirribonucleotídeos e oligonucleotídeos usados como iniciadores pela enzima polimerásica. Dentre os seis principais marcadores moleculares, três não utilizam o PCR – isoenzimas, RFLP (*Restricted Fragment Length Polymorphism*) e minissatélites – e por isso possuem limitações quanto ao número de indivíduos analisados por estudo, principalmente por causa da grande quantidade de material genético necessário e do excessivo trabalho laboratorial com resultados demorados e custosos (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Por outro lado, os outros três são baseados em PCR – RAPD (Random Amplified DNA), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) e microsatélites – permitindo a obtenção do resultado mais rapidamente, além de possibilitarem estudos populacionais com grande número de indivíduos e também outros tipos de estudos como o de genética humana, forense, de biologia evolutiva e de biologia do desenvolvimento, devido à sensibilidade, velocidade e versatilidade do PCR (WHITE; ARNHEIM; ERLICH, 1989; WILLIAMS et al., 1990; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

As seqüências de DNA que flanqueiam os SSR são geralmente conservadas entre os indivíduos de uma mesma espécie, permitindo a seleção de iniciadores (*primers*) específicos que amplificam, via PCR, fragmentos contendo DNA repetitivo em todos os genótipos. Os produtos da amplificação podem ser observados em gel de poliacrilamida ou de agarose de alta resolução. As bandas são visualizadas no gel por meio de coloração com brometo de etídio ou nitrato de prata. Recentemente, têm sido utilizados *primers* fluorescentes em combinação com seqüenciador semiautomático de DNA (CAIXETA et al., 2006).

Os SSR possuem todas as características desejáveis para serem utilizados em estudos de genética de populações, sendo os mais utilizados para estudos populacionais (CHASE; KESSELY; BAWA, 1996; POWELL; MACHRAY; PROVAN, 1996). Além das curtas repetições em tandem, as seqüências que flanqueiam os SSR (*primers*) são conservadas. Eles são codominantes, o que permite a diferenciação entre os genótipos homozigóticos e heterozigóticos nos indivíduos analisados (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; GRATTAPAGLIA, 2001). Apresentam segregação mendeliana simples e sua expressão não é influenciada pelo ambiente. Todo loco de microsatélite é definido por um par de *primers*, sendo que a genotipagem pode ser semi-automatizada em ensaios multiplex, o que permite a análise de vários locos ao mesmo tempo, sendo transferíveis entre populações e espécies do mesmo gênero (CHASE; KESSELY;

BAWA, 1996; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; GRATTAPAGLIA, 2001; SOUZA, 2002).

Os microssatélites vêm sendo muito utilizados para responder várias perguntas relacionadas à genética de populações, como análises de fluxo gênico, paternidade e estruturação populacional, que resultam em dados sobre a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações naturais, que são essenciais para a adoção de medidas de conservação tanto *ex situ* quanto *in situ* (OLIVEIRA et al., 2006). A obtenção de dados sobre a variabilidade genética permite um melhor entendimento de processos populacionais como dispersão e migração, história demográfica de populações como gargalos e efeito fundador, detecção de híbridos entre espécies, fluxo gênico e deriva gênica, filogeografia, ecologia de paisagem como distribuição, movimentos e dispersão dos animais, e ecotoxicologia (DEYOUNG; HONEYCUTT, 2005).

A maior limitação ao uso de marcadores microssatélites é o grande trabalho necessário para o desenvolvimento e isolamento dos *loci* que contêm estes marcadores (ZANE; BARGELLONI; PATARNELLO, 2002), principalmente para plantas, cujo número de repetições de dinucleotídeos é dez vezes menor que nos primatas. Para contornar esta situação foram desenvolvidos diferentes métodos de enriquecimento de bibliotecas genômicas (WHITE; POWELL, 1997; EDWARDS et al., 1996; OSTRANDER et al., 1992). Zane, Bargelloni e Patarnello (2002) indicam diferentes tipos de isolamento de microssatélites, porém todos são bastante custosos, o que gera um empecilho para se trabalhar com estes marcadores moleculares. Após seu isolamento, faz-se necessário tornar os iniciadores desenvolvidos para a amplificação via PCR dos *loci* microssatélites funcionais através da otimização das condições ideais do próprio PCR. Este segundo passo pode tornar-se tão problemático quanto o primeiro passo de isolamento, em termos de dinheiro e tempo gastos (SQUIRRELL et al., 2003).

2.5 Diversidade genética

O conhecimento dos níveis de variabilidade genética, forma de reprodução e distribuição espacial dos genótipos dentro das populações são aspectos fundamentais quando se pretende a conservação *in situ* de uma espécie. A persistência de populações viáveis, do ponto de vista evolutivo, é crucial para a preservação dos ecossistemas e da diversidade biológica.

As populações naturais possuem em geral altos níveis de variabilidade genética intrapopulacional, que é introduzida continuamente por mutação, migração ou fluxo gênico

(MORAND et al., 2002), com exceção das espécies que têm reprodução preferencial por endogamia, o que contribui bastante para a diminuição da variabilidade genética em suas populações. Vários estudos já comprovaram que o fluxo gênico em populações de plantas pode alcançar longas distâncias, sendo importante na manutenção da variabilidade genética (CHASE et al., 1996; WHITE; BOSHIER; POWELL, 2002), que é fundamental para a manutenção e sobrevivência das espécies frente às ameaças causadas principalmente pelo homem (HEUERTZ et al., 2001).

A redução da diversidade genética pode conduzir uma espécie à extinção (SHARMA; CLEMENTS; JONES, 2000; BOUZAT, 2001; SHARMA, 2001), sendo, portanto, uma das principais ameaças à sua existência (JAGGI; WIRTH; BAUR, 2000; TANSLEY; BROWN, 2000).

Deve-se ressaltar que em muitos casos não há relação entre o tamanho da população e o nível da variabilidade genética. Populações em fragmentos pequenos normalmente apresentam diversidade genética reduzida (BROWN, 1999; TANSLEY; BROWN, 2000), mas em certos casos pode ser observado o contrário (GODT; HAMRICK; BRATTON, 1995; JAMES; ASHBURNER, 1997; BROWN, 1999). A diversidade genética nem sempre está relacionada com a extensão da distribuição geográfica da espécie. Espécies endêmicas, de distribuição restrita, normalmente apresentam diversidade genética reduzida, por apresentarem populações pequenas e isoladas (BROWN, 1999), mas podem-se encontrar exceções a este padrão (COATES; ATKINS, 2001). Por fim, a condição de pequena diversidade genética ou de distribuição geográfica restrita não necessariamente implica risco de extinção, ou melhor, tal condição pode não ter sido causada por ação antrópica. Muitos endemismos, por exemplo, encontram sua explicação em fatos históricos conhecidos, como refúgios de glaciações (FUTUYMA, 2002). Muitas espécies parecem “conviver” com a baixa diversidade, ou com populações reduzidas de distribuição muito restrita (COATES; ATKINS, 2001; FLEISHMAN et al., 2001). Em muitos casos, devido à falta de registros mais antigos, é impossível afirmar se a reduzida diversidade genética encontrada em determinada espécie é devida à flutuações demográficas recentes ou se trata de um padrão histórico da espécie (MATOCQ; VILLABLANCA, 2001).

Independentemente do padrão de diversidade genética de cada espécie, a manutenção da variabilidade genética é considerada essencial para a preservação do potencial evolutivo de

espécies (FLEISHMAN et al., 2001) e para sua sobrevivência em longo prazo (TANSLEY; BROWN, 2000).

A conservação de espécies depende da manutenção de sua diversidade genética no habitat natural (*in situ*) e de reservas genéticas *ex situ*, ou bancos de germoplasma, estes podendo ser compostos de coleções de planta vivas, sementes ou cultura de tecidos. A implantação de reservas genéticas deve ser considerada como parte de uma estratégia global de preservação, e esta necessidade é premente, tendo em vista a velocidade em que os habitats vêm sendo destruídos ou transformados.

Uma vez que o objetivo básico da preservação *in situ* é a manutenção de variabilidade genética suficiente para possibilitar evolução contínua em ecossistemas (MARTINS, 1988), o maior número de populações deve ser preservado, abrangendo toda a distribuição geográfica e toda a amplitude ecológica da espécie. Analogamente, para a conservação *ex situ*, bancos de germoplasma devem representar ao máximo a variabilidade genética da espécie. Contudo, na grande maioria dos casos, os recursos e o tempo são limitados, sendo praticamente impossível preservar todas (ou ao menos grande parte) as populações, bem como formar bancos de germoplasma completos. No caso da conservação *ex situ*, existe ainda a dificuldade de manutenção destas coleções, havendo limitações de toda sorte, inclusive de espaços disponíveis nas instituições.

Desta forma, o estudo da diversidade e estrutura genética de populações, aliado a outras áreas do conhecimento, pode fornecer informações preciosas para o planejamento e execução de programas de conservação de uma espécie. Para a conservação *in situ*, podem-se definir populações ou regiões prioritárias para a conservação, de acordo com os padrões de distribuição da diversidade genética observados para a espécie. Para isto, é fundamental conhecer quais são os locais ou populações onde a diversidade genética de uma espécie está concentrada. Da mesma forma, para a conservação *ex situ*, o conhecimento da estrutura genética de populações determina quais e quantos indivíduos de quais e quantas populações devem ser amostrados. No caso de limitações de espaço, por exemplo, pode fazer muita diferença se a espécie estará bem amostrada com poucos indivíduos.

Muitos programas de conservação de plantas raras ou ameaçadas visam a manter os níveis existentes de diversidade genética, evidenciando a importância de pesquisas em genética de populações para a conservação de espécies (JAMES; ASHBURNER, 1997). De acordo com

Zucchi (2002), o sucesso de qualquer programa de conservação depende do conhecimento da variabilidade genética existente na espécie.

2.6 Estrutura genética

A preservação da diversidade genética se tornou objetivo da maioria dos programas de conservação, e conhecer a distribuição desta diversidade entre e dentro de populações naturais é o primeiro passo (BEKESSY et al., 2002). O conhecimento do modo como a variação genética de uma espécie está distribuída entre e dentro de suas populações é essencial para a sua conservação (REIS, 1999). Atualmente, o conhecimento da estrutura genética de populações é entendido como etapa fundamental para a realização de programas conservacionistas (MARTINS, 1988; SHARMA; CLEMENTS; JONES, 2000; MAMURIS; SFOUGARIS; STAMATIS, 2001).

A estrutura genética refere-se à distribuição heterogênea (não aleatória) dos alelos e genótipos no espaço e no tempo resultante da ação de forças evolutivas tais como: mutação, migração, seleção e deriva genética que atuam dentro do contexto de cada espécie e população (HAMRICK, 1982). A estrutura genética populacional de uma espécie é resultado da ação e das interações de uma série de mecanismos evolutivos e ecológicos (MARTINS, 1987).

Os fatores que afetam a reprodução e o fluxo gênico são particularmente determinantes da estrutura genética de populações (LOVELESS; HAMRICK, 1984). Polinizadores como morcegos e beija-flores, por exemplo, devido à sua capacidade de vôos longos, promovem o aumento da diversidade genética dentro de populações, enquanto diminuem a divergência entre populações ao mantê-las ligadas por fluxo gênico. Da mesma forma, sementes dispersas pelo vento promovem o deslocamento de alelos dentro da população e eventualmente entre populações. O limitado fluxo gênico mesmo dentro de populações pode levar à formação de pequenos grupos de indivíduos geneticamente mais similares, de modo que uma população pode ser constituída de várias subpopulações geneticamente diferenciadas (FISCHER et al., 2000).

O sistema reprodutivo preferencial (autogamia/alogamia), também contribui com a determinação da estrutura genética (LOVELESS; HAMRICK, 1984). Em espécies preferencialmente alógamas, espera-se encontrar alta diversidade dentro de populações e baixa diversidade entre populações. Já em espécies autógamias, as populações apresentam pouca diversidade de genótipos, mas são bastante divergentes entre si. Outros fatores relacionados ao sistema reprodutivo que afetam a estrutura genética de populações são a morfologia floral (flores

monóicas, dióicas ou hermafroditas) e o grau de sexualidade (reprodução sexuada, assexuada, apomixia, proporção entre sexos) (LOVELESS; HAMRICK, 1984).

Além do sistema reprodutivo, a distribuição geográfica das populações (distribuição ampla ou restrita, populações próximas ou distantes, heterogeneidade de ambientes) e os componentes da história vital (taxas reprodutivas, mortalidade, duração do ciclo de vida, esforço reprodutivo) também são determinantes da estrutura genética de populações.

A caracterização da estrutura genética entre populações, através de marcadores codominantes, pode ser abordada de três maneiras diferentes: estatísticas F de Wright (WRIGHT, 1965), análise da diversidade gênica em populações subdivididas (NEI, 1977) e os coeficientes de coancestria de Cockerham (COCKERHAM, 1969; VENCOVSKY, 1992; WEIR, 1996). As três abordagens apresentam bases genéticas similares, porém, são complementares em relação ao significado biológico das estimativas obtidas (REIS, 1996).

Os dados gerados por pesquisas em genética de populações podem ser utilizados para definir unidades de conservação e prioridades para o manejo de recursos genéticos (TANSLEY; BROWN, 2000; JAGGI; WIRTH; BAUR, 2000; COATES; ATKINS, 2001; FLEISHMAN et al., 2001; JONES; GLIDDON; GOOD, 2001), indicando áreas e populações de maior ou menor urgência para a preservação e permitindo o desenvolvimento de estratégias efetivas de conservação.

2.7 Sistema de reprodução

O modo de reprodução de uma espécie tem implicações nas taxas de endogamia e grau de parentesco das futuras gerações, já que tem um papel importante na determinação da constituição dos conjuntos genotípicos, na extensão em que os genes são trocados entre indivíduos e nas taxas de emigração e imigração. Também pode ter um efeito na dinâmica de estruturação genética populacional, na heterogeneidade espacial dentro das populações e no grau em que as populações podem ser geneticamente subdivididas em decorrência da seleção e da deriva genética (HAMRICK; SCHNABEL, 1985; WICKNESWARI; MAHANI; ZAKRI, 2000). Brown (1979), Hamrick e Godt (1989) e Reis (1996), dentre outros, demonstraram que as espécies de fecundação cruzada, portanto, com um maior potencial de movimentação de genes, são tipicamente caracterizadas por altas taxas de diversidade intrapopulacional e baixa diversidade entre populações e entre subdivisões populacionais.

Espécies arbóreas tropicais reproduzem-se geralmente por altas taxas de cruzamentos ($>0,9$; SEBBENN, 2003), embora muitos estudos mostrem que parte desses cruzamentos são endogâmicos e biparentais (JAMES et al., 1998; COLLEVATTI; GRATTAPPAGLIA; HAY, 2001a; CASCANTE et al., 2002; FUCHS; LOBO; QUESADA, 2003). O sistema de reprodução dessas espécies pode ser afetado por sistemas de auto-incompatibilidade (BAWA; PERRY; BEACH, 1985; GIBBS; OLIVEIRA; BIANCHI, 1999), evitando autofecundações e cruzamentos endogâmicos, por variações na fenologia de florescimento e diferenças na maturidade reprodutiva das plantas, reduzindo o tamanho da vizinhança reprodutiva das populações. Variações na densidade populacional (MURAWSKI; HAMRICK, 1992) e fatores antropogênicos como fragmentação florestal e corte seletivo de árvores também podem afetar o sistema de reprodução dessas espécies (NASON; HAMRICK, 1997; ALDRICH; HAMRICK, 1998; DICK; ETCHELECU; AUSTERLITZ, 2003; DEGEN; BANDO; CARON, 2004; LOWE et al., 2005).

A baixa densidade populacional, a presença de sistemas de auto-incompatibilidade e as conseqüentes altas taxas de cruzamento de muitas espécies arbóreas dos trópicos tornam-nas vulneráveis à fragmentação (CASCANTE et al., 2002). Estudos recentes indicam que a taxa de cruzamento e o número de parentais polinizadores contribuindo para a descendência diminui em populações fragmentadas e em árvores isoladas, comparativamente a populações contínuas (YOUNG; BOYLE; BROWN, 1996; JUMP; PENUELAS, 2006).

A maioria das angiospermas apresenta flores hermafroditas (SEAVEY; BAWA, 1986), o que otimiza a visita dos animais, mas, ao mesmo tempo aumenta as chances de auto-polinização. Autogamia e geitonogamia, ainda que vantajosas sob determinadas condições - por exemplo, para a manutenção de características maternas necessárias para a sobrevivência dos descendentes em um nicho particular (RICHARDS, 1997) - têm conseqüências na qualidade dos descendentes. Nas flores hermafroditas, algumas características, como dicogamia e hercogamia, são interpretadas em parte como adaptações para reduzir auto-polinizações. Sistemas genéticos também atuam no esforço para diminuir o nível de endogamia, como a auto-incompatibilidade resultante da impossibilidade de grãos de pólen aderirem ou germinarem no estigma, ou da impossibilidade do tubo polínico germinar ou penetrar no estilete (RICHARDS, 1997), sendo este um dos meios pelos quais as taxas de reprodução cruzada são otimizadas, aumentando conseqüentemente a variabilidade genética. Diversos fatores estão envolvidos nos sistemas de auto-incompatibilidade, como o número de locos, o número de alelos em cada loco, dominâncias

e sistemas de *linkage* (RICHARDS, 1997). O reconhecimento e a rejeição do próprio pólen podem ainda variar de acordo com a idade do estigma e do pólen ou por condições ambientais (STEPHENSON; BERTIN, 1983). Um número crescente de estudos a respeito dos sistemas de auto-incompatibilidade tem demonstrado sua atuação após a entrada do tubo polínico no ovário e até mesmo após a sua penetração no óvulo, fato que parece estar restrito às floras tropicais ou subtropicais (SEAVEY; BAWA, 1986).

Os mecanismos de auto-incompatibilidade de ação tardia podem ocorrer antes da fertilização com o bloqueio do crescimento dos tubos polínicos em diversas etapas: no momento em que alcançam o ovário, o óvulo ou o nucelo (RICHARDS, 1997). Os mecanismos de ação tardia podem ocorrer ainda após a fertilização, causando o abortamento de óvulos imediatamente após a fertilização, ou como consequência da degeneração do endosperma ou falência do embrião (RICHARDS, 1997). Outras consequências do sistema de auto-incompatibilidade de ação tardia são a abscisão da flor, mesmo com embrião e endosperma se desenvolvendo aparentemente normais, e o abortamento do fruto devido ao desenvolvimento de poucos óvulos fertilizados com pólen estrangeiro (BERTIN, 1982).

O aborto de sementes pode também estar relacionado com a posição do óvulo no ovário (CASPER; WIENS, 1981) ou ainda com o genótipo do zigoto. Seavey e Bawa (1986) enfatizam a necessidade de se distinguir entre sistema de auto-incompatibilidade de ação tardia pós-fertilização e abortamento ovular resultante de depressão endogâmica em embriões auto-fertilizados, decorrente da homozigose de genes deletérios ou letais.

Torna-se importante ressaltar que quando se pretende coletar sementes de polinização aberta de espécies arbóreas tropicais para fins de restauração ambiental, implantação de bancos de germoplasma ou mesmo testes de progênies para programas de melhoramento florestal, o conhecimento do sistema de reprodução das espécies é de fundamental importância, pois determina a estrutura genética na geração descendente. Quanto maior é a taxa de cruzamento e o tamanho da vizinhança reprodutiva e menor forem as taxas de cruzamento entre parentes e cruzamentos biparentais, menor será a endogamia e a coancestria dentro das progênies e, conseqüentemente, maior será o tamanho efetivo de cada progênie, de forma que um menor número de progênies será necessário para reter um determinado tamanho efetivo alvo da amostra. Portanto, a chave para amostrar corretamente as populações é o conhecimento do seu sistema de reprodução.

2.8 Fluxo gênico

Fluxo gênico é definido como o movimento de genes em populações e, portanto, inclui todos os movimentos de gametas, propágulos e indivíduos que efetivamente trocam genes em sua distribuição espacial (NEIGEL, 1997). Slatkin (1985) também define fluxo gênico (ou fluxo alélico) como um termo coletivo que inclui todos os mecanismos que resultam no movimento de alelos de uma população para outra.

Ainda, Levin e Kerster (1974) definem fluxo gênico potencial como a deposição do pólen e sementes a partir de uma população fonte em função da distância. O fluxo gênico efetivo, segundo os autores, refere-se à incidência de fertilização (no caso de pólen) e ao estabelecimento de indivíduos reprodutivos (no caso de sementes), em função da distância da população fonte e do fluxo gênico no tempo.

O fluxo gênico tem sido amplamente discutido em relação à sua magnitude e influência na estrutura genética das populações. A importância do fluxo gênico principalmente em populações naturais está na homogeneização das frequências alélicas entre as populações pequenas. Deste modo, mesmo que separadas geograficamente elas comportam-se como uma grande população panmítica. Com frequências alélicas que antes do fluxo eram diferentes, depois do fluxo elas se tornaram homogêneas entre si. A sua maior importância está na manutenção da diversidade genética e do polimorfismo. Em plantas, a transferência de genes pode ocorrer tanto pelo movimento de organismos individuais (sementes, rizomas, estolões), como pelo movimento de gametas (pólen) (ZUCCHI, 2002).

O fluxo gênico pode ser quantificado através de medidas diretas e indiretas. As medidas diretas referem-se ao fluxo gênico contemporâneo, enquanto que as indiretas são baseadas na estrutura de populações e referem-se ao fluxo gênico histórico, ou passado (ZUCCHI, 2002).

A análise de paternidade tem sido o método direto mais empregado no estudo de dispersão de pólen e sementes (DICK et al., 2008). Métodos indiretos que avaliam a distância de dispersão de pólen podem ser obtidos através da análise TwoGENER (SMOUSE et al., 2001), que se baseia na divergência genética do conjunto de alelos contido no pólen das árvores-mãe. Esse método é útil para estudar o fluxo gênico via pólen quando há dificuldade de se localizarem todos os indivíduos potencialmente reprodutivos e para se testarem estatisticamente diferenças entre médias de distâncias de dispersão de pólen, entre locais e ambientes (DYER et al., 2004). Outro método indireto de estimar o fluxo gênico é através da estrutura genética espacial (EGE)

intrapopulacional. A EGE intrapopulacional avalia principalmente a dispersão restrita de sementes, uma vez que para a existência de um evento de fluxo gênico faz-se necessário o estabelecimento de sementes no habitat (HARDY et al., 2006).

A polinização e a dispersão de sementes são dois estágios independentes e críticos do fluxo gênico. Usualmente, esses dois estágios envolvem a interação de fatores abióticos e de animais que propiciam a dispersão de pólen e sementes (STEFFAN-DEWENTER; WESTPHAL, 2008).

Polinização e dispersão são processos ecológicos críticos que afetam diretamente o sucesso reprodutivo das plantas, podendo sua ruptura levar à perda de espécies (CORLETT; TURNER, 1997; WUNDERLEE Jr., 1997; MACHADO; LOPES, 2004). Alterações ambientais podem levar à extinção das plantas, tanto através de ações diretas sobre elas quanto através de efeitos indiretos nos polinizadores e/ou nos dispersores (LAURENCE; BIERREGAARD Jr., 1997). A dispersão de diásporos é um dos processos que podem acelerar a regeneração de florestas degradadas e é fundamental para a restauração da biodiversidade (WUNDERLEE Jr., 1997). Muitas vezes, os polinizadores e dispersores são capazes de transportar uma grande quantidade de pólen e sementes a longas distâncias (HARDESTY; HUBBELL; BERMINGHAM, 2006), dessa forma, podendo conectar os fragmentos florestais e favorecer a colonização de novas áreas (TEWKSBUY et al., 2002).

As relações entre planta, polinizador e dispersor são muito importantes na estruturação de comunidades, pois podem influenciar na distribuição espacial, na riqueza e na abundância de espécies, na estrutura trófica e na dinâmica fenológica (JANZEN, 1970; SMITH, 1973; HEITHAUS, 1974; BAWA et al., 1985).

As principais pressões seletivas sobre as estratégias de polinização e de frutificação decorreriam do ambiente em que as plantas ocorrem (dossel, subbosque, floresta fechada, clareiras, borda, etc.), da forma da planta, da predação, da competição entre espécies que dependem dos mesmos polinizadores e dispersores, e da estacionalidade climática (OPLER; FRANKIE; BAKER, 1980; HOWE; SMALLWOOD, 1982; WALLER, 1988; DREZNER; FALL; STROMBERG, 2001). Como a estrutura vertical da vegetação resulta na estratificação de recursos alimentares e do microclima, a comunidade de animais também é estratificada, de modo que cada estrato da vegetação tem seus polinizadores e dispersores característicos (SMITH, 1973). As diferentes condições ambientais entre os estratos das fisionomias vegetais,

especialmente diferenças de umidade, iluminação e movimentação de ar, aumentam as diferenças entre nichos ecológicos (ROTH, 1987).

Opler, Frankie e Baker (1980), Roth (1987) e Killeen et al. (1998), entre outros, observaram que o tipo predominante de dispersão de diásporos também diferia entre os estratos verticais em florestas tropicais. Morellato e Leitão-Filho (1992) encontraram diferenças entre os tipos de dispersão predominantes em cada estrato de fragmentos da Floresta Estacional Semidecidual no sudeste brasileiro. Síndromes anemocóricas têm sido encontradas em áreas de vegetação mais aberta (HOWE; SMALLWOOD, 1982; DREZNER; FALL; STROMBERG, 2001) e nas margens das matas (OLIVEIRA; MOREIRA, 1992). Também a autocoria seria mais vantajosa em locais abertos (ROTH, 1987).

Alguns estudos realizados sobre a dispersão de sementes de plantas do Cerrado *sensu stricto* mostraram que a maioria destas espécies é zoocórica (GOTTSBERGER; SILBERBAUER-GOTTSBERGER, 1983; BATALHA; MANTOVANI, 2000). Os dados encontrados por Oliveira e Moreira (1992), em um cerrado do Brasil Central, sugerem que a anemocoria é mais comum em fisionomias abertas do que em formações florestais, confirmando a afirmação de Howe e Smallwood (1982) de que a falta de um dossel contínuo favorece as espécies com dispersão pelo vento.

Gentry (1982) observou que, nas florestas neotropicais, a proporção de espécies zoocóricas diminui das áreas úmidas em direção às áreas secas. Trabalhos realizados em florestas tropicais úmidas mostraram que a proporção de espécies anemocóricas foi inferior a 20% e a proporção de zoocóricas superior a 80% (GENTRY, 1982; MORELLATO; LEITÃO-FILHO, 1992; TALORA; MORELLATO, 2000). Vieira et al. (2002) mostraram que, em áreas de Cerrado *sensu stricto* e das savanas amazônicas, a proporção de espécies anemocóricas foi superior a 26,7% e a de zoocóricas inferior a 68,3%. Estes dados confirmam a importância das espécies anemocóricas em áreas abertas. No mesmo estudo, os autores relatam que todas as espécies que ocorreram nas áreas de savanas amazônicas apresentaram sementes aladas ou endozoocóricas, dispersas principalmente por aves e mamíferos, indicando que estes modos de dispersão fornecem a colonização de áreas distantes e/ou isoladas. Tal fato está de acordo com as idéias propostas por Kubitzki (1983), que ressaltou a importância de diásporos dispersos pelo vento e por aves entre as espécies de savana.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Áreas de estudo e amostragem

Os trabalhos de campo foram realizados em regiões dos Estados de São Paulo e do Mato Grosso do Sul, ambas com remanescentes do bioma Cerrado (Figura 6). Oito populações naturais de *Tabebuia aurea* foram amostradas, três delas em uma Unidade de Conservação Estadual localizada no município de Pedregulho-SP (Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus) e, as populações restantes, em fragmentos de Cerrado pertencentes a propriedades particulares dos municípios de Assis-SP, Selvíria-MS e Três Lagoas-MS.

O desenho amostral consistiu em três populações em Assis, três em Pedregulho, uma população em Selvíria e uma em Três Lagoas (Tabela 1).

As áreas de busca foram bastante extensas, isso para que se pudesse alcançar um número razoável de árvores para a amostragem e genotipagem. Foram identificados ao longo da pesquisa pequenos núcleos de Cerrado contendo indivíduos jovens ($DAB < 15\text{cm}$) de *T. aurea* em sua maioria e poucas árvores maiores isoladas na paisagem antrópica, o que se verifica pelos baixos valores de diâmetros médios encontrados para as populações (Tabela 1). Por sua vez, considerou-se todo o esforço amostral para os cálculos das densidades, subtraindo-se as áreas referentes às estradas e às culturas anuais e perenes, ou seja, foram tomadas apenas as áreas em que a espécie estava presente, tais como, pastagens e vegetação natural, principalmente. A Tabela 1 resume os dados demográficos das populações no período em que foram mapeadas (anos base: 2007, 2008 e 2009).

Tabela 1 - Áreas de amostragem (ha)³, números de indivíduos, diâmetros médios e densidades das oito populações naturais de *Tabebuia aurea* estudadas

População	Área (ha)	<i>n</i>	DAB _{med}	<i>d</i>
Assis-SP				
1	3,06	56	12,88	18,30
2	0,95	20	12,37	21,05
3	0,53	14	9,33	26,41
Pedregulho-SP				
1	6,07	15	18,53	2,47
2	8,17	44	10,36	5,38
3	9,46	51	14,38	5,39
Selvíria-MS	770	36	18,39	0,05
Três Lagoas-MS	9,01	54	10,30	5,99

Nota: *n* = número de indivíduos; DAB *med* = diâmetro da base médio (cm); *d* = densidade (relação de indivíduo por hectare)

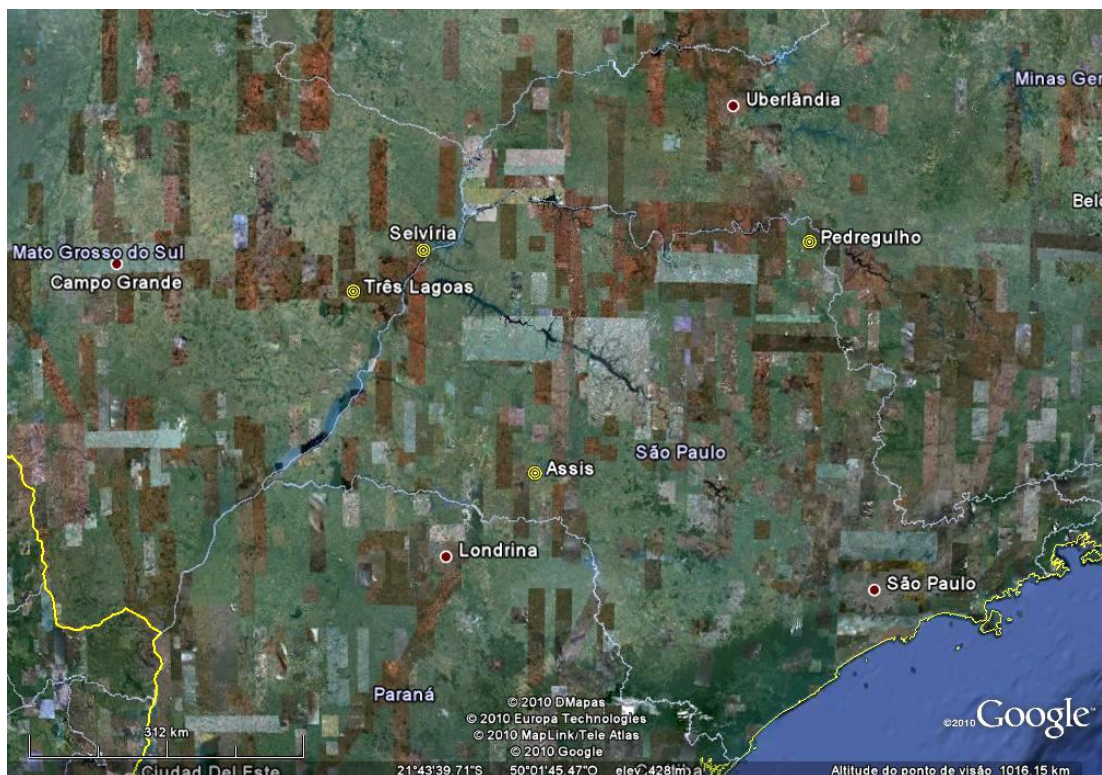


Figura 6 - Municípios dos Estados de São Paulo e do Mato Grosso do Sul nos quais o estudo foi realizado. Fonte: Mapa base Google Earth, 2010

³ O cálculo das áreas (em hectares) foi efetuado através do *software* Mapasource®/Garmin®.

3.1.1 Assis-SP

Parte do estudo foi realizada em três remanescentes de Cerrado situados no entorno da Estação Ecológica de Assis, município de Assis, a oeste do Estado de São Paulo, entre as coordenadas geográficas 22°33'65" a 22°36'68" latitude Sul e 50°23'00" a 50°22'29" latitude Oeste. As áreas estão inseridas no Planalto Ocidental Paulista, com altitudes que variam de 500 a 590m. O município de Assis está estabelecido no Planalto Ocidental do Estado de São Paulo. Nesta região, o material de origem é formado tanto por arenito do grupo Bauru (Cretáceo Superior) como por depósitos superficiais de textura média (do Cretáceo ao Pleistoceno) e depósitos coluviais recentes (do Pleistoceno ao Holoceno) (LEPSCH; BUOL; DANIELS, 1977). Nas áreas de estudo os solos formados são geralmente de textura média a arenosa, com o predomínio de Latossolo Vermelho Distrófico, solo tipicamente ácido e de baixa fertilidade, com elevados teores de alumínio (BOLOGNA et al., 2003). O clima regional se enquadra no sistema Köppen como *Cwa*, transição para *Cfa*, ou seja, mesotérmico de inverno úmido, com temperaturas médias no inverno próximas a 17°C em junho e julho e pouco superiores a 22°C nos meses de novembro a março. A precipitação média anual é de 1468mm, não sendo menor que 40mm em média no mês de agosto, o mais seco (BOLOGNA et al., 2003).

O entorno da Estação Ecológica contém proporções variáveis de espécies de Cerrado e de Floresta Estacional Semidecidual. Disso resulta um gradiente vegetacional, de modo que muitas vezes é impossível classificar os remanescentes como representativos deste ou daquele bioma. A vegetação predominante é característica de cerradão (Figuras 7 e 8), mas há vários fragmentos preservando espécies de Floresta Estacional Semidecidual (MAX et al., 2007). De acordo com o Instituto Florestal (2005), o Cerrado da região de Assis é considerado muito rico e diversificado, riqueza esta, consequência da diversidade de fisionomias e da condição ecotonal.

Três populações naturais de *Tabebuia aurea* foram utilizadas para a avaliação de aspectos ecológicos e genéticos. Tais populações, distantes cerca de 6,5 Km entre si, estão inseridas em pequenos fragmentos de Cerrado delimitados, principalmente, por carregadores de cana-de-açúcar e rodovias. As propriedades limítrofes são, em sua maioria, do próprio Estado (Instituto Florestal e Instituto Agrônomo de Campinas), havendo propriedades rurais particulares. A matriz predominante é composta por plantações de cana-de-açúcar e pastagens.



Figura 7 - Fisionomia de Cerrado presente em Assis-SP (População 1)



Figura 8 - Fisionomia de Cerrado presente em Assis-SP (População 2)

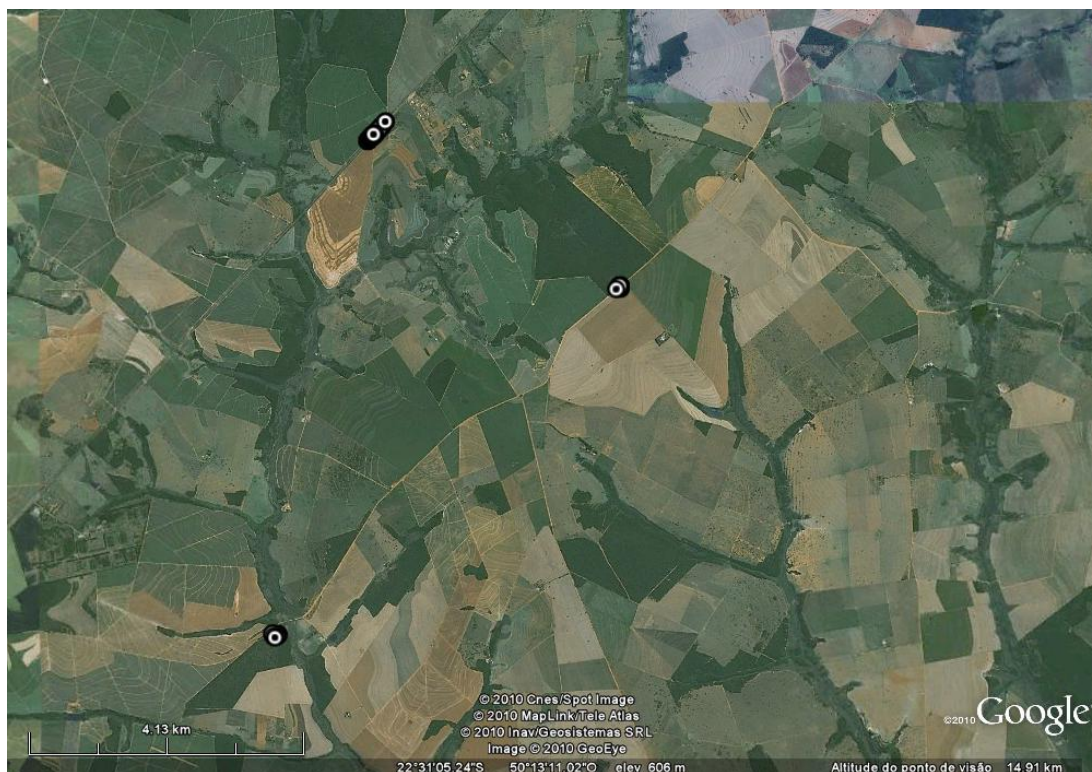


Figura 9 - Localização das populações de *Tabebuia aurea* mapeadas no Cerrado de Assis-SP. Fonte: Mapa base Google Earth, 2010

3.1.2 Pedregulho-SP

O município de Pedregulho localiza-se no extremo nordeste do Estado de São Paulo, entre as coordenadas 20°11'14" a 20°16'34" latitude Sul e, 47°22'13" a 47°29'17" longitude Oeste (BERTONI et al., 1988). Situa-se no Planalto Ocidental Paulista, na Bacia Sedimentar do Paraná (ROSS; MOROZ, 1997). O clima é do tipo *Cwa* de Köppen, Temperado Moderado Chuvoso, com chuvas periódicas, inverno seco não rigoroso e temperatura mais quente superior a 22°C, ou do tipo Tropical Subquente Semi-Úmido, com período seco de quatro a cinco meses (NIMER, 1979).

O Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, criado em 1989, é a única unidade de conservação do nordeste de São Paulo. Sua área é de 2.069,06 ha e engloba parte da bacia do córrego do Pedregulho (BRANCO et al., 1991; BARBOSA; NUNES, 2001). A maior parte do Parque é coberta por capoeiras baixas e Florestas Estacionais Semidecíduais primárias (BARBOSA; NUNES, 2001), que ocupam as escarpas das furnas e o fundo do vale do córrego do Pedregulho. Nas regiões mais elevadas, existem áreas de Cerrado com diferentes fisionomias:

campo sujo, campo cerrado e cerrado *sensu stricto* (LUZ, 2000). O solo é predominantemente constituído por Latossolos (LR, Lva, La e Lv) (FRANCO et. al., 2007).

No Cerrado de Pedregulho ocorre alta proporção de espécies raras com distribuição restrita (BARBOSA, 1999; DURIGAN et al., 2003). Existem ainda grupos menores floristicamente distintos, relacionados a condições ambientais particulares, como os do extremo nordeste de São Paulo. A região na qual o município se insere é de prioridade máxima de conservação da biodiversidade por suas características ecológicas (MMA, 2006).

As árvores de *Tabebuia aurea* foram encontradas na fisionomia mais típica de Cerrado e presente em maior proporção no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus. Esta fisionomia foi descrita por Coutinho (2009) como Cerrado *sensu stricto* (Figura 10), caracterizado pela presença de árvores baixas, inclinadas, tortuosas, com ramificações irregulares e retorcidas e geralmente com evidências de queimadas. As plantas lenhosas apresentam troncos com cascas com cortiça grossa, fendidas ou sulcadas e as gemas apicais de muitas espécies são protegidas por pilosidades. As folhas são, em geral, rígidas e coriáceas, caracteres considerados como xeromórficos por muitos autores (COUTINHO, 2009).



Figura 10 - Fisionomia de Cerrado presente no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP



Figura 11 - Indivíduo de *Tabebuia aurea* selecionado para a coleta de amostras foliares, Pedregulho-SP

Cerca de 850 ha foram percorridos no interior do Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus e em regiões limítrofes. Nestas áreas foram mapeadas e amostradas três populações naturais de *T. aurea* distantes em média 3,8 Km entre si. As árvores apresentaram uma alta agregação espacial, contudo, árvores isoladas na paisagem também foram amostradas.

A matriz predominante no entorno do Parque é composta principalmente por plantações de café e pastagens.



Figura 12 - Localização das populações de *Tabebuia aurea* mapeadas no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP. Fonte: Mapa base Google Earth, 2010

3.1.3 Selvíria-MS

Em Selvíria-MS, uma população de *Tabebuia aurea* foi mapeada e amostrada na Fazenda de Ensino e Pesquisa da Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira, da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, situada na margem direita do Rio Paraná, cujas coordenadas geográficas são 51°22’ W e 20°22’ S, com 335m de altitude. A área, com aproximadamente 500 ha, encontra-se em processo de regeneração desde o início da década de 70, quando passou por remoções de camadas de solo para utilização nos aterros da construção da Usina Hidrelétrica de Ilha Solteira. Segundo a classificação de Köppen, o clima da região é do tipo *Aw*, definido como tropical úmido com estação chuvosa no verão e seca no inverno, apresentando temperatura média anual de 24,5°C, precipitação pluviométrica média anual de 1370mm e umidade relativa média de 64,8% (HERNANDEZ; LEMOS-FILHO; BUZETTI, 1995). O solo foi classificado como Latossolo Vermelho Distrófico típico, argiloso, A moderado, hipodistrófico, álico, caulínítico, férrico, compactado, muito profundo, moderadamente ácido, fase cerrado, relevo suave ondulado (LVd) (EMBRAPA, 1999). O bioma da região é o Cerrado

com alto grau de perturbação antrópica. A paisagem é caracterizada por grandes extensões de pastagens com alguns poucos fragmentos pequenos de Cerrado (Figura 13). A vegetação original encontrada na área foi descrita como Cerrado com diferentes fisionomias: campo sujo, campo cerrado e cerrado *sensu stricto*, além de conter capoeiras baixas e floresta estacional (DEMATTÊ, 1980).

A matriz predominante no entorno da área de estudo é composta principalmente por pastagens degradadas. Árvores isoladas na paisagem antrópica também foram amostradas (Figura 14).



Figura 13 - Fisionomia de Cerrado presente em Selvíria-MS



Figura 14 - Árvore de *Tabebuia aurea* isolada (margem da Rodovia BR-158)

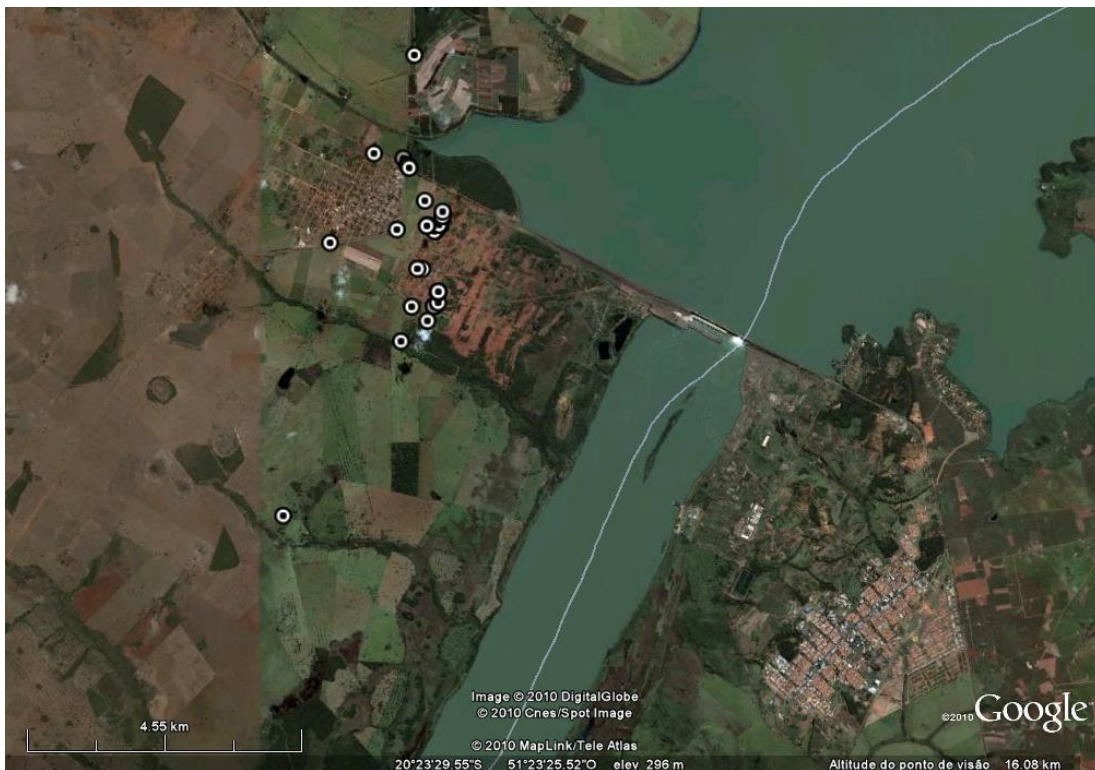


Figura 15 - Localização da população de *Tabebuia aurea* mapeada em Selvíria-MS. Fonte: Mapa base Google Earth, 2010

3.1.4 Três Lagoas-MS

Em Três Lagoas-MS, a população foi mapeada e amostrada em uma área de reserva legal da empresa VCP – MS Celulose Sul Mato-Grossense Ltda, cuja base florestal está localizada a leste de Mato Grosso do Sul, abrangendo cinco municípios do Estado: Água Clara, Brasilândia, Ribas do Rio Pardo, Selvíria e Três Lagoas. A empresa possui 1549,86 ha de mata nativa composta por reserva legal e área de preservação permanente (TOMÉ et. al., 2010).

O clima da região é classificado como “clima tropical quente úmido”, podendo ser enquadrado no clima *Aw* e *Cwa* de Köppen, com temperatura mínima de 13,9°C e máxima de 32,3°C. A precipitação mínima registrada na região foi de 1020mm e a máxima foi de 1300mm. Na área de estudo os Latossolos Vermelhos são dominantes, sendo também a classe de solo mais representativa do Estado do Mato Grosso do Sul, ocorrendo desde o extremo nordeste até a região sul, acompanhando uma larga faixa ao longo do rio Paraná (TOMÉ et. al., 2010).

A cobertura vegetal predominante no município de Três Lagoas e regiões circunvizinhas abrange uma área extensa apresentando um conjunto fitogeográfico uniforme, pois possui em sua paisagem inclusões de campo limpo, floresta estacional, cerrado *sensu strictu* e cerradão (TOMÉ et. al., 2010).

A matriz predominante no entorno da área de estudo é composta principalmente por pastagens e plantações de *Eucalyptus* e, a fisionomia predominante é classificada como cerradão (Figura 16).



Figura 16 - Fisionomia de Cerrado presente em Três Lagoas-MS



Figura 17 - Localização da população de *Tabebuia aurea* mapeada em Três Lagoas-MS. Fonte: Mapa base Google Earth, 2010

3.2 Desenvolvimento

Para as análises da diversidade genética, da estrutura genética espacial e do fluxo gênico entre populações, amostras foliares de 90, 110, 36 e 54 árvores adultas da espécie foram coletadas em Assis, Pedregulho, Selvíria e Três Lagoas, respectivamente, totalizando 290 plantas adultas para a genotipagem.

Todas as plantas marcadas, além de suas localizações geográficas, tiveram suas medidas de DAB (diâmetro da base) anotadas. Plaquetas de alumínio com a identificação numérica individual das plantas foram fixadas com pregos. A localização dos pontos foi feita através de coordenadas geográficas, a partir de GPS (Sistema de Geoposicionamento Global) (76S, Garmin[®]).

Dado o aspecto da baixa densidade populacional e raridade da espécie em algumas áreas de amostragem, a estratégia de coleta consistiu em percorrer a área de cada um dos remanescentes, coletando-se folhas de todos os indivíduos de *Tabebuia aurea* avistados. Após a coleta, as folhas foram embaladas em sacos de papel Kraft identificados com o número da planta de origem, secas em sílica-gel (previamente secas em estufa à 85° C por 48 horas) e transportadas ao Laboratório de Reprodução e Genética de Espécies Arbóreas (LARGEA), do Departamento de Ciências Florestais da ESALQ/USP, onde permaneceram armazenadas até que as atividades de extração de DNA fossem iniciadas.

Todas as amostras foram compostas por uma folha ou poucos folíolos jovens de cada indivíduo, retirados com o auxílio de uma tesoura de poda.

A coleta de frutos de *T. aurea* (Figura 18), com o objetivo de produzir progênies para o estudo do sistema de reprodução e análise de paternidade, foi realizada durante os meses de setembro e outubro de 2007 na população de Assis-SP e em outubro de 2008 no Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus (Pedregulho-SP). Os frutos foram coletados de árvores adultas com o auxílio de tesoura de poda alta.



Figura 18 - Árvore de *Tabebuia aurea* com frutos, Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP

Depois de colhidos, os frutos foram deixados à sombra por cerca de duas semanas para secarem até sua deiscência natural, quando necessário, expondo suas sementes que foram coletadas manualmente. Estas foram acondicionadas em sacos identificados de papel Kraft e armazenadas em ambiente climatizado ($\pm 18^{\circ}\text{C}$) do Setor de Reprodução do Laboratório de Reprodução e Genética de Espécies Arbóreas (LARGEA/ESALQ/USP), até serem colocadas para germinar.

Do total de árvores marcadas, 15 matrizes foram selecionadas em cada população (Assis e Pedregulho). O número de progênies resultantes de cada matriz foi variável, contudo, foram selecionadas 25 plântulas de cada matriz para cada procedência, totalizando 750 progênies para extração e quantificação do DNA.

A metodologia para a produção das progênies consistiu na utilização de bandejas de polietileno forradas com vermiculita média umedecida (aproximadamente 250mL de água destilada/bandeja). Em cada bandeja foram colocadas superficialmente cerca de 50 sementes (sem alas) recobertas com vermiculita fina e mantidas em câmara de germinação à temperatura de 25°C e iluminação constante. As observações foram constantes e o processo de germinação teve início sete dias após a montagem das bandejas. As sementes remanescentes que se apresentaram deterioradas foram removidas dos recipientes e descartadas.



Figura 19 - Progênies de *Tabebuia aurea* em desenvolvimento

Após atingirem cerca de oito centímetros de comprimento (30 dias após o início do processo de germinação), as plântulas foram mantidas em condições de laboratório, com luminosidade natural e temperatura ambiente (Figura 19).

3.3 Procedimentos laboratoriais

O trabalho laboratorial foi executado no Laboratório de Reprodução e Genética de Espécies Arbóreas - LARGEA, do Departamento de Ciências Florestais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), em Piracicaba-SP, com a colaboração da Faculdade de Engenharia/UNESP, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP.

As análises genéticas laboratoriais correspondentes à extração e quantificação do DNA foram realizadas em 1040 amostras (290 adultos + 750 progênies).

3.3.1 Extração e quantificação do DNA

A extração do DNA genômico total das amostras foi realizada a partir de cerca de 150mg de tecido vegetal macerado com nitrogênio líquido. O protocolo utilizado foi o CTAB descrito por Ferreira e Grattapaglia (1998), de acordo com as seguintes etapas: (1) Em tubos do tipo *ependorffs* de 1,7 mL, devidamente identificados para cada amostra, foram adicionados 700 μ L de tampão de extração (pré-aquecido a 65°C) nos cerca de 150mg do tecido macerado, então agitados para ressuspender o tecido no tampão; (2) foram levados ao banho-maria (65°C) por 60 minutos, agitando-os manualmente a cada 10 minutos; (3) após serem retirados do banho-maria e resfriados até a temperatura ambiente, foram adicionados aos tubos 600 μ L de clorofórmio-álcool

isoamílico (24:1) e agitados invertendo-os por pelo menos 50 vezes até que se formasse uma emulsão homogênea; (4) os tubos foram centrifugados por 10 minutos a 13.000 rpm; (5) o sobrenadante de cada amostra foi transferido para um novo tubo também identificado; (6) foram adicionados 400µL de isopropanol frio (mantido a -20°C) e homogeneizado suavemente até formar um precipitado; (7) os tubos foram armazenados em freezer (-20°C) por 60 minutos; (8) posteriormente foram centrifugados durante 10 minutos a 13.000 rpm para formação dos *pellets*; (9) foi descartado o máximo de sobrenadante invertendo os tubos sem perder os *pellets*; (10) estes foram lavados em 500µL de etanol 70% por duas vezes; (11) foram adicionados 500 µL de uma solução 2M de NaCl para a dissolução total do *pellet*; (12) os *eppendorffs* foram levados novamente ao banho-maria (65°C) por 10 minutos, agitando-os manualmente aos 5 minutos; (13) os tubos foram então incubados a 4°C por 60 minutos; (14) posteriormente foram centrifugados durante 10 minutos a 13.000 rpm; (15) o sobrenadante foi retirado para um novo *eppendorff* e a precipitação do DNA foi promovida com a adição de 400µL de isopropanol frio (mantido a -20°C); (16) posteriormente os *eppendorffs* foram centrifugados durante 10 minutos a 13.000 rpm para formação dos *pellets*; (17) foi descartado o máximo de sobrenadante invertendo os tubos com o cuidado de não perder os *pellets*; (18) estes foram lavados em 500µL de etanol 70% por duas vezes e com 500µL de etanol 95% por uma vez; (19) foi retirado o máximo de etanol dos tubos sem perder os *pellets*; (20) os tubos permaneceram à temperatura ambiente sobre bancada *overnight* para a secagem dos *pellets*; (21) cada *pellet* foi diluído em 50µL de tampão TE (10mM Tris-HCl, 1mM de EDTA, pH 8,0) acrescido de RNase (15mg/mL) e deixado sobre bancada *overnight*. As amostras foram então armazenadas a -20°C.

Após a extração, realizou-se a quantificação do DNA presente nas amostras por meio da análise comparativa de cada amostra com amostras de DNA de concentração conhecida (DNA λ), submetendo-o à eletroforese durante 25 minutos em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídio e visualizado sob luz ultravioleta (Figura 20). Posteriormente foram diluídos em TE (Tris-EDTA) à concentração de 5,0ng/µL.

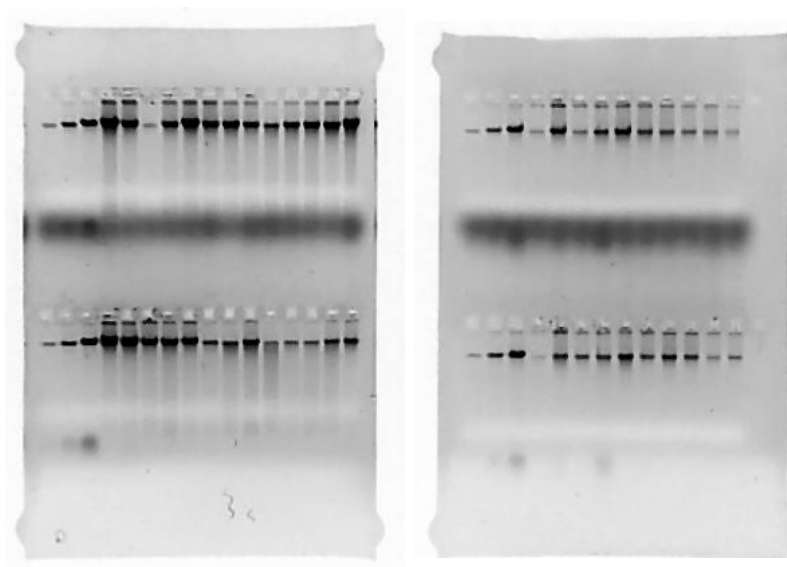


Figura 20 - Perfis de DNA de indivíduos de *Tabebuia aurea* para quantificação. Géis de agarose corados com brometo de etídeo

3.3.2 Amplificação dos locos microssatélites

O coquetel (13 μ l) para a realização da PCR foi composto por 7,5ng de DNA genômico, 250 μ M de dNTPs, 0,5 μ M de MgCl₂, tampão para PCR 1X (10mM de Tris-HCl, 50mM de KCl, 1,5mM de MgCl₂, pH 8.3), 2,5 μ g/ml de BSA, 0,2 μ M de cada iniciador e 1U de Taq DNA polimerase (Phoneutria). As amplificações foram realizadas em termociclador do tipo MJ Research PTC-100, utilizando-se o seguinte protocolo: 96°C por 2 minutos; 29 ciclos de 94°C por 1 minuto, temperatura de hibridação específica de cada par de iniciadores por 1 minuto, 72°C por 1 minuto e terminando com 72°C por 7 minutos. Após a amplificação, os fragmentos de DNA foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida a 5%, em corrida de uma hora e trinta minutos em tampão TBE 1X em cuba vertical. Os fragmentos foram observados na forma de bandas, após coloração com nitrato de prata, seguindo o protocolo desenvolvido por Creste, Tulmann Neto e Figueira (2001). O tamanho dos alelos foi determinado por comparação com um marcador de peso molecular padrão (10-pb *ladder* - Invitrogen[®]). Fragmentos amplificados de diferentes tamanhos foram considerados alelos diferentes (Figura 21).

As amostras de *Tabebuia aurea* foram analisadas através de oito marcadores moleculares microssatélites (SSR) já descritos na literatura (BRAGA et al., 2007) (Tabela 2).

A análise de independência de segregação entre pares de locos SSR feita por Feres (2009) revelou, para a maioria dos testes, uma segregação independente. Isso indica que o conjunto de locos pode ser utilizado para estudos do sistema de reprodução e análise de paternidade.

Tabela 2 - Locos de microssatélites de *Tabebuia aurea* com os respectivos motivos, seqüências dos iniciadores, tamanhos em pares de bases, números de alelos e temperaturas de anelamento em °C

Loco	Motivo	Sequencia dos iniciadores (5' - 3')	Tamanho (pb)	Alelos	T _a (°C)
TA09	(AG) ₂₅	F: TTC CAT AAG CTG CAT CAA CA R: ATC CTA AGA TCG GTA CTC CA	160	20	56
TA15	(AG) ₃₂	F: TTT GAG GGG TTG AAG CAT TT R: CAT TGT GGT CCC TCT CAA CA	151	19	56
TA16	(CT) ₃₃ (CA) ₁₁	F: GCT TGT AGC AAC GTT AGG TTT R: TGT GCA TTG TGA CTA CCA GCT A	234	25	56
TA17	(GA) ₇ (GC)(GA) ₃ (GC) ₅ (GA) ₂₁ (GGGAGG)(GA) ₇	F: TGG CCG TGT TGA TGT TTA TG R: TGC CTC ACG CTC TAT GTG TC	222	22	56
TA19	(GA) ₃₃	F: AGG GCA AGC TTT TCC AGT TT R: TTC CTC ACA CGG ATA TGT CG	224	20	56
TA21	(GA) ₂₆	F: CTT TTG GGG GTC TTT GGA AT R: TGA AAG AGA CAG AGA CAA AGA TAC A	238	18	56
TA27	(CT) ₂₄ (CA) ₈ (CC)(CA) ₇	F: GGT AAA TCA TCT TCC GCT TCC R: ACT GCA GAA TCG CCT TTT GT	212	16	56
TA31	(CT) ₂₈ (CA) ₁₀ (CTT)(GT) ₅	F: TCG TGC AGC TTT TGA GTC TG R: CTG CAA AAC ACA AAG CGA AA	265	17	56

Tabela 3 - Descrição das amplitudes alélicas (pares de base: pb), números de alelos e temperaturas de anelamento observadas (T_a em °C) para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea*

Loco	Tamanho (pb)	Amplitude observada (pb)	Número de alelos Braga et al. (2007)	Número de alelos observado	T_a (°C) Braga et al. (2007)	T_a (°C) observada
	Braga et al. (2007)					
TA09	160	152-216 A	20	20 A	56	50.5
		158-206 P		19 P		
		142-212 S		22 S		
		138-212 TL		21 TL		
TA15	151	110-156 A	19	17 A	56	50.0
		110-200 P		20 P		
		112-150 S		15 S		
		112-150 TL		15 TL		
TA16	234	168-244 A	25	18 A	56	58.7
		172-230 P		17 P		
		172-230 S		16 S		
		174-250 TL		15 TL		
TA17	222	152-270 A	22	19 A	56	60.2
		156-274 P		20 P		
		156-222 S		13 S		
		152-212 TL		14 TL		
TA19	224	182-274 A	20	19 A	56	59.3
		188-304 P		17 P		
		190-258 S		13 S		
		182-258 TL		15 TL		
TA21	238	204-294 A	18	14 A	56	59.0
		204-292 P		15 P		
		206-292 S		15 S		
		206-292 TL		16 TL		
TA27	212	178-230 A	16	12 A	56	57.3
		168-226 P		14 P		
		172-218 S		14 S		
		172-222 TL		17 TL		
TA31	265	264-298 A	17	13 A	56	58.7
		226-294 P		15 P		
		232-298 S		15 S		
		226-296 TL		17 TL		

Nota: A = Assis-SP (População 1, $n = 56$); P = Pedregulho-SP (População 3, $n = 51$); S = Selvíria-MS ($n = 36$); TL = Três Lagoas-MS ($n = 54$)

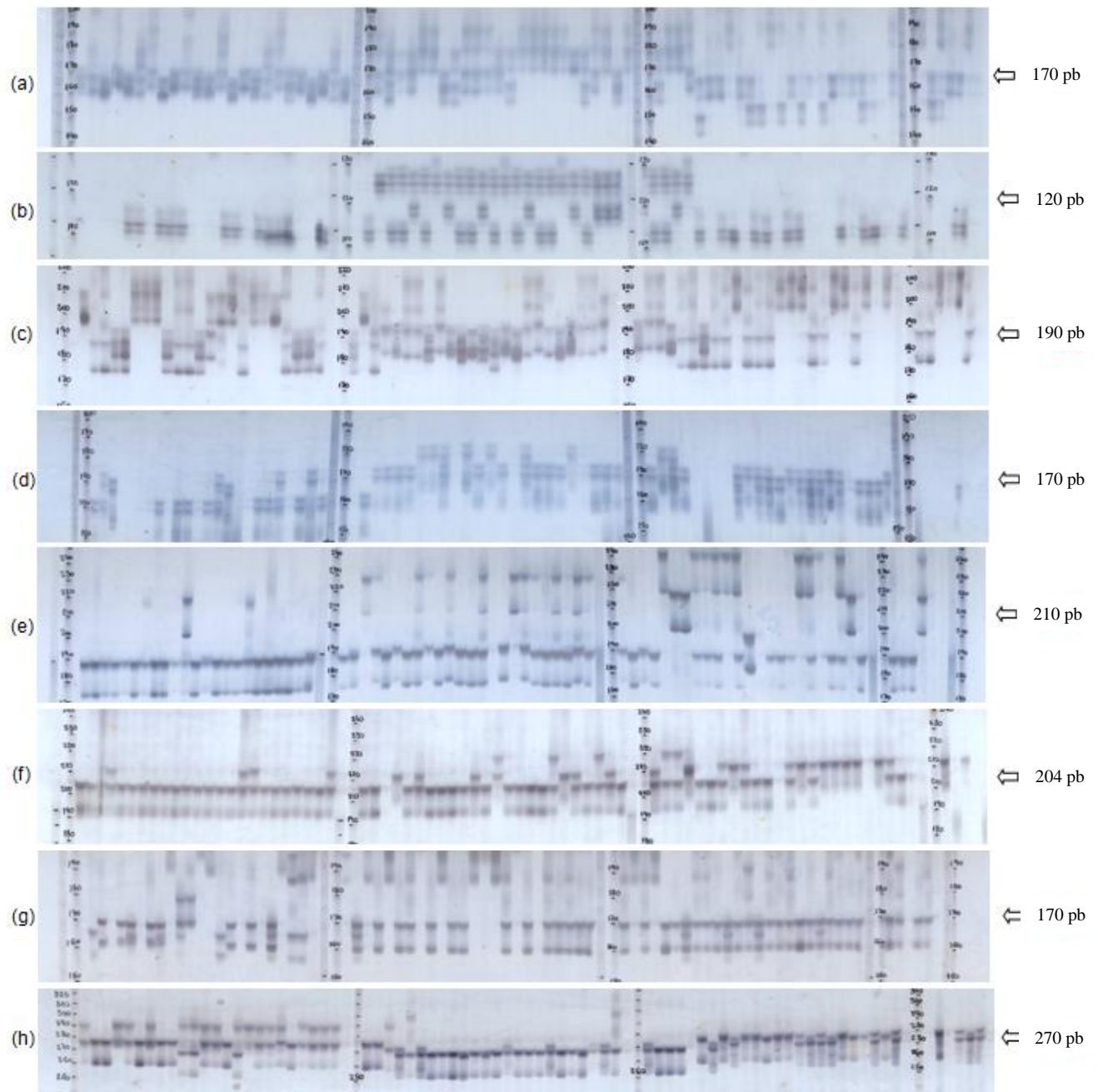


Figura 21 - Perfis de géis de microsatélites utilizados para as análises de *Tabebuia aurea* (adultos e progênies). Estão representados os locos: (a) TA09, (b) TA15, (c) TA16, (d) TA17, (e) TA19, (f) TA21, (g) TA27 e (h) TA31. Géis de poliacrilamida corados com nitrato de prata; tamanhos dos fragmentos em pares de base (pb) indicados à direita

4 ANÁLISES DOS DADOS

4.1 Distribuição espacial

Os parâmetros de estrutura demográfica, tais como o índice de dispersão de Clark e Evans (1954) (R) e a distância média do vizinho mais próximo (R_o), foram estimados através do programa computacional SGS (DEGEN; PETIT; KREMER, 2001). A densidade em número de indivíduos por hectare (d) e o diâmetro da base (DAB) também foram calculados.

Para a obtenção de R e R_o conforme Clark e Evans (1954): form. (1)

$$R = \frac{R_o}{R_E} \quad (1)$$

Nesta quantificação, se $R = 1$ a distribuição é aleatória. Com $R < 1$ a distribuição é agregada (0 = mínimo) e se $R > 1$ a distribuição é uniforme (2,149 = máximo).

R_o = distância média observada do vizinho mais próximo: form. (2)

$$R_o = \frac{\sum r_i}{n}, \quad (2)$$

em que r_i = distância do vizinho mais próximo, n = número de observação e R_E = distância esperada do vizinho mais próximo: form. (3)

$$R_E = \frac{1}{2\sqrt{d}}, \quad (3)$$

dado por d = densidade média de indivíduos / m².

Para a significância estatística foi utilizado o teste Z : form. (4)

$$Z = \frac{|R_o - R_E|}{s}, \quad (4)$$

em que, s = desvio padrão.

4.2 Diversidade genética e índice de fixação

As estimativas das frequências alélicas, juntamente com o número de alelos por loco (A), o número efetivo de alelos por loco ($\hat{A}_e = \frac{1}{1 - \hat{H}_e}$; NEI, 1987), das heterozigosidades médias observada (H_o) e esperada (H_e) e dos índices de fixação (F) conforme (WEIR, 1996), foram

realizadas com auxílio do programa FSTAT (versão 2.9.3.2) de Goudet (2002) para adultos e progênies. Para verificar a significância de F foi realizado o procedimento de 10.000 permutações sobre os locos ao nível de 5% de probabilidade, utilizando correção de Bonferroni e empregando-se o programa SPAGEDI (HARDY; VEKEMANS, 2002). Para comparação das médias de A , A_e , H_o , H_e e F entre populações foi calculado um intervalo de confiança a 95% a partir do erro padrão utilizando o método *Jackknife* sobre locos. O teste de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg foi verificado pelo teste exato de Fisher através do programa CERVUS 3.0 (KALINOWSKI; TAPER; MARSHALL, 2007).

Devido à presença de reboleiras e de indivíduos próximos nas populações naturais estudadas fez-se necessária a detecção de possíveis clones. Para tal foi utilizado o programa CERVUS 3.0 (KALINOWSKI; TAPER; MARSHALL, 2007).

4.3 Gargalo genético populacional

Para a detecção de reduções recentes nos tamanhos efetivos populacionais das populações foi utilizado o programa computacional BOTTLENECK (PIRY; LUIKART; CORNEUT, 1999). Foram utilizados os modelos de mutação aos passos (MPM) (OHTA; KIMURA, 1973) e de duas fases (MDF) (DI RIENZO et al., 1994), por serem mais apropriados para locos SSR. Para o MDF considerou-se 10% de variância e 85% das mutações dos alelos inseridos no MPM (CORNUET; LUIKART, 1996). Foi utilizado o teste de significância de Wilcoxon com 1000 iterações para MPM e MDF, uma vez que menos de 20 locos SSR foram empregados (LUIKART; CORNUET, 1998). O programa BOTTLENECK (PIRY; LUIKART; CORNEUT, 1999) testou a hipótese de $H_e > H_{eq}$ sob MPM e MDF, sendo H_e = heterozigosidade esperada que se calculou a partir das frequências alélicas e H_{eq} = heterozigosidade esperada no equilíbrio entre mutação e deriva calculada a partir do número de alelos.

4.4 Estrutura genética espacial

Para a análise da estrutura genética espacial (EGE) dos adultos das populações de Assis, Pedregulho, Selvíria e Três Lagoas foi utilizado o programa SPAGEDI (HARDY; VEKEMANS, 2002). A caracterização da distribuição espacial dos genótipos dentro das populações foi realizada a partir das estimativas dos coeficientes de coancestria recente (θ_{xy}) com base em

Loiselle et al. (1995). Essa análise foi realizada entre plantas dentro das classes de distância definidas para cada alelo k em cada par de indivíduos, x e y , como: form. (5)

$$\hat{\theta}_{xy} = \frac{\sum_l \sum_k (p_{xlk} - \bar{p}_{lk})(p_{yjk} - \bar{p}_{lk})}{\sum_l \sum_k (1 - \bar{p}_{lk})\bar{p}_{lk}} + \left[\sum_l \frac{1}{(2n_l - 1)} \right], \quad (5)$$

em que, p_{xlk} e p_{yjk} = freqüências do alelo k no loco l nos indivíduos x e y (assumindo valores de 0, 0,5 e 1 em indivíduos homozigóticos para o alelo alternativo, heterozigóticos e homozigóticos para o alelo sob consideração, respectivamente) e \bar{p}_{lk} = média da freqüência do alelo k no loco l na subpopulação com n_l (número de possíveis combinações entre todos os indivíduos de uma determinada classe de distância) no loco l . Foram realizadas 10.000 permutações sobre a localização de cada genótipo e sobre locos a fim de se obterem intervalos de confiança a 95%.

4.5 Correções do índice de fixação para o efeito Wahlund

Na presença de estrutura genética espacial, o valor do índice de fixação pode se elevar dentro da população devido ao efeito Wahlund (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007). Este índice de fixação intrapopulacional (F) pode ser corrigido pela eliminação do efeito Wahlund, utilizando-se uma relação entre estatísticas F , como descrito em Bittencourt e Sebbenn (2007): form. (6)

$$(1 - \hat{F}_I) = (1 - \hat{F}_{IS})(1 - \hat{F}_{ST}), \text{ Wright (1965),} \quad (6)$$

em que, F_I e F_{ST} são substituídos por F e θ_{xy} , respectivamente, para que o novo índice de fixação intrapopulacional (F_N) seja definido por: form. (7)

$$\hat{F}_N = 1 - [(1 - \hat{F}) / (1 - \hat{\theta}_{xy})] \quad (7)$$

O valor θ_{xy} corresponde à primeira classe de distância da análise da EGE.

4.6 Tamanho efetivo populacional e área mínima viável para conservação

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi estimado na geração adulta conforme expressão derivada por Cockerham (1969), envolvendo as estimativas do índice de fixação (F) e do coeficiente de coancestria médio (Θ) da geração sob consideração: form. 8

$$\hat{N}_e = \frac{0,5}{\hat{\Theta} \left(\frac{n-1}{n} \right) + \frac{1+\hat{F}}{2n}}. \quad (8)$$

Em que, n = tamanho amostral. O índice de fixação foi estimado conforme previamente descrito no item 4.3. O coeficiente de coancestria médio foi estimado pela expressão: form. (9)

$$\hat{\Theta} = \frac{n\hat{\theta}_{ii}(1+\hat{F}) + \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{i \neq j}^{n-1} \hat{\theta}_{ij}(1+\hat{F})}{n^2} \quad (\text{LINDGREN; GEA; JEFFERSON, 1996}), \quad (9)$$

em que, θ_{ii} = estimativa da autoancestria dos indivíduos, $\sum_{i=1}^n \sum_{i \neq j}^n \theta_{ij}$ = soma de todas as estimativas das coancestrias entre os pares de indivíduos de uma população, excluindo a autoancestria, n = tamanho amostral e F = estimativa do índice de fixação da população.

A área mínima viável (AMV) para conservação genética *in situ* foi estimada em função do tamanho efetivo de referência ($N_{e(ref)} = 50, 500$ e 1000) proposto por Lynch (1996): form. 10

$$AMV = \frac{N_{e(ref)}}{d(\hat{N}_e/n)}. \quad (10)$$

Em que, \hat{N}_e/n = relação entre o tamanho efetivo e o tamanho amostral e d = densidade de indivíduos por hectare.

4.7 Sistema de reprodução

O sistema de reprodução de *Tabebuia aurea* foi analisado com base no modelo de cruzamento misto de Ritland e Jain (1981) e Ritland (2002), com o auxílio do programa MLTR 3.3 (RITLAND, 2008). Foram utilizadas as plântulas obtidas a partir de 375 sementes de 15 matrizes de Assis e 375 sementes de 15 matrizes de Pedregulho. Os parâmetros estimados foram: (a) índice de fixação das matrizes (F_m); (b) taxa de cruzamento multiloco (t_m); (c) taxa de cruzamento uniloco (t_s); (d) taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados ($t_m - t_s$); (e)

correlação da taxa de cruzamento entre locos (r_i); (f) correlação de paternidade uniloco (r_{ps}); (g) correlação de paternidade multiloco (r_{pm}); (h) taxa de doadores de pólen aparentados ($r_{ps} - r_{pm}$); (i) frequência dos pares de irmãos de autofecundação (s^2); (j) frequência dos pares de irmãos por autofecundação e cruzamentos ($2st_m$); (k) frequência dos pares de irmãos completos ($t_m^2 r_{pm}$); (l) frequência dos pares de meios-irmãos [$t_m^2(1 - r_{pm})$]; (m) estimativa do número efetivo de polinizadores ($1/r_{pm}$).

Foi calculado um intervalo de confiança a 95% utilizando 1000 reamostragens *bootstrap* de indivíduos dentro de família, para verificar diferenças no sistema de reprodução entre progênies de Assis e de Pedregulho. O algoritmo utilizado para esses cálculos foi o de maximização de expectativa (EM). Esse algoritmo tem uma melhor convergência para um máximo esperado que o algoritmo Newton-Raphson (NR), em caso de falhas de genotipagem ou violação das pressuposições propostas por Ritland e Jain (1981) (RITLAND, 1997).

4.8 Análise de paternidade

Para a análise de paternidade utilizaram-se as plântulas originárias das sementes coletadas nas árvores matrizes de Assis-SP (População 1) e de Pedregulho-SP (População 3). Para determinar os possíveis genitores das sementes foram utilizados como candidatos todos os indivíduos dos fragmentos estudados ($n = 90$ em Assis e $n = 110$ em Pedregulho). A paternidade foi estimada utilizando-se o método de alocação categórica (SANCRISTOBAL; CHEVALET, 1997) através do programa CERVUS 3.0 (KALINOWSKI; TAPER; MARSHALL, 2007). Para tal, utilizou-se a estatística Δ (MARSHALL et al., 1998). Para encontrar o valor crítico de Δ para cada intervalo de confiança foram realizadas três simulações utilizando-se o programa CERVUS 3.0. Estas simulações foram feitas para alocar o genitor mais provável conhecendo-se a mãe. Para essas simulações foram utilizadas 100.000 repetições, com uma proporção de 0,01 de erro de genotipagem por loco e um intervalo de confiança restrito de 99%. A possibilidade de o indivíduo ser gerado por autofecundação também foi considerada nas simulações.

4.8.1 Distância de dispersão de pólen

A distância de dispersão contemporânea de pólen foi analisada por meio das sementes. A área efetiva média de vizinhança para polinização (A_{ep}) foi calculada para cada árvore matriz a partir da variância da dispersão de pólen (σ^2), assumindo-se uma área circular central ao redor da árvore matriz (LEVIN, 1988): form. 11

$$\hat{A}_{ep} = 2\pi\sigma^2. \quad (11)$$

Na expressão acima, a variância de dispersão de pólen (σ^2) foi estimada a partir da distância entre as árvores matrizes que originaram as sementes e seus respectivos genitores doadores de pólen alocados pela análise de paternidade.

4.9 Estrutura genética entre populações e fluxo gênico realizado

A estrutura genética e o fluxo gênico entre as populações foram calculados e, para tal, foram estimadas as divergências genéticas com a estatística F de Weir e Cockerham (1984) ($\hat{\theta}_p = \hat{F}_{ST}$), segundo Slatkin (1995), com seu modelo para mutação aos passos (\hat{R}_{ST}) e as estatísticas de Nei (1987) de populações subdivididas ($\hat{H}_T =$ diversidade genética total, $\hat{G}_{ST} =$ diversidade genética entre e \hat{H}_S diversidade genética dentro), utilizando-se o programa computacional FSTAT (versão 2.9.3.2) de Goudet (2002). Para estandardizar o valor \hat{G}_{ST} foi utilizado o \hat{G}'_{ST} , proposto por Hedrick (2005): form. 12

$$\hat{G}'_{ST} = \frac{G_{ST}(1+H_S)}{(1-H_S)} \quad (12)$$

O fluxo gênico aparente ou realizado (\hat{N}_m) entre populações foi estimado de forma indireta, segundo o modelo de ilhas proposto por Crow e Aoki (1984), o qual corrige a análise para um pequeno número de populações: form. 13

$$\hat{N}_m = \left(\frac{1}{4\alpha} \right) \left[\left(\frac{1}{\hat{F}_{ST}} \right) - 1 \right], \quad (13)$$

em que \hat{F}_{ST} é a divergência genética entre populações e α a correção para o número de populações, sendo: $\alpha = [n/(n-1)]^2$ e n = número de populações. Utilizaram-se os estimadores $\hat{\theta}_p$, \hat{R}_{ST} , \hat{G}_{ST} e \hat{G}'_{ST} no lugar do \hat{F}_{ST} , para conhecer a magnitude do fluxo gênico realizado e a variação dada por cada estatística.

4.10 Estimativa do número mínimo de matrizes para coleta de sementes

O número mínimo de matrizes (m) necessário para coleta de sementes visando a conservação genética foi calculado segundo Sebbenn (2002): form. 14

$$\hat{m} = \hat{N}_{e(\text{referência})} / \hat{N}_{e(v)}, \quad (14)$$

em que, (i) $N_{e(\text{referência})}$ = tamanho efetivo mínimo referente às sementes a serem coletadas (50, 500 e 1000) e (ii) $N_{e(v)}$ = tamanho efetivo médio dentro de progênies de tamanho n , estimado por: form. 15

$$\hat{N}_{e(v)} = \frac{0.5}{\hat{\Theta}_{xy} \left(\frac{n-1}{n} \right) + \frac{1 + \hat{F}_s}{2n}} \quad (\text{COCKERHAM, 1969}). \quad (15)$$

Em que, F_s = índice de fixação das sementes e $\hat{\Theta}_{xy} = \hat{r}_{xy} / 2$ = média do coeficiente de coancestria dentro de famílias estimada a partir da metade do coeficiente de parentesco (LYNCH; WALSH, 1998) obtidos com o auxílio do programa MLTR 3.3 (RITLAND, 2008): form. 16

$$\hat{r}_{xy} = 0.25 \left(1 + \hat{F}_a \right) \left[4\hat{s} + \left(\hat{t}_m^2 + \hat{t}_m \hat{s} \hat{r}_{ps} \right) \left(1 + \hat{r}_{pm} \right) \right] \quad (\text{RITLAND, 1989}). \quad (16)$$

Em que, F_a = índice de fixação das matrizes e s = taxa de autofecundação.

5 RESULTADOS

5.1 Distribuição espacial

As populações 1, 2 e 3 ocuparam áreas de 3,06, 0,95 e 0,53 ha, respectivamente, nas quais foram encontrados 56, 20 e 14 indivíduos correspondentes de *Tabebuia aurea*, com densidades de indivíduos por hectare (d) de 18,30, 21,05 e 26,41, respectivamente, (Tabela 4). Para a população maior (1), o índice de dispersão de Clark-Evans revelou que a distância média do vizinho mais próximo (R_o) entre indivíduos foi de 5,24m e o índice de dispersão foi significativo ($R = 0,272^*$), indicando um alto grau de agregação. Contudo, a distribuição para as populações 2 e 3 ocorreu de forma aleatória, com a primeira tendendo à uniformidade ($R = 1,065^{ns}$ e $R = 0,836^{ns}$, respectivamente) e a distância média entre pontos foi de 9,08m e 6,84m, respectivamente, (Tabela 4).

Tabela 4 - Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* em três remanescentes de cerrado do município de Assis-SP (ano base 2008)

População	n	R	R_o	d	DAB_{med}
1	56	0,272*	5,24	18,30	12,88
2	20	1,065 ^{ns}	9,08	21,05	12,37
3	14	0,836 ^{ns}	6,84	26,41	9,33

Nota: n = número de indivíduos; R = índice de dispersão (CLARK; EVANS, 1954); R_o = distância média do vizinho mais próximo; d = densidade média por hectare; DAB_{med} = diâmetro médio da base (cm); * = significativo ($P = 0,05$); ns = não significativo

Já em Pedregulho, foram localizados 15, 44 e 51 indivíduos de *T. aurea* nas populações 1, 2 e 3, em áreas de 6,07, 8,17 e 9,46 ha, respectivamente, com densidades (d) correspondentes de 2,47, 5,38 e 5,39 (Tabela 5). O índice de dispersão de Clark-Evans revelou uma distribuição agregada dos indivíduos para as duas populações com mais plantas, a 2 e a 3, ($R = 0,408^*$ e $R = 0,382^*$, respectivamente), com $R_o = 11,65m$ e $R_o = 10,25m$, respectivamente, (Tabela 5). Contudo, a distribuição da população 1 foi aleatória ($R = 0,995^{ns}$), com $R_o = 30,68m$ (Tabela 5).

Tabela 5 - Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* em três remanescentes de cerrado do município de Pedregulho-SP (ano base 2008)

População	<i>n</i>	<i>R</i>	<i>R_o</i>	<i>d</i>	<i>DAB_{med}</i>
1	15	0,995 ^{ns}	30,68	2,47	18,53
2	44	0,408*	11,65	5,38	10,36
3	51	0,382*	10,25	5,39	14,38

Nota: *n* = número de indivíduos; *R* = índice de dispersão (CLARK; EVANS, 1954); *R_o* = distância média do vizinho mais próximo; *d* = densidade média por hectare; *DAB_{med}* = diâmetro médio da base (cm); * = significativo (P = 0,05); ns = não significativo

A área de 770 ha percorrida em Selvíria apresentou 36 indivíduos adultos (*DAB_{med}* = 18,39cm) de *T. aurea*, com uma distribuição agregada tendendo para a aleatoriedade (*R* = 0,714*) (Tabela 6). Nesta população, a distância média do vizinho mais próximo (*R_o*) foi de 264,80m e a densidade de indivíduos por hectare (*d*) foi de 0,05 (Tabela 6).

Tabela 6 - Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* no cerrado de Selvíria-MS (ano base 2008)

População	<i>n</i>	<i>R</i>	<i>R_o</i>	<i>d</i>	<i>DAB_{med}</i>
Selvíria	36	0,714*	264,80	0,05	18,39

Nota: *n* = número de indivíduos; *R* = índice de dispersão (CLARK; EVANS, 1954); *R_o* = distância média do vizinho mais próximo; *d* = densidade média por hectare; *DAB_{med}* = diâmetro médio da base (cm); * = significativo (P = 0,05)

Em Três Lagoas, a população de *T. aurea* com 54 indivíduos foi amostrada em uma área de 9,01 ha (*DAB_{med}* = 10,30cm). O índice de dispersão de Clark-Evans revelou uma distribuição agregada dos indivíduos (*R* = 0,243*) (Tabela 7). Nesta população, a distância média do vizinho mais próximo (*R_o*) foi de 9,15m e a densidade de indivíduos por hectare (*d*) foi de 5,99 (Tabela 7).

Tabela 7 - Análise da distribuição espacial de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* no cerrado de Três Lagoas-MS (ano base 2008)

População	<i>n</i>	<i>R</i>	<i>R_o</i>	<i>d</i>	<i>DAB_{med}</i>
Três Lagoas	54	0,243*	9,15	5,99	10,30

Nota: *n* = número de indivíduos; *R* = índice de dispersão (CLARK; EVANS, 1954); *R_o* = distância média do vizinho mais próximo; *d* = densidade média por hectare; *DAB_{med}* = diâmetro médio da base (cm); * = significativo (P = 0,05)

5.2 Diversidade genética e índice de fixação

Em Assis, a população 1 apresentou a maior média de alelos, seguida pelas populações 2 e 3 (Tabela 8). Por sua vez, o número efetivo de alelos (\hat{A}_e) para a população 1 foi praticamente a metade de \hat{A} (Tabela 8). Isso se deve a uma distribuição não equitativa das frequências alélicas dentro dos locos. O valor de \hat{A}_e foi significativamente maior na população 3 em comparação com a população 2, mas não superior ao da população 1. Houve diferenças significativas em relação às heterozigosidades observadas (\hat{H}_o) entre as populações. A população 1 apresentou o maior \hat{H}_o e a população 2 o menor \hat{H}_o (Tabela 8). Para todas as populações, as heterozigosidades esperadas (\hat{H}_e) foram maiores que as observadas, indicando deficiência de indivíduos heterozigóticos (Tabela 8).

Os índices de fixação (\hat{F}) das três populações foram altos e significativos ($\hat{F} = 0,226, 0,355$ e $0,257$, para as populações 1, 2 e 3, respectivamente) (Tabela 8). Este parâmetro foi significativamente maior na população 2 em comparação com as demais (Tabela 8). Não foi possível realizar o teste de aderência às proporções esperadas sob os princípios de Hardy-Weinberg para a grande maioria dos locos devido ao grande número de alelos, se comparado ao número de indivíduos existentes (Tabela 8).

Tabela 8 - Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de *Tabebuia aurea* nas populações 1, 2 e 3 de Assis-SP (ano base 2008)

Loco	\hat{A}	\hat{A}_e	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	HW
População 1 ($n = 56$)						
TA09	20	13,70	0,625	0,927	0,326	NC
TA15	17	10,75	0,785	0,907	0,134	NC
TA16	18	8,47	0,625	0,882	0,291	NC
TA17	19	8,62	0,553	0,884	0,374	NC
TA19	19	14,29	0,786	0,930	0,155	NC
TA21	14	7,41	0,589	0,865	0,319	NC
TA27	12	5,81	0,733	0,828	0,115	NC
TA31	13	6,41	0,768	0,844	0,090	NS
Média	16,50	9,43	0,683	0,883	0,226*	--
IC _{95% inf}	16,14	9,06	0,672	0,879	0,212	--
IC _{95% sup}	16,86	9,81	0,694	0,888	0,239	--
Total	132	75,46	--	--	--	--
População 2 ($n = 20$)						
TA09	16	8,93	0,400	0,888	0,550	NC
TA15	7	3,79	0,801	0,736	-0,088	NC
TA16	9	4,42	0,400	0,774	0,483	NC
TA17	12	6,29	0,350	0,841	0,584	NC
TA19	8	5,71	0,600	0,825	0,273	NC
TA21	5	1,77	0,100	0,436	0,770	NC
TA27	9	5,62	0,800	0,822	0,027	NC
TA31	11	7,04	0,650	0,858	0,242	NC
Média	10	5,45	0,513	0,773	0,355*	--
IC _{95% inf}	9,23	5,19	0,484	0,756	0,321	--
IC _{95% sup}	10,02	5,70	0,541	0,789	0,389	--
Total	77	43,58	--	--	--	--
População 3 ($n = 14$)						
TA09	10	7,94	0,572	0,874	0,346	NC
TA15	7	4,78	0,571	0,791	0,278	NC
TA16	11	10,75	0,786	0,907	0,133	NC
TA17	12	16,67	0,572	0,940	0,392	NC
TA19	10	10,10	0,786	0,901	0,128	NC
TA21	5	2,64	0,357	0,621	0,425	NC
TA27	6	3,95	0,571	0,747	0,235	NC
TA31	7	5,26	0,714	0,810	0,119	NC
Média	8,50	7,76	0,616	0,824	0,257*	--
IC _{95% inf}	8,20	7,22	0,599	0,812	0,243	--
IC _{95% sup}	8,80	8,30	0,633	0,836	0,271	--
Total	68	62,10	--	--	--	--

Nota: A = número de alelos; A_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigidade observada; H_e = heterozigidade esperada; F = índice de fixação; HW = Equilíbrio de Hardy-Weinberg; * = significativo a

0,05; NC= não calculado; NS= não significativo; IC_{95%} = intervalo de confiança a 95% calculado a partir do erro padrão por *Jackknife*; -- não se aplica ao resultado

Em Pedregulho a população 3 apresentou a maior média de alelos, seguida pelas populações 2 e 1 (Tabela 9). O número efetivo de alelos (\hat{A}_e) foi significativamente maior nesta população em comparação com as demais (Tabela 9). Nas três populações \hat{A} foi maior que \hat{A}_e . As heterozigosidades observadas (\hat{H}_o) foram semelhantes entre as populações (Tabela 9). Para todas as populações, as heterozigosidades esperadas (\hat{H}_e) foram maiores que as observadas, indicando deficiência de indivíduos heterozigóticos (Tabela 9).

Os índices de fixação (\hat{F}) das populações 1 e 2 apresentaram valores altos, significativos e idênticos ($\hat{F} = 0,256$; Tabela 9). Não diferente das demais, a população 3 de Pedregulho apresentou \hat{F} alto e significativo, cujo valor foi de 0,225, muito semelhante ao da população 1 de Assis. Não foi possível realizar o teste de aderência às proporções esperadas sob os princípios de Hardy-Weinberg para a grande maioria dos locos devido ao grande número de alelos, se comparado ao número de indivíduos existentes (Tabela 9).

Tabela 9 - Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de *Tabebuia aurea* nas populações 1, 2 e 3 de Pedregulho-SP (ano base 2008)

Loco	\hat{A}	\hat{A}_e	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	HW
População 1 ($n = 15$)						
TA09	14	16,67	0,867	0,940	0,078	NC
TA15	10	6,10	0,466	0,836	0,442	NC
TA16	12	15,63	0,467	0,936	0,501	NC
TA17	12	8,26	0,734	0,879	0,165	NC
TA19	12	9,80	0,734	0,898	0,183	NC
TA21	7	7,14	0,334	0,860	0,612	NC
TA27	9	8,26	0,867	0,879	0,014	NC
TA31	9	4,46	0,733	0,776	0,055	NC
Média	10,63	9,54	0,650	0,876	0,256*	--
IC _{95% inf}	10,36	9,03	0,627	0,869	0,230	--
IC _{95% sup}	10,89	10,05	0,674	0,882	0,283	--
Total	85	76,33	--	--	--	--
População 2 ($n = 44$)						
TA09	17	12,05	0,613	0,917	0,331	NC
TA15	16	13,33	0,682	0,925	0,263	NC
TA16	17	11,36	0,727	0,912	0,203	NC
TA17	15	10,87	0,568	0,908	0,374	NC
TA19	16	6,71	0,614	0,851	0,279	NS
TA21	14	11,90	0,750	0,916	0,181	NC
TA27	11	5,10	0,591	0,804	0,265	NC
TA31	12	8,55	0,751	0,883	0,150	NC
Média	14,75	9,98	0,662	0,890	0,256*	--
IC _{95% inf}	14,49	9,65	0,653	0,885	0,247	--
IC _{95% sup}	15,01	10,32	0,671	0,894	0,265	--
Total	118	79,88	--	--	--	--
População 3 ($n = 51$)						
TA09	19	13,89	0,726	0,928	0,218	NC
TA15	20	16,67	0,706	0,940	0,249	NC
TA16	17	11,90	0,607	0,916	0,337	NC
TA17	20	14,08	0,745	0,929	0,198	NC
TA19	17	5,32	0,608	0,812	0,251	NS
TA21	15	12,35	0,686	0,919	0,253	NC
TA27	14	7,46	0,745	0,866	0,140	NC
TA31	15	8,40	0,745	0,881	0,154	NC
Média	17,13	11,26	0,696	0,899	0,225*	--
IC _{95% inf}	16,85	10,81	0,689	0,894	0,218	--
IC _{95% sup}	17,40	11,71	0,703	0,904	0,232	--
Total	137	90,08	--	--	--	--

Nota: A = número de alelos; A_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigiosidade observada; H_e = heterozigiosidade esperada; F = índice de fixação; HW = Equilíbrio de Hardy-Weinberg; * = significativo a

0,05; NC= não calculado; NS= não significativo; IC_{95%} = intervalo de confiança a 95% calculado a partir do erro padrão por *Jackknife*; -- não se aplica ao resultado

Para as duas populações do Mato Grosso do Sul, a população de Três Lagoas apresentou a maior média de alelos em comparação à de Selvíria (Tabelas 10 e 11). O número efetivo de alelos por loco (\hat{A}_e) apresentou valores semelhantes entre as populações (Tabelas 10 e 11). Nas duas populações \hat{A} foi maior que \hat{A}_e (Tabelas 10 e 11). As heterozigosidades esperadas (\hat{H}_e) foram maiores que as observadas (\hat{H}_o) nas populações (Tabelas 10 e 11), sugerindo deficiência de heterozigotos.

Os índices de fixação (\hat{F}) das duas populações apresentaram valores altos e significativos, com \hat{F} igual a 0,264 para a população de Selvíria (Tabela 10) e \hat{F} igual a 0,369 (Tabela 11) para Três Lagoas. Não foi possível realizar o teste de aderência às proporções esperadas sob os princípios de Hardy-Weinberg para todos os locos das duas populações devido ao grande número de alelos, se comparado ao número de indivíduos (Tabelas 10 e 11).

Tabela 10 - Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de *Tabebuia aurea* na população de Selvíria-MS (ano base 2008)

Loco	\hat{A}	\hat{A}_e	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	HW
(n = 36)						
TA09	22	20,00	0,611	0,950	0,357	NC
TA15	15	6,99	0,750	0,857	0,125	NC
TA16	16	13,33	0,611	0,925	0,339	NC
TA17	13	10,10	0,500	0,901	0,445	NC
TA19	13	8,85	0,611	0,887	0,311	NC
TA21	15	10,53	0,694	0,905	0,233	NC
TA27	14	10,00	0,639	0,900	0,290	NC
TA31	15	9,80	0,889	0,898	0,010	NC
Média	15,38	11,20	0,663	0,903	0,264*	--
IC _{95%} inf	15,04	10,74	0,650	0,900	0,248	--
IC _{95%} sup	15,71	11,66	0,677	0,906	0,280	--
Total	123	89,61	--	--	--	--

Nota: A = número de alelos; A_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigosidade observada; H_e = heterozigosidade esperada; F = índice de fixação; HW = Equilíbrio de Hardy-Weinberg; * = significativo a 0,05; NC= não calculado; IC_{95%} = intervalo de confiança a 95% calculado a partir do erro padrão por *Jackknife*; -- não se aplica ao resultado

Tabela 11 - Diversidade genética e índice de fixação de árvores adultas de *Tabebuia aurea* na população de Três Lagoas-MS (ano base 2008)

Loco	\hat{A}	\hat{A}_e	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	HW
(n = 54)						
TA09	21	19,61	0,500	0,949	0,473	NC
TA15	15	8,55	0,815	0,883	0,077	NC
TA16	15	12,50	0,500	0,920	0,456	NC
TA17	14	7,81	0,537	0,872	0,384	NC
TA19	15	7,81	0,481	0,872	0,448	NC
TA21	16	13,70	0,593	0,927	0,360	NC
TA27	17	12,50	0,463	0,920	0,497	NC
TA31	17	9,71	0,666	0,897	0,257	NC
Média	16,25	11,52	0,570	0,905	0,369*	--
IC _{95% inf}	15,99	11,06	0,556	0,902	0,353	--
IC _{95% sup}	16,51	11,99	0,584	0,908	0,385	--
Total	130	92,19	--	--	--	--

Nota: A = número de alelos; A_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigidade observada; H_e = heterozigidade esperada; F = índice de fixação; HW = Equilíbrio de Hardy-Weinberg; * = significativo a 0,05; NC= não calculado; IC_{95%} = intervalo de confiança a 95% calculado a partir do erro padrão por *Jackknife*; -- não se aplica ao resultado

Comparando-se os índices de diversidade genética entre as progênies de Assis e de Pedregulho, Assis apresentou um número médio de alelos (\hat{A}) superior ao de Pedregulho (Tabelas 12 e 13). As estimativas dos números efetivos de alelos (\hat{A}_e) foram semelhantes entre as progênies e \hat{A}_e foi praticamente a metade de \hat{A} (Tabelas 12 e 13). As progênies de Pedregulho apresentaram maior \hat{H}_o em relação às progênies de Assis (Tabela 13). Em Assis e Pedregulho, as heterozigidades esperadas (\hat{H}_e) foram maiores que as observadas, indicando deficiência de indivíduos heterozigóticos (Tabelas 12 e 13).

Em média, os índices de fixação (\hat{F}) dos dois conjuntos de progênies apresentaram valores altos e significativos. O índice de fixação foi significativamente menor nas progênies de Pedregulho, se comparado ao das progênies de Assis (Tabelas 12 e 13). Apenas um loco de Assis (não calculado) e um loco de Pedregulho (não significativo) não aderiram às proporções esperadas sob os princípios de Hardy-Weinberg (Tabelas 12 e 13).

Tabela 12 - Diversidade genética e índice de fixação de progênies de *Tabebuia aurea*, Assis-SP (ano base 2007)

Loco	\hat{A}	\hat{A}_e	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	HW
(n = 375)						
TA09	21	7,09	0,688	0,859	0,199	*
TA15	14	6,17	0,727	0,838	0,132	*
TA16	16	10,64	0,627	0,906	0,308	*
TA17	23	8,47	0,520	0,882	0,410	NC
TA19	20	12,20	0,822	0,918	0,105	*
TA21	13	6,94	0,557	0,856	0,349	*
TA27	14	6,29	0,691	0,841	0,178	*
TA31	11	5,65	0,645	0,823	0,216	*
Média	16,50	7,93	0,660	0,865	0,237*	--
IC _{95%} inf	16,00	7,66	0,649	0,861	0,225	--
IC _{95%} sup	17,00	8,21	0,671	0,869	0,250	--
Total	132	63,46	--	--	--	--

Nota: A = número de alelos; A_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigidade observada; H_e = heterozigidade esperada; F = índice de fixação; HW = Equilíbrio de Hardy-Weinberg; * = significativo a 0,05; NC= não calculado; IC_{95%} = intervalo de confiança a 95% calculado a partir do erro padrão por *Jackknife*; -- não se aplica ao resultado

Tabela 13 - Diversidade genética e índice de fixação de progênies de *Tabebuia aurea*, Pedregulho-SP (ano base 2008)

Loco	\hat{A}	\hat{A}_e	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	HW
(n = 375)						
TA09	16	11,49	0,701	0,913	0,232	*
TA15	19	8,93	0,800	0,888	0,099	*
TA16	17	10,53	0,722	0,905	0,202	*
TA17	15	10,42	0,787	0,904	0,129	*
TA19	15	3,73	0,586	0,732	0,199	*
TA21	14	8,77	0,717	0,886	0,191	*
TA27	16	6,21	0,726	0,839	0,135	NS
TA31	13	6,76	0,645	0,852	0,243	*
Média	15,63	8,35	0,711	0,865	0,179*	--
IC _{95%} inf	15,41	8,05	0,702	0,858	0,173	--
IC _{95%} sup	15,84	8,66	0,719	0,872	0,185	--
Total	125	66,84	--	--	--	--

Nota: A = número de alelos; A_e = número efetivo de alelos; H_o = heterozigidade observada; H_e = heterozigidade esperada; F = índice de fixação; HW = Equilíbrio de Hardy-Weinberg; * = significativo a 0,05; NS= não significativo; IC_{95%} = intervalo de confiança a 95% calculado a partir do erro padrão por *Jackknife*; -- não se aplica ao resultado

Não foi detectada a presença de clones nas oito populações estudadas.

5.3 Gargalo genético populacional

Para população 1 de Assis não se pode afirmar a existência de aumento recente no tamanho efetivo populacional, pois os modelos de duas fases (MDF) e de mutação aos passos (MPM) apresentaram resultados divergentes, com P-valor igual a 0,125 (MDF) e 0,005 (MPM), respectivamente (Tabela 14). Na população 2, o MDF e o MPM convergiram para o mesmo resultado, indicando aumento recente no tamanho efetivo populacional, com P-valor igual a 0,004 e 0,002, respectivamente (Tabela 15). Já para a população 3, houve ausência de reduções ou aumento recente no tamanho efetivo populacional, com P-valor igual a 0,527 (MDF) e 0,125 (MPM), respectivamente (Tabela 16).

Tabela 14 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população 1 de Assis-SP (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	20	0,925	0,921	0,015	0,268	0,495	0,927	0,020	-0,130	0,342
TA15	17	0,906	0,903	0,019	0,140	0,496	0,914	0,015	-0,543	0,266
TA16	18	0,880	0,910	0,018	-1,614	0,073	0,919	0,015	-2,573	0,021
TA17	19	0,881	0,915	0,017	-1,949	0,043	0,924	0,013	-3,241	0,009
TA19	19	0,928	0,916	0,016	0,772	0,261	0,924	0,014	0,331	0,469
TA21	14	0,863	0,878	0,028	-0,544	0,243	0,891	0,020	-1,408	0,097
TA27	12	0,827	0,851	0,034	-0,720	0,199	0,871	0,024	-1,836	0,054
TA31	13	0,843	0,865	0,036	-0,622	0,189	0,881	0,023	-1,661	0,071

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heterozigiosidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heterozigiosidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Tabela 15 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população 2 de Assis-SP (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	16	0,876	0,929	0,017	-3,096	0,012	0,933	0,013	-4,344	0,003
TA15	7	0,737	0,775	0,061	-0,615	0,210	0,796	0,046	-1,295	0,095
TA16	9	0,764	0,836	0,042	-1,700	0,061	0,851	0,031	-2,751	0,021
TA17	12	0,828	0,889	0,024	-2,478	0,023	0,897	0,020	-3,447	0,008
TA19	8	0,819	0,809	0,047	0,224	0,489	0,826	0,039	-0,186	0,335
TA21	5	0,427	0,671	0,090	-2,704	0,021	0,699	0,075	-3,639	0,009
TA27	9	0,822	0,833	0,042	-0,260	0,321	0,851	0,030	-0,958	0,151
TA31	11	0,853	0,875	0,029	-0,771	0,169	0,884	0,023	-1,382	0,093

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heteroziguidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heteroziguidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Tabela 16 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população 3 de Assis-SP (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	10	0,862	0,878	0,028	-0,567	0,250	0,885	0,024	-0,914	0,168
TA15	7	0,783	0,797	0,052	-0,269	0,302	0,815	0,042	-0,749	0,192
TA16	11	0,902	0,895	0,023	0,317	0,473	0,901	0,020	0,051	0,472
TA17	12	0,926	0,908	0,021	0,856	0,204	0,913	0,021	0,630	0,278
TA19	10	0,897	0,880	0,026	0,654	0,286	0,885	0,023	0,514	0,378
TA21	5	0,611	0,697	0,084	-1,023	0,143	0,717	0,073	-1,455	0,084
TA27	6	0,741	0,756	0,065	-0,239	0,315	0,773	0,054	-0,599	0,235
TA31	7	0,807	0,800	0,049	0,134	0,481	0,814	0,042	-0,166	0,358

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heteroziguidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heteroziguidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Nas populações 1, 2 e 3 de Pedregulho, os dois modelos indicaram ausências de reduções recentes nos tamanhos efetivos populacionais (Tabelas 17, 18 e 19, respectivamente). O MDF e o MPM convergiram para o mesmo resultado, ou seja, para a inexistência de gargalos genéticos.

Tabela 17 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população 1 de Pedregulho-SP (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	14	0,938	0,926	0,018	0,646	0,282	0,931	0,015	0,481	0,363
TA15	10	0,823	0,873	0,029	-1,709	0,068	0,882	0,026	-2,262	0,034
TA16	12	0,920	0,905	0,020	0,724	0,260	0,910	0,017	0,539	0,360
TA17	12	0,874	0,904	0,022	-1,398	0,086	0,910	0,019	-1,901	0,048
TA19	12	0,892	0,905	0,021	-0,646	0,218	0,909	0,021	-0,833	0,146
TA21	7	0,841	0,793	0,056	0,868	0,166	0,810	0,043	0,734	0,268
TA27	9	0,878	0,853	0,035	0,708	0,242	0,861	0,031	0,533	0,344
TA31	9	0,775	0,852	0,036	-2,127	0,043	0,863	0,030	-2,897	0,019

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heterozigidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heterozigidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Tabela 18 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população 2 de Pedregulho-SP (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	17	0,914	0,908	0,018	0,323	0,457	0,916	0,017	-0,161	0,376
TA15	16	0,922	0,901	0,020	1,111	0,110	0,911	0,017	0,673	0,266
TA16	17	0,910	0,908	0,018	0,126	0,491	0,918	0,015	-0,516	0,247
TA17	15	0,904	0,891	0,023	0,557	0,340	0,903	0,020	0,044	0,458
TA19	16	0,848	0,899	0,023	-2,223	0,034	0,909	0,026	-2,327	0,008
TA21	14	0,914	0,883	0,025	1,227	0,059	0,895	0,026	0,722	0,154
TA27	11	0,801	0,843	0,035	-1,169	0,127	0,864	0,026	-2,379	0,030
TA31	12	0,881	0,858	0,033	0,695	0,250	0,874	0,025	0,299	0,474

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heterozigidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heterozigidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Tabela 19 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população 3 de Pedregulho-SP (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	19	0,926	0,917	0,015	0,555	0,349	0,925	0,017	0,058	0,470
TA15	20	0,938	0,922	0,015	1,018	0,143	0,930	0,011	0,681	0,300
TA16	17	0,913	0,905	0,020	0,421	0,392	0,916	0,014	-0,158	0,403
TA17	20	0,927	0,923	0,014	0,312	0,479	0,930	0,014	-0,183	0,346
TA19	17	0,810	0,904	0,020	-4,827	0,001	0,914	0,020	-5,335	0,002
TA21	15	0,917	0,888	0,026	1,138	0,074	0,901	0,019	0,840	0,199
TA27	14	0,865	0,880	0,025	-0,594	0,235	0,893	0,019	-1,452	0,089
TA31	15	0,880	0,888	0,025	-0,334	0,317	0,902	0,017	-1,293	0,109

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heterozigidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heterozigidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Para as populações de Selvíria e Três Lagoas não foram detectadas reduções recentes nos tamanhos efetivos populacionais dos indivíduos adultos. O MDF e o MPM convergiram para o mesmo resultado. Os resultados apontam para um equilíbrio entre mutação e deriva, em ambos os modelos, com P-valor igual a 0,902 (MDF) e 0,273 (MPM) para Selvíria (Tabela 20) e, com P-valor igual a 0,843 (MDF) e 0,230 (MPM) para Três Lagoas (Tabela 21).

Tabela 20 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população de Selvíria-MS (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	22	0,945	0,938	0,020	0,351	0,374	0,944	0,012	0,130	0,580
TA15	15	0,856	0,899	0,022	-1,995	0,050	0,908	0,016	-3,177	0,013
TA16	16	0,921	0,907	0,019	0,731	0,257	0,916	0,014	0,359	0,440
TA17	13	0,896	0,878	0,027	0,666	0,304	0,890	0,020	0,271	0,481
TA19	13	0,883	0,878	0,026	0,189	0,516	0,889	0,026	-0,255	0,312
TA21	15	0,902	0,897	0,023	0,215	0,506	0,908	0,020	-0,266	0,316
TA27	14	0,897	0,887	0,024	0,414	0,422	0,899	0,019	-0,136	0,386
TA31	15	0,897	0,899	0,020	-0,065	0,431	0,906	0,025	-0,359	0,244

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heterozigosidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heterozigosidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

Tabela 21 - Análise de reduções recentes no tamanho efetivo populacional para indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* da população de Três Lagoas-MS (ano base 2008)

Loco	MDF						MPM			
	\hat{A}	\hat{H}_e	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor	\hat{H}_{eq}	DP	DH/DP	P-valor
TA09	21	0,944	0,925	0,016	1,206	0,045	0,932	0,019	0,682	0,147
TA15	15	0,882	0,887	0,026	-0,183	0,365	0,899	0,025	-0,696	0,148
TA16	15	0,916	0,887	0,025	1,140	0,075	0,900	0,019	0,823	0,197
TA17	14	0,869	0,878	0,027	-0,330	0,300	0,892	0,020	-1,110	0,136
TA19	15	0,868	0,885	0,025	-0,662	0,210	0,901	0,018	-1,817	0,054
TA21	16	0,924	0,896	0,023	1,207	0,058	0,908	0,017	0,947	0,168
TA27	17	0,915	0,903	0,020	0,583	0,334	0,914	0,016	0,106	0,555
TA31	17	0,895	0,903	0,020	-0,408	0,298	0,914	0,018	-1,012	0,106

Nota: MDF = Modelo de Duas Fases; MPM = Modelo de Mutação aos Passos; A = alelos analisados; H_e = heterozigosidade esperada (Nei, 1987); H_{eq} = heterozigosidade esperada no equilíbrio de mutação-deriva; DP = desvio padrão; DH/DP = desvio da H_e pela H_{eq} dividido pelo desvio padrão

5.4 Estrutura genética espacial

As populações 1 e 2 de Assis apresentaram estrutura genética espacial (EGE) (Figura 22). A população 1 apresentou EGE significativa até a primeira classe de distância de 5m (Figura 22-a). A população 2 (Figura 22-b) apresentou EGE significativa entre 0 e 20m. Já a população 3 não apresentou formação de estrutura familiar, como pode ser observado na Figura 22-c.

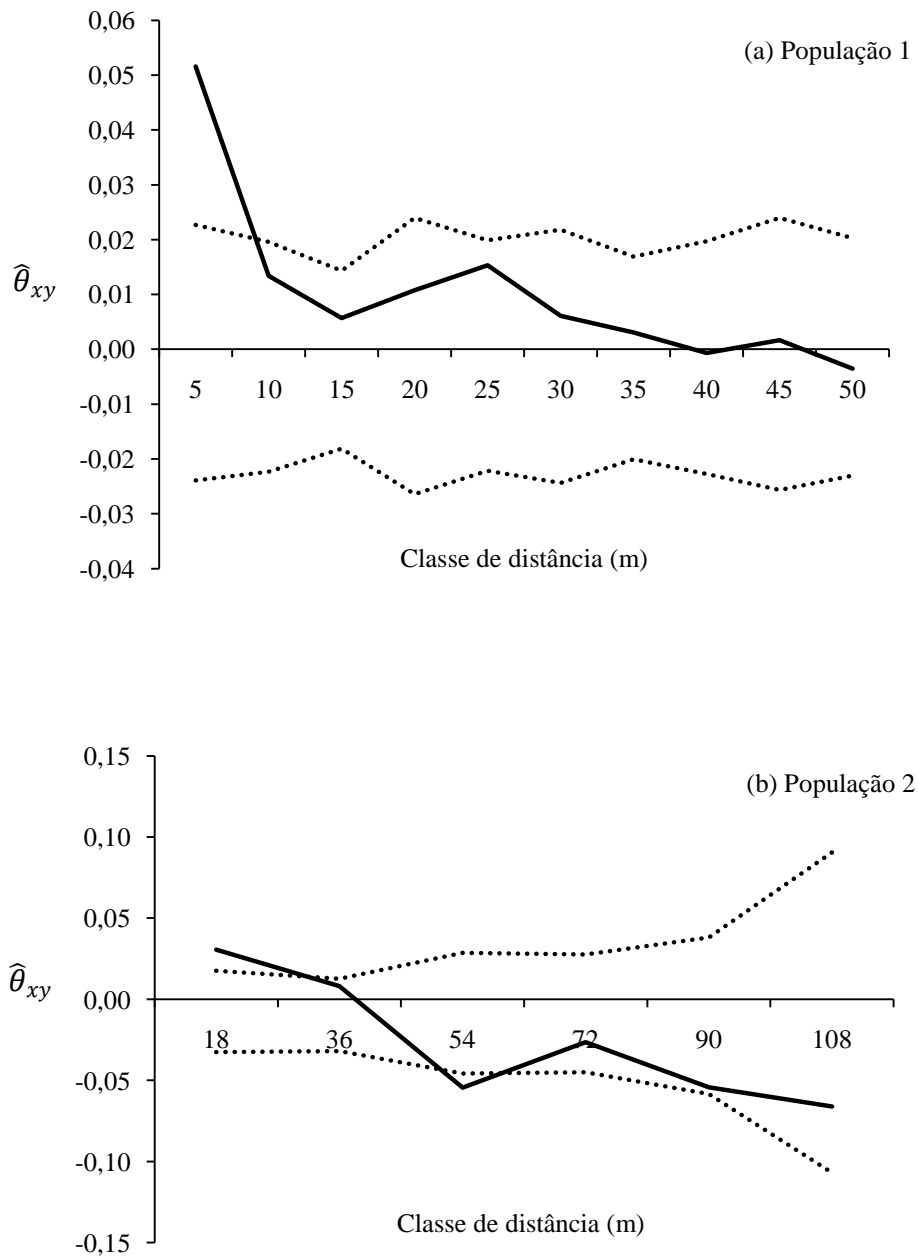


Figura 22 - Correlogramas representativos do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de *Tabebuia aurea* localizadas em Assis-SP; Populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade (Continua)

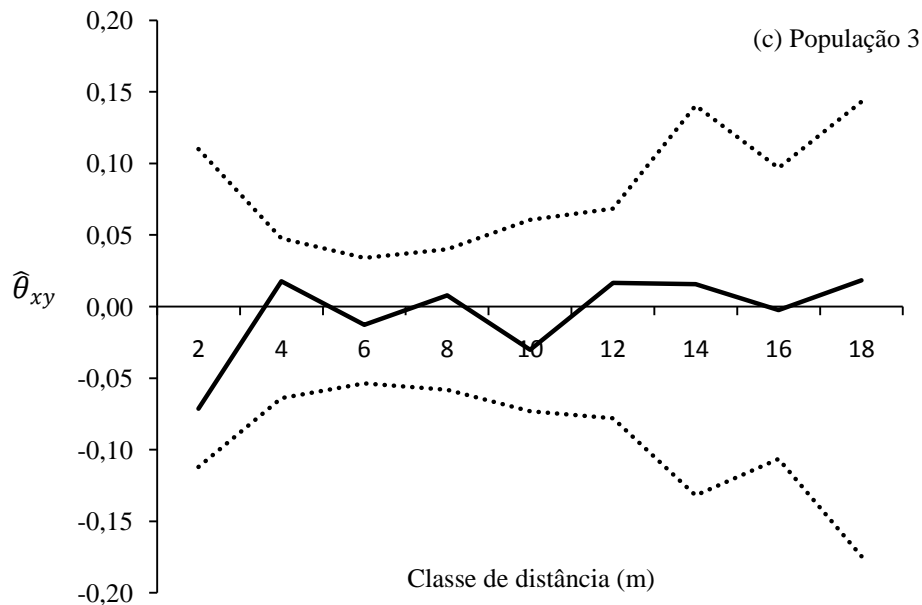


Figura 22 - Correlogramas representativos do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de *Tabebuia aurea* localizadas em Assis-SP; Populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade (Conclusão)

Em Pedregulho, as populações 1 e 2 evidenciaram EGE. Ambas apresentaram estrutura genética significativa até 15m (Figuras 23-a e 23-b). A população 3 não apresentou formação de estrutura familiar, como pode ser observado na Figura 23-c.

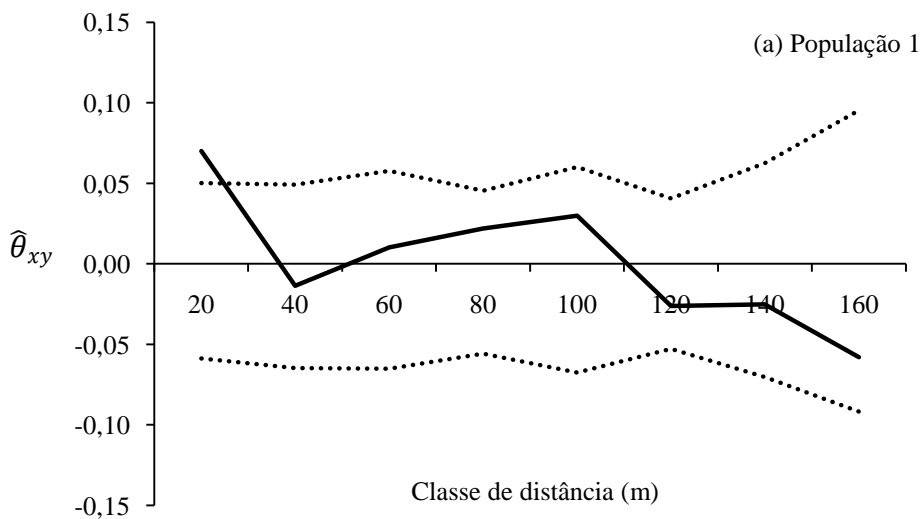


Figura 23 - Correlogramas representativos do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de *Tabebuia aurea* localizadas em Pedregulho-SP; Populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade (Continua)

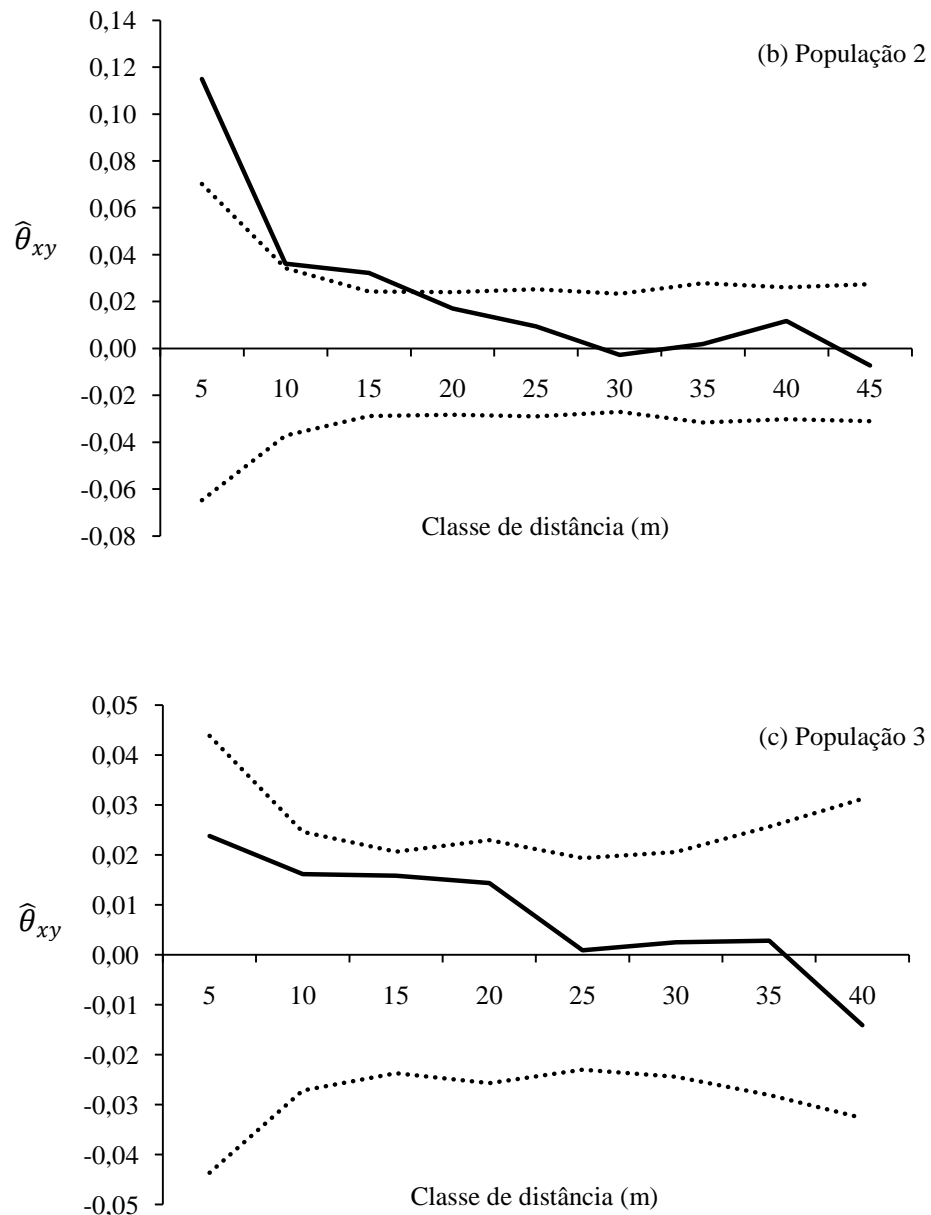


Figura 23 - Correlogramas representativos do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de *Tabebuia aurea* localizadas em Pedregulho-SP; Populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade (Conclusão)

As populações de Selvíria e Três Lagoas mostraram a presença de EGE. A primeira apresentou estrutura genética significativa entre 0 e 150m, aproximadamente (Figura 24) e, a segunda, apresentou EGE significativa até 45m (Figura 25).

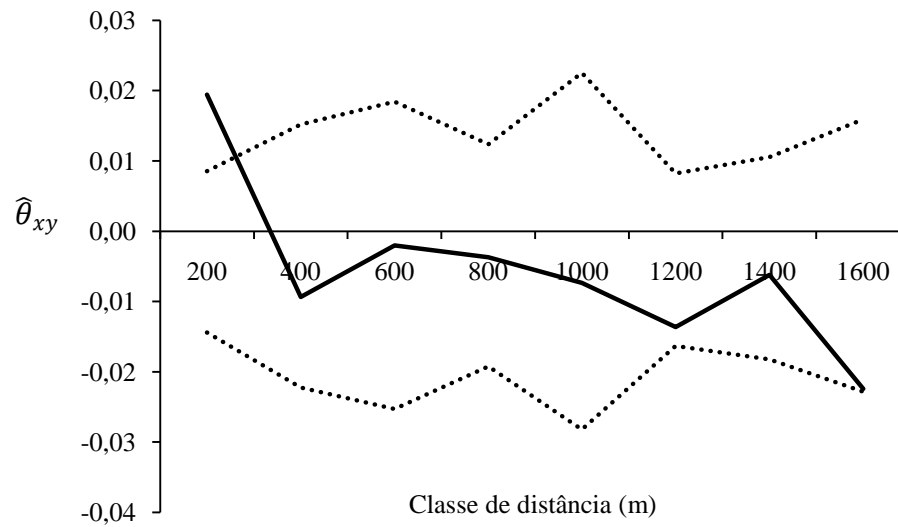


Figura 24 - Correlograma representativo do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de *Tabebuia aurea* localizadas em Selvíria-MS (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade



Figura 25 - Correlograma representativo do coeficiente de coancestria ($\hat{\theta}_{xy}$) em classes de distância entre árvores adultas de *Tabebuia aurea* localizadas em Três Lagoas-MS (ano base 2008). Linhas pontilhadas indicam o intervalo de confiança a 95% de probabilidade

5.5 Correções do índice de fixação para o efeito Wahlund

Os índices de fixação corrigidos (\hat{F}_N) foram de 0,185 e 0,318 para as populações 1 e 2 de Assis, respectivamente; 0,203 e 0,159 para as populações 1 e 2 de Pedregulho, respectivamente; 0,251 e 0,322 para as populações de Selvíria e Três Lagoas, respectivamente. Demonstrando que 16% e 6% (Assis), 22% e 38% (Pedregulho), 5% (Selvíria) e 13% (Três Lagoas) dos valores do \hat{F} dos adultos foi devido ao efeito Wahlund.

5.6 Tamanho efetivo populacional e área mínima viável para conservação

Sob um contexto intrapopulacional, os 56, 20 e 14 indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* das três populações estudadas em Assis corresponderam a um \hat{N}_e de 18, 8 e 8, respectivamente, (Tabela 22). Em todos os casos houve uma baixa representatividade genética. Esta diferença entre N_e e n está associada ao alto valor de F , mas principalmente à grande quantidade de pares de indivíduos com $\hat{\theta}_{xy} > 0,0625$ (parentesco equivalente a primos; Figuras 26-a, 26-b e 26-c). Baseadas nos tamanhos efetivos de referência ($\hat{N}_{e(ref)} = 50, 500$ e 1000), as áreas mínimas viáveis (\hat{AMV}) para a conservação dos adultos foram de 8,5, 85 e 170,01 ha para a população 1, respectivamente; 5,94, 59,38 e 118,76 ha para a população 2, respectivamente; e 3,31, 33,13 e 66,26 ha para a população 3, respectivamente, (Tabela 22).

Tabela 22 - Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para as populações naturais de *Tabebuia aurea* presentes em Assis-SP (ano base 2008)

População	n	\hat{N}_e	d	$\hat{AMV}_{(50)}$	$\hat{AMV}_{(500)}$	$\hat{AMV}_{(1000)}$
1	56	18	18,30	8,50	85,00	170,01
2	20	8	21,05	5,94	59,38	118,76
3	14	8	26,41	3,31	33,13	66,26

Nota: n = número de indivíduos; N_e = tamanho efetivo; d = relação de indivíduo por hectare; $AMV_{(referência)}$ = área mínima viável para conservação em hectares

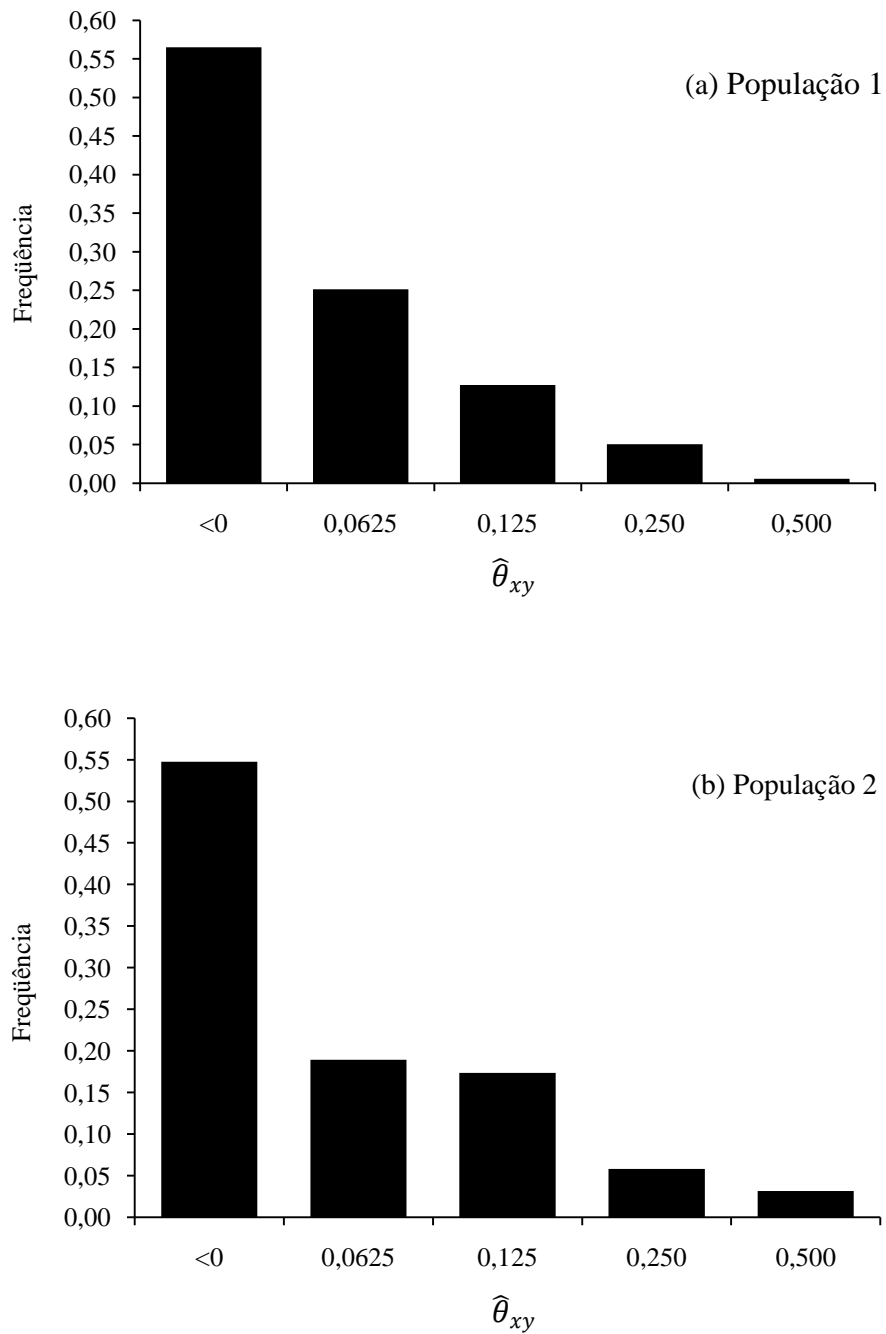


Figura 26 - Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* nas populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) de Assis-SP (ano base 2008) (Continua)

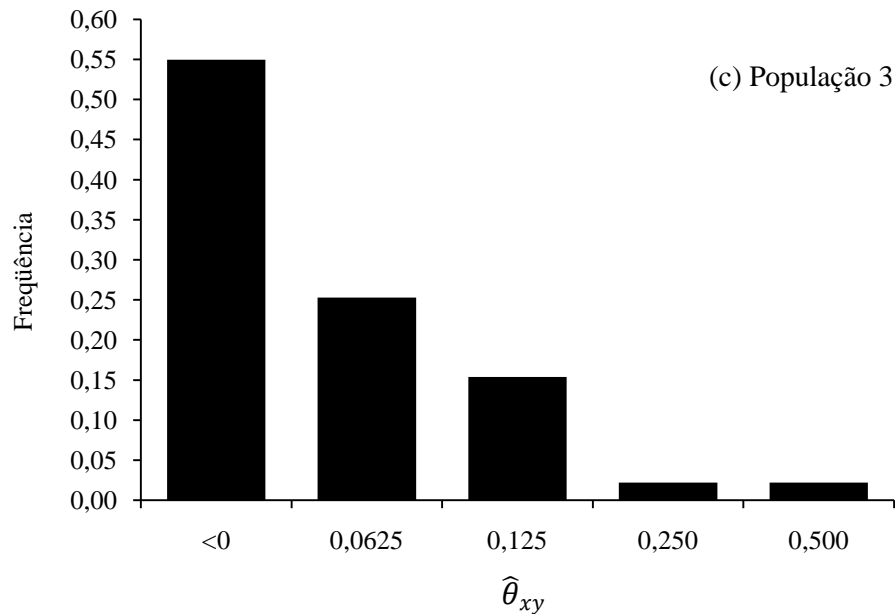


Figura 26 - Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* nas populações 1 (a), 2 (b) e 3 (c) de Assis-SP (ano base 2008) (Conclusão)

Em Pedregulho, os 15, 44 e 51 indivíduos adultos de *T. aurea* das três populações analisadas corresponderam a um \hat{N}_e de 8, 16 e 16, respectivamente, (Tabela 23), indicando uma baixa representatividade genética, associada, principalmente, à grande quantidade de pares de indivíduos com $\hat{\theta}_{xy} > 0,0625$ (Figuras 27-a, 27-b e 27-c). As áreas mínimas viáveis (\hat{AMV}) para a conservação dos adultos, baseadas nos tamanhos efetivos de referência ($\hat{N}_{e(ref)} = 50, 500$ e 1000), foram de 37,96, 379,55 e 759,11 ha para a população 1, respectivamente; 25,56, 255,58 e 511,15 ha para a população 2, respectivamente; e 29,57, 295,69 e 591,37 ha para a população 3, respectivamente, (Tabela 23).

Tabela 23 - Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para as populações naturais de *Tabebuia aurea* presentes em Pedregulho-SP (ano base 2008)

População	n	\hat{N}_e	d	$\hat{AMV}_{(50)}$	$\hat{AMV}_{(500)}$	$\hat{AMV}_{(1000)}$
1	15	8	2,47	37,96	379,55	759,11
2	44	16	5,38	25,56	255,58	511,15
3	51	16	5,39	29,57	295,69	591,37

Nota: n = número de indivíduos; \hat{N}_e = tamanho efetivo; d = relação de indivíduo por hectare; $\hat{AMV}_{(referência)}$ = área mínima viável para conservação em hectares

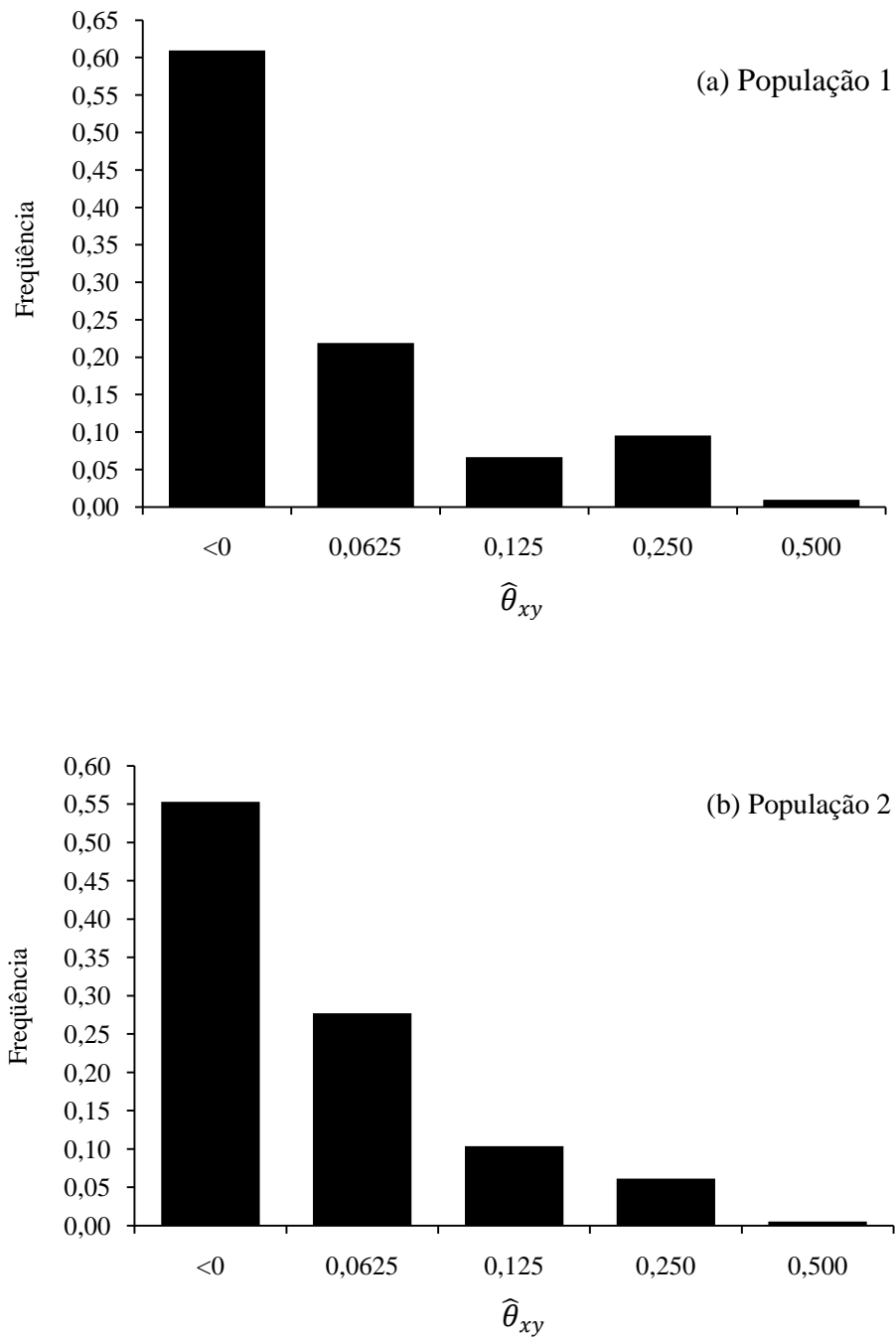


Figura 27 - Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* nas populações 1 (a), 2 (b) e (3) de Pedregulho-SP (ano base 2008) (Continua)

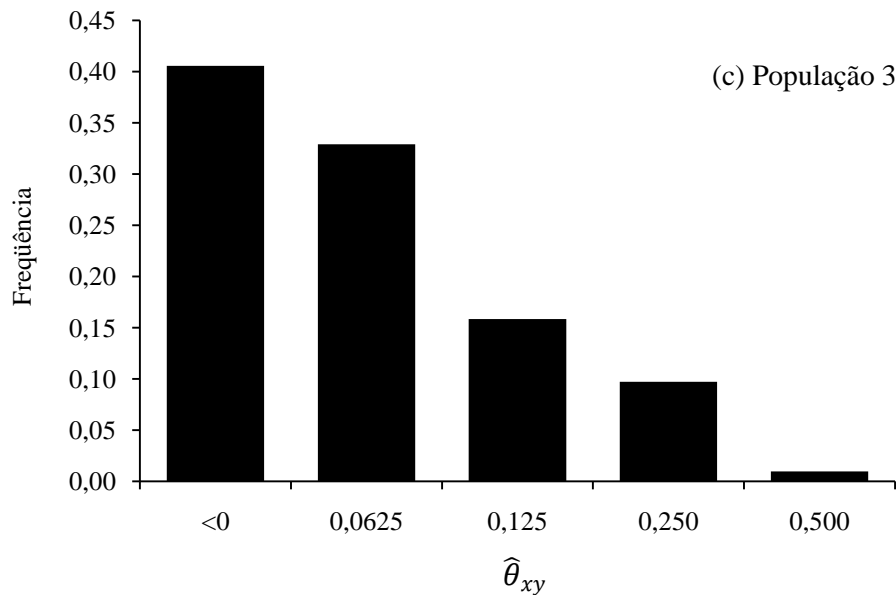


Figura 27 - Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* nas populações 1 (a), 2 (b) e (3) de Pedregulho-SP (ano base 2008) (Conclusão)

As populações de Selvíria e Três Lagoas, representadas por respectivos 36 e 54 indivíduos de *T. aurea*, corresponderam a um \hat{N}_e de 15 ambas (Tabelas 24 e 25), indicando uma baixa representatividade genética (grande quantidade de pares de indivíduos com $\hat{\theta}_{xy} > 0,0625$; Figuras 28 e 29), como ocorreu com as demais populações deste estudo. As áreas mínimas viáveis (\hat{AMV}) para a conservação dos adultos, baseadas nos tamanhos efetivos de referência ($\hat{N}_{e(ref)} = 50, 500$ e 1000), foram de 2.400, 24.000 e 48.000 ha para a população de Selvíria, respectivamente, (Tabela 24) e de 30,05, 300,50 e 601 ha para a população de Três Lagoas, respectivamente, (Tabela 25).

Tabela 24 - Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para a população natural de *Tabebuia aurea* presente em Selvíria-MS (ano base 2008)

População	n	\hat{N}_e	d	$\hat{AMV}_{(50)}$	$\hat{AMV}_{(500)}$	$\hat{AMV}_{(1000)}$
Selvíria-MS	36	15	0,05	2.400,00	24.000,00	48.000,00

Nota: n = número de indivíduos; \hat{N}_e = tamanho efetivo; d = relação de indivíduo por hectare; $\hat{AMV}_{(referência)}$ = área mínima viável para conservação em hectares

Tabela 25 - Estimativa do tamanho efetivo populacional e da área mínima viável para a população natural de *Tabebuia aurea* presente em Três Lagoas-MS (ano base 2008)

População	n	\hat{N}_e	d	$\hat{AMV}_{(50)}$	$\hat{AMV}_{(500)}$	$\hat{AMV}_{(1000)}$
Três Lagoas-MS	54	15	5,99	30,05	300,50	601,00

Nota: n = número de indivíduos; N_e = tamanho efetivo; d = relação de indivíduo por hectare; $AMV_{(referência)}$ = área mínima viável para conservação em hectares

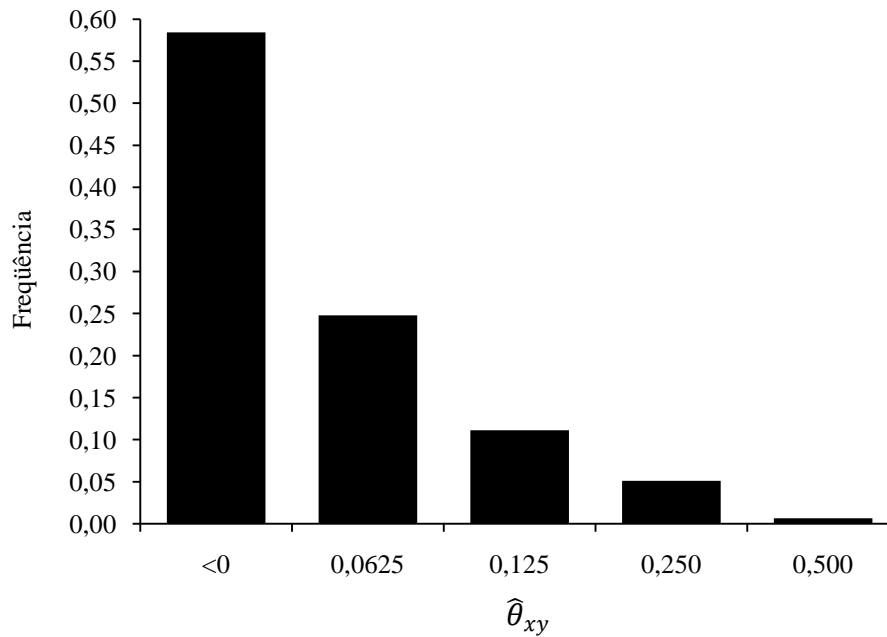


Figura 28 - Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* na população de Selvíria-MS (ano base 2008)

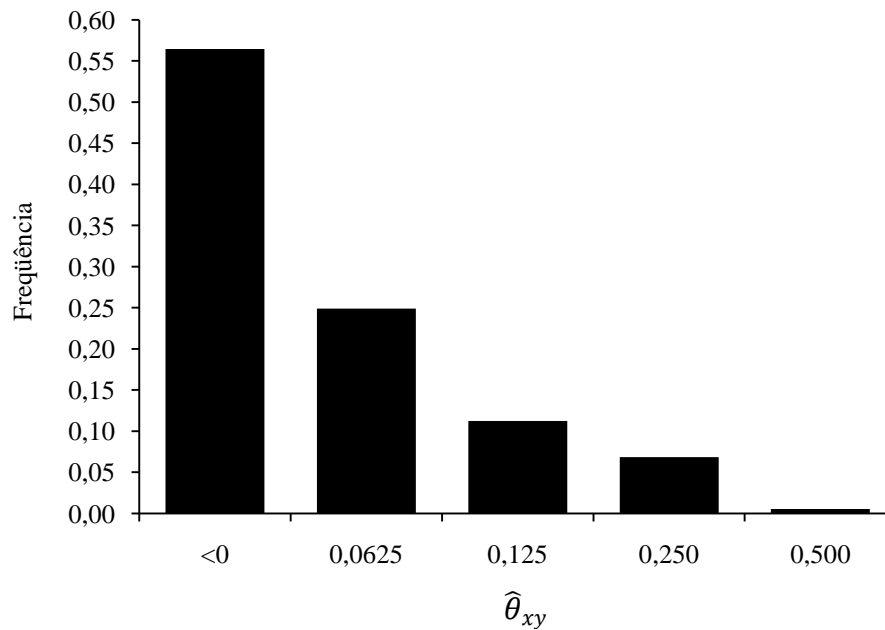


Figura 29 - Frequências de $\hat{\theta}_{xy}$ entre pares de indivíduos adultos de *Tabebuia aurea* na população de Três Lagoas-MS (ano base 2008)

5.7 Sistema de reprodução

As árvores matrizes de Assis e Pedregulho demonstraram um sistema de reprodução de cruzamentos ($\hat{t}_m = 0,997; 1,000$, respectivamente; Tabela 26). Não houve diferença significativa de \hat{t}_m entre as duas populações, contudo houve diferença significativa de \hat{t}_s entre Assis e Pedregulho (Tabela 26). As taxas de cruzamento entre indivíduos aparentados ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$) foram significativas para Assis e Pedregulho, contudo, diferentes entre as populações analisadas, sugerindo a ocorrência de 28,8% e 20,3% de cruzamentos entre indivíduos aparentados nas populações de Assis e Pedregulho, respectivamente.

As taxas de doadores de pólen aparentados ($\hat{r}_{ps} - \hat{r}_{pm}$) foram semelhantes e significativas para ambos os locais (Tabela 26). A probabilidade de dois indivíduos escolhidos ao acaso dentro de progênies pertencerem ao mesmo doador de pólen (\hat{r}_{pm}) foi alta e significativa para as duas populações (Tabela 26). Altas e significativas correlações de paternidade implicam que o número de polinizadores efetivos é restrito. Isso provavelmente se deve a um mecanismo de auto-incompatibilidade que impede que mesmos genótipos se cruzem.

A correlação da taxa de cruzamento entre locos (\hat{r}_t), que mede a proporção da endogamia gerada pelo cruzamento entre parentes, foi baixa e significativamente diferente entre populações (Tabela 26). Isso indica que a estrutura familiar das progênies, para ambos os locais, foi composta na sua maioria por pares de irmãos completos, seguida por pares de meios-irmãos (Tabela 26).

Tabela 26 - Estimativas de parâmetros do sistema de reprodução de *Tabebuia aurea* a partir de oito locos SSR para progênies provenientes de Assis-SP (ano base 2007) e Pedregulho-SP (ano base 2008)

Estimativa	Assis	Pedregulho
Índice de fixação das matrizes: \hat{F}_m	0,000 (0,000 – 0,000)	0,000 (0,000 – 0,000)
Taxa de cruzamento multiloco: \hat{t}_m	0,997 (0,992 – 1,000)	1,000 (1,000 – 1,000)
Taxa de cruzamento uniloco: \hat{t}_s	0,709 (0,691 – 0,728)	0,797 (0,778 – 0,816)
Taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados: $\hat{t}_m - \hat{t}_s$	0,288 (0,268 – 0,306)	0,203 (0,184 – 0,221)
Correlação da taxa de cruzamento entre locos: \hat{r}_t	0,085 (0,064 – 0,097)	0,110 (0,110 – 0,110)
Correlação de paternidade multiloco: \hat{r}_{pm}	0,597 (0,552 – 0,641)	0,414 (0,370 – 0,456)
Correlação de paternidade uniloco: \hat{r}_{ps}	0,673 (0,617 – 0,728)	0,485 (0,438 – 0,533)
Taxa de doadores de pólen aparentados: $\hat{r}_{ps} - \hat{r}_{pm}$	0,076 (0,045 – 0,105)	0,070 (0,051 – 0,087)
Frequência de pares de irmãos de autofecundação: s^2	0,000 (0,000 – 0,000)	0,000 (0,000 – 0,000)
Frequência de pares de irmãos de autofecundação e cruzamentos: $2st_m$	0,005 (0,000 – 0,016)	0,000 (0,000 – 0,000)
Frequência de pares de irmãos completos: $t_m^2 r_{pm}$	0,594 (0,548 – 0,640)	0,414 (0,370 – 0,456)
Frequência de pares de meios-irmãos: $t_m^2 (1 - r_{pm})$	0,401 (0,358 – 0,445)	0,586 (0,544 – 0,629)
Estimativa do número efetivo de polinizadores: $1/r_{pm}$	2 (2 – 2)	2 (2 – 3)

Nota: () = intervalo de confiança a 95% utilizando 1000 reamostragens *bootstrap* de indivíduos dentro de famílias

5.8 Análise de paternidade

Entre as 375 sementes de Assis, apenas 97 (26%) tiveram o doador de pólen determinado. Portanto, a taxa de imigração de pólen foi de 74%. Destas 97 sementes, 57 (59%) foram originadas por autofecundações, o que sugere uma taxa de autofecundação (\hat{s}_m) de 0,152 (57/375). Contando-se as árvores que se autofecundaram, 97 sementes foram aparentemente originadas de nove doadores de pólen. Nesta população, houve correlação negativa e não significativa entre distância e coancestria ($r = -0,174$; $p = 0,282$).

Em Pedregulho, das 375 sementes, somente 49 (13%) tiveram o doador de pólen determinado. Isso significa uma taxa de imigração realizada de 87%. Estas 49 sementes foram originadas de 11 doadores de pólen, sendo que 25 (51%) foram geradas por autofecundações. A taxa de autofecundação (\hat{s}_m) avaliada nessa geração foi de 0,067 (25/375). Houve correlação positiva e não significativa entre distância e coancestria ($r = 0,343$; $p = 0,099$).

5.8.1 Distância de dispersão de pólen

Para a população de Assis, se consideradas as autofecundações, com base nas 97 sementes que tiveram seu genitor determinado dentro dos fragmentos, a distância de dispersão contemporânea de pólen variou de 0 a 167m, com média e mediana de 14 e 0m, respectivamente. Desconsiderando-se as autofecundações, a distância de dispersão de pólen variou de 1,41 a 167m, com média e mediana de 34 e 19m, respectivamente (Figura 30). Com base na distância de dispersão contemporânea de pólen, a área efetiva média de vizinhança de polinização (A_{ep}), considerando-se autofecundações, foi de 0,57 ha e, desconsiderando-as, de 0,97 ha.

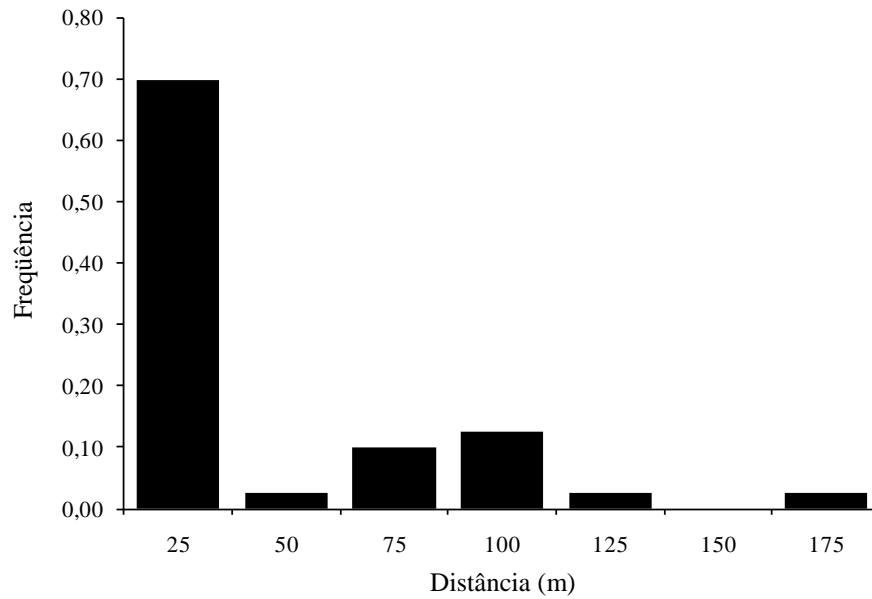


Figura 30 - Frequência da dispersão contemporânea de pólen em Assis-SP (ano base 2007)

Em Pedregulho, com base nas 49 sementes que tiveram o genitor determinado dentro dos fragmentos e considerando-se as autofecundações, a distância de dispersão contemporânea de pólen variou de 0 a 7002m, com média e mediana de 609 e 0m, respectivamente. Desconsiderando-se as autofecundações, a distância de dispersão de pólen variou de 5,38 a 7002m, com média e mediana de 1244 e 11m, respectivamente (Figura 31). Com base na distância de dispersão contemporânea de pólen, a área efetiva média de vizinhança de polinização (A_{ep}), considerando-se autofecundações, foi estimada em 1958 ha e sem autofecundações essa área foi de 3569 ha.

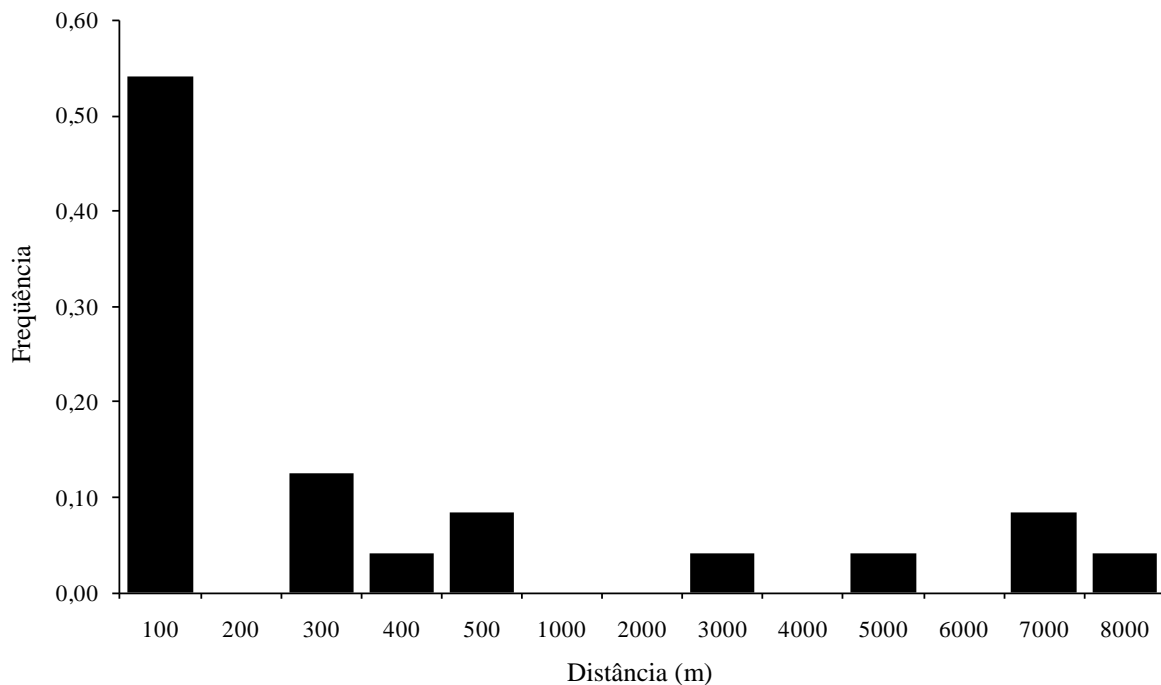


Figura 31 - Frequência da dispersão contemporânea de pólen em Pedregulho-SP (ano base 2008)

5.9 Estrutura genética entre populações e fluxo gênico realizado

Com exceção do \hat{G}'_{ST} , os estimadores utilizados resultaram em valores relativamente baixos de divergência genética entre as três populações de *Tabebuia aurea* estudadas em Assis e entre pares de populações da mesma localidade (Tabela 27), indicando a presença de moderado fluxo gênico. A menor divergência genética encontrada apresentou $\hat{\theta}_p$ igual a 0,046 e se refere ao par de populações 1 *versus* 3 (Tabela 27). O fluxo gênico realizado entre as populações apresentou padrões distintos (Tabela 28). Houve maior fluxo gênico entre as populações 1 e 3 ($\hat{N}_m = 1,311$) (Tabela 28).

Tabela 27 - Divergência genética entre as populações de *Tabebuia aurea* de Assis-SP

Populações	\hat{F}_{ST}	$\hat{\theta}_p$	\hat{G}_{ST}	\hat{G}'_{ST}	\hat{R}_{ST}
1 x 2	0,060	0,060	0,034	0,329	0,043
1 x 3	0,046	0,046	0,025	0,326	0,060
2 x 3	0,069	0,069	0,036	0,430	0,131
1 x 2 x 3	0,057	0,057	0,042	0,476	0,055

Tabela 28 - Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre as populações de *Tabebuia aurea* de Assis-SP

Populações	$\hat{N}_{m(F_{ST})}$	$\hat{N}_{m(\theta_p)}$	$\hat{N}_{m(G_{ST})}$	$\hat{N}_{m(G'_{ST})}$	$\hat{N}_{m(R_{ST})}$
1 x 2	0,981	0,981	1,783	0,127	1,398
1 x 3	1,311	1,311	2,489	0,129	0,981
2 x 3	0,850	0,850	1,668	0,083	0,414
1 x 2 x 3	1,830	1,830	2,534	0,122	1,895

Com exceção do \hat{G}'_{ST} , os resultados encontrados para as três populações de Pedregulho sugerem uma divergência genética menor que a encontrada para as populações de Assis (Tabela 29). Isto indica um maior fluxo gênico realizado, o que pode ser verificado na Tabela 30. Os valores de fluxo gênico encontrados para o par de populações 2 *versus* 3 são maiores que para as demais combinações (Tabela 30), excetuando-se a análise conjunta das três populações ($\hat{N}_m = 4,495$) (Tabela 30).

Tabela 29 - Divergência genética entre as populações de *Tabebuia aurea* de Pedregulho-SP

Populações	\hat{F}_{ST}	$\hat{\theta}_p$	\hat{G}_{ST}	\hat{G}'_{ST}	\hat{R}_{ST}
1 x 2	0,039	0,039	0,020	0,337	0,072
1 x 3	0,039	0,039	0,020	0,346	0,053
2 x 3	0,015	0,015	0,007	0,147	0,021
1 x 2 x 3	0,024	0,024	0,021	0,381	0,035

Tabela 30 - Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre as populações de *Tabebuia aurea* de Pedregulho-SP

Populações	$\hat{N}_{m(F_{ST})}$	$\hat{N}_{m(\theta_p)}$	$\hat{N}_{m(G_{ST})}$	$\hat{N}_{m(G'_{ST})}$	$\hat{N}_{m(R_{ST})}$
1 x 2	1,530	1,530	3,005	0,123	0,802
1 x 3	1,545	1,545	3,082	0,118	1,112
2 x 3	4,248	4,248	8,558	0,363	2,942
1 x 2 x 3	4,495	4,495	5,149	0,181	3,054

Analisando-se a divergência genética entre as populações de Selvíria e Três Lagoas, obteve-se $\hat{\theta}_p$ significativo igual a 0,017 (Tabela 31). Para as duas populações do Mato Grosso do Sul, a estimativa do número de migrantes por geração foi alta ($\hat{N}_m = 3,725$) (Tabela 32).

Tabela 31 - Divergência genética entre as populações de *Tabebuia aurea* de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS

Populações	\hat{F}_{ST}	$\hat{\theta}_p$	\hat{G}_{ST}	\hat{G}'_{ST}	\hat{R}_{ST}
Selvília x Três Lagoas	0,017	0,017	0,009	0,169	0,032

Tabela 32 - Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre as populações de *Tabebuia aurea* de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS

Populações	$\hat{N}_{m(F_{ST})}$	$\hat{N}_{m(\theta_p)}$	$\hat{N}_{m(G_{ST})}$	$\hat{N}_{m(G'_{ST})}$	$\hat{N}_{m(R_{ST})}$
Selvília x Três Lagoas	3,725	3,725	7,290	0,307	1,903

Quando analisado o conjunto das populações estudadas, verificou-se que a divergência genética populacional não se distribuiu igualmente entre populações. Isto pode ser observado comparando-se os valores de $\hat{\theta}_p$ em cada par de populações (Tabela 33). O menor valor de $\hat{\theta}_p$ encontrado foi igual a 0,017 (Selvíria *versus* Três Lagoas) e o maior valor foi igual 0,072 (Assis *versus* Pedregulho) (Tabela 33), indicando menor divergência genética entre as populações do Mato Grosso do Sul e maior entre as populações de São Paulo, sugerindo a influência das distâncias geográficas. Dessa forma, o maior fluxo gênico realizado se deu para Selvíria *versus* Três Lagoas ($\hat{N}_m = 3,725$) e o menor fluxo gênico realizado ($\hat{N}_m = 0,812$) foi referente ao par de população Assis *versus* Pedregulho (Tabela 34).

Tabela 33 - Divergência genética entre todas as populações de *Tabebuia aurea*

Populações	\hat{F}_{ST}	$\hat{\theta}_p$	\hat{G}_{ST}	\hat{G}'_{ST}	\hat{R}_{ST}
Assis x Pedregulho	0,072	0,072	0,037	0,622	0,127
Assis x Selvíria	0,050	0,050	0,025	0,438	0,062
Assis x Três Lagoas	0,041	0,041	0,022	0,393	0,109
Pedregulho x Selvíria	0,059	0,059	0,030	0,546	0,086
Pedregulho x Três Lagoas	0,053	0,053	0,027	0,493	0,134
Selvíria x Três Lagoas	0,017	0,017	0,009	0,169	0,032

Nota: Assis = População 1; Pedregulho = População 3

Tabela 34 - Fluxo gênico realizado (\hat{N}_m) entre todas as populações de *Tabebuia aurea*

Populações	$\hat{N}_{m(F_{ST})}$	$\hat{N}_{m(\theta_p)}$	$\hat{N}_{m(G_{ST})}$	$\hat{N}_{m(G'_{ST})}$	$\hat{N}_{m(R_{ST})}$
Assis x Pedregulho	0,812	0,812	1,610	0,038	0,431
Assis x Selvíria	1,200	1,200	2,413	0,080	0,946
Assis x Três Lagoas	1,448	1,448	2,844	0,097	0,513
Pedregulho x Selvíria	1,001	1,001	1,995	0,052	0,668
Pedregulho x Três Lagoas	1,117	1,117	2,221	0,064	0,403
Selvíria x Três Lagoas	3,725	3,725	7,290	0,307	1,903

Nota: Assis = População 1; Pedregulho = População 3

5.10 Estimativa do número mínimo de matrizes para coleta de sementes

Os coeficientes de coancestria médios das famílias das progênes de Assis ($\hat{\Theta}_{xy} = 0,198$) e de Pedregulho ($\hat{\Theta}_{xy} = 0,177$) foram maiores que o esperado para meios-irmãos sob panmixia ($\hat{\Theta}_{xy} = 0,125$) (Tabela 35). Conseqüentemente, as médias dos tamanhos efetivos de variância por família, para progênes de Assis e de Pedregulho ($\hat{N}_{e(v)} = 2,51$ e $\hat{N}_{e(v)} = 2,81$, respectivamente), foram menores que o esperado para meios-irmãos ($\hat{N}_{e(v)} = 4$ para $\hat{t}_m = 1,0$ e $n \geq 100$) (Tabela 35). Dessa forma, o número de árvores matrizes necessárias para a coleta de sementes, com a finalidade de reter tamanhos efetivos de referência de 50, 500 e 1000 foi de, no mínimo, 20, 200 e 399 para Assis e de 18, 178 e 356 para Pedregulho (Tabela 35).

Tabela 35 - Estimativa do número mínimo de matrizes para a coleta de sementes de *Tabebuia aurea* em Assis-SP (ano base 2007) e Pedregulho-SP (ano base 2008)

Progênes	$\hat{\Theta}_{xy}$	$\hat{N}_{e(v)}$	$\hat{m}_{(50)}$	$\hat{m}_{(500)}$	$\hat{m}_{(1000)}$
Assis	0,198	2,51	20	200	399
Pedregulho	0,177	2,81	18	178	356

Nota: $\hat{\Theta}_{xy} = \hat{r}_{xy}/2$ = média do coeficiente de coancestria dentro de famílias estimado a partir da metade do coeficiente de parentesco; $\hat{N}_{e(v)}$ = tamanho efetivo médio dentro de progênes de tamanho n ; $\hat{m}_{(referência)}$ = número mínimo de matrizes para coleta de sementes com base no tamanho efetivo de referência

6 DISCUSSÃO

6.1 Diversidade genética e gargalo genético populacional

As oito populações de *Tabebuia aurea*, apesar de pequenas e fragmentadas, ainda conservam altos índices de diversidade genética, embora estes índices variem entre as populações e regiões de estudo. As heterozigosidades esperadas variaram de 0,905 a 0,773, sendo que as maiores variações foram constatadas para as heterozigosidades observadas (0,696 a 0,513). Rosa et al. (2010) ao estudarem 11 populações de *T. aurea* em toda a sua distribuição geográfica, também mostraram que a espécie possui alta diversidade genética, com heterozigosidades variando de 0,941 a 0,832.

As populações maiores não apresentaram os maiores valores para os parâmetros genéticos, e a menor (população 3 de Assis com $n = 14$ e área de 0,53 ha) não apresentou os menores valores para os mesmos parâmetros. Estes resultados diferem dos obtidos por Hall, Walker e Bawa (1996), que examinaram a diversidade genética de *Pithecellobium elegans* em oito populações fragmentadas na Costa Rica e observaram menores níveis de heterozigosidade nas populações menores. Alterações na heterozigosidade são percebidas mais facilmente quando se dá um número maior de gerações após a fragmentação (FUTUYMA, 2002). Portanto, os altos níveis de diversidade genética observados nos remanescentes de Cerrado e a ausência de grandes variações entre populações para estes índices devem-se, possivelmente, ao limitado número de gerações transcorridas após a fragmentação e à ocorrência de fluxo gênico de outros fragmentos próximos.

A fragmentação do Cerrado nas regiões estudadas foi mais intensa nos últimos 100 anos. Portanto, nessas populações, podem ter transcorrido, no máximo, duas a quatro gerações pós-fragmentação, o que poderia explicar as altas heterozigosidades. Quando ocorre redução no tamanho populacional, mesmo que o número de alelos seja reduzido, o grau de heterozigosidade e a diversidade genética podem permanecer tão altos quanto na população original. Isso acontece porque, na maioria das vezes, os alelos perdidos por deriva são raros, e contribuem pouco para o nível de heterozigosidade (NEI, 1975).

As poucas evidências de perda de heterozigosidade também podem estar relacionadas ao método de amostragem realizada, representando uma mescla de árvores originadas antes (adultos) e depois da fragmentação (jovens). Adultos amostram a variação que já existia e sofreu um efeito de gargalo e, jovens, a diversidade resultante do efeito gargalo.

Todas as oito populações analisadas, com exceção de uma (população 1 de Assis), apresentaram aumento no tamanho efetivo populacional. Isso pode ser devido a uma recente colonização ou à sobrevivência de indivíduos heterozigóticos na população.

A amostragem de progênies dos fragmentos pode auxiliar o entendimento do comportamento das heterozigosidades em função do processo de fragmentação. Neste estudo foram amostradas progênies das populações 1 de Assis e 3 de Pedregulho. Em Assis, todos os índices apresentaram reduções em seus valores entre a fase adulta e a fase de progênies (16% para \hat{A}_e , 3,5 % para \hat{H}_o e 2% para \hat{H}_e), com exceção do número de alelos ($\hat{A} = 16,5$), que não sofreu variação e do índice de fixação, que apresentou ligeiro aumento ($\hat{F} = 0,226$ na fase adulta e $\hat{F} = 0,237$ na fase de progênies). Em Pedregulho, todos os parâmetros genéticos tiveram seus valores reduzidos da fase adulta para a fase de progênies (9% para \hat{A} , 26% para \hat{A}_e e 4% para \hat{H}_e), com exceção da heterozigosidade observada cujos valores de \hat{H}_o foram iguais a 0,696 na fase adulta e 0,711 na fase de progênies. Souza (1997), estudando 28 progênies de *Chorisia speciosa* em um fragmento, observou redução nas heterozigosidades entre as fases adulta e de progênies, na ordem de 17% para \hat{H}_o , 6% para \hat{H}_e e aumento de 77% no \hat{F} , evidenciando a presença de deriva genética.

As estimativas dos índices de fixação médios dentro das populações (\hat{F}) foram altas e significativamente diferentes de zero, indicando altos níveis de endogamia nos fragmentos. O \hat{F} é função dos efeitos dos desvios de cruzamentos aleatórios dentro das populações. Qualquer população de tamanho finito torna-se mais endogâmica com o tempo, pelo aumento do parentesco com o passar das gerações, reduzindo a proporção de heterozigotos. O cruzamento entre indivíduos aparentados não altera as frequências alélicas, mas aumenta as frequências dos genótipos homozigotos. Quando a perda de variabilidade genética é meramente consequência da redução do tamanho populacional, a população permanece em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (FUTUYMA, 1992).

6.2 Distribuição espacial, estrutura genética espacial e análise de paternidade

O padrão espacial da variação genética das oito populações de *Tabebuia aurea* poderá ser adequadamente compreendido, quando se considerarem, também, características ecológicas da

espécie. *T. aurea* apresenta uma alta plasticidade, ocorrendo tanto em ambientes abertos (cerrado *sensu stricto*) como em ambientes com maior cobertura vegetal (cerradão), sendo que neste último em maior densidade. As análises de distribuição espacial revelaram que em populações maiores ($n > 35$ indivíduos, para este estudo) a espécie possui distribuição agregada e que em populações menores sua distribuição se dá de forma aleatória, independente da fisionomia em que se encontra. Segundo Durigan et al. (2003), os padrões de distribuição em grandes escalas, neste caso referindo-se aos agregados de indivíduos, podem estar relacionados a fatores como fertilidade dos solos e condições climáticas. Sendo assim, a distribuição agregada da espécie sugere haver um diferencial para a germinação ou o estabelecimento de plântulas de acordo com características edáficas.

Esse resultado corrobora outros estudos realizados em formações savânicas, inclusive no Cerrado brasileiro, onde a maioria das espécies apresentou uma distribuição espacial agregada (LIMA-RIBEIRO; PRADO, 2007). Segundo Condit et al. (2000), a maioria das espécies vegetais tropicais ocorre de forma agregada e essa agregação pode ser causada, em parte, pela dispersão restrita de sementes, fatores edáficos ou ainda por propagação vegetativa. Com a utilização dos marcadores microsatélites nucleares seguida pela análise da estrutura genética espacial foi possível apontar que a dispersão restrita de sementes foi a principal responsável pela agregação dos indivíduos de *T. aurea*, admitindo-se um processo de facilitação ocasionado pelas árvores estabelecidas da espécie que criam condições edafoclimáticas propícias para a germinação das sementes. Esses mecanismos podem estar ocorrendo concomitantemente, favorecendo o estabelecimento de indivíduos aparentados próximos uns dos outros e possibilitando a ocorrência de cruzamentos entre parentes, gerando endogamia biparental, o que foi confirmado pela análise da taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados nas populações de Assis e Pedregulho (Tabela 26).

Apesar dos índices de coancestria terem sido relativamente baixos para a maioria das populações, seus valores foram significativos. Vários estudos sobre a estrutura genética populacional têm sido realizados com espécies arbóreas em ambientes naturais, com relatos de que há variações nos níveis de estruturação genética. A presença de estruturação genética significativa, como em populações de *Cryptocarya moschata* (MORAES; MONTEIRO; VENCOVSKY, 2004), *Solanum lycocarpum* (MARTINS et al., 2006) e *Hymenaea courbaril* (CASTELLEN, 2005), deve ser devido ao fluxo gênico restrito que ocorre nestas plantas. Já em

espécies que possuem intenso fluxo gênico, ocorre a distribuição espacial aleatória dos genótipos, como observado em *Cedrella fissilis* (PÓVOA, 2002), em *Platyidium elegans* (HAMRICK; MURAWSKI; NASON, 1993) e *Carapa procera* (DOLIGEZ; JOLY, 1997). Loiselle et al. (1995) observaram baixa estruturação genética em cinco subpopulações de *Psychotria officinalis*, na Costa Rica. Os autores verificaram que os indivíduos distantes entre si por cinco metros tinham seus genótipos mais correlacionados, que outros em maiores classes de distância, e atribuíram este fato à provável dispersão restrita de sementes, assim como a proximidade de indivíduos aparentados.

A distribuição espacial de espécies vegetais tem sido considerada um importante componente na determinação de interação planta-animal, esperando-se que muitos padrões observados nestes sistemas resultem de variações na distribuição de recursos vegetais (HUNTER; PRICE, 1992). A abundância local de espécies, que pode ser representada tanto pela distância entre indivíduos, caracterizando a estrutura espacial, bem como pelo número de indivíduos, tem efeitos sobre as interações biológicas (KUNIN, 1997; MUSTAJÄRVI et al., 2001). A atividade de polinizadores apresenta padrões dependentes de densidade, tanto no que se refere às frequências de visita como à constância floral (WASER, 1986; KUNIN; IWASA, 1996). Polinizadores forrageiam de modo não aleatório o recurso disponível (WASER, 1982; JONES, 2001), sendo que sua resposta à abundância local de espécies sofre influência não somente de densidades florais, mas da distribuição de recursos florais (ZIMMERMAN, 1988; RATHCKE, 1992).

Uma característica que deve ser ressaltada é que os frutos de *T. aurea* são deiscentes e suas sementes possuem dispersão primária pelo vento, e, posteriormente, por animais. Outra informação importante é que a disposição dos órgãos reprodutivos nas flores de *T. aurea* favorece a polinização cruzada, uma vez que, no trajeto em direção ao néctar, as abelhas polinizadoras passam, necessariamente e nessa ordem, pelas áreas de recepção e de doação de pólen. Ressalta-se que o fechamento dos lobos estigmáticos contribui para reduzir a interferência destas funções (STEPHENSON; THOMAS, 1977; STEPHENSON, 1979). A grande produção de flores e a disposição das inflorescências por toda a planta certamente são responsáveis pela atração à longa distância, o que pode ser atestado pela alta taxa de visitação, incluindo polinizadores e pilhadores (BARROS, 2001). Estas características representam uma unidade de atração para os visitantes, o

que está de acordo com Wyatt (1981), Brody e Mitchell (1997) e Goulson et al. (1998), quando relatam que o arranjo das flores influencia o padrão de forrageio dos polinizadores.

Nas populações estudadas, com exceção de duas (população 3 de Assis e população 3 de Pedregulho), ocorreu uma tendência de estruturação genética espacial entre indivíduos mais próximos, tendência essa diminutiva à medida que a distância aumentou. Uma provável explicação para não ter ocorrido estruturação dos genótipos das populações de *T. aurea* pode ser o intenso e amplo fluxo de pólen ocasionado pela presença de fragmentos próximos e pela floração sincrônica da espécie.

As análises de paternidade revelaram um baixo número de sementes que tiveram o pai encontrado, 26% e 13%, respectivamente para Assis e Pedregulho. Este baixo índice mostra que é grande a quantidade de fluxo gênico vindo de fora das áreas amostradas. Detectou-se uma alta taxa de imigração de pólen nas populações de Assis (74%) e de Pedregulho (87%), sugerindo intenso movimento de genes nas populações. Alguns estudos demonstram que onde se tem uma grande variedade de ambientes e espécies, como no Cerrado, os testes de paternidade, na maioria das vezes, conseguem encontrar baixo número de parentais. Em estudos com regenerantes de copaíba (*Copaifera langsdorffii*) utilizando oito locos de SSR por probabilidade de exclusão, Ciampi (1999) encontrou baixo número de parentais. A autora comenta que com a diminuição do número de locos analisados, tem-se baixa confiabilidade nas determinações de exclusões e tendência a superestimação no número de descendentes com os genitores encontrados. Gaiotto; Grattapaglia e Vencovsky (2003), analisando a estrutura genética de duas populações de *Euterpe edulis*, uma palmeira de ocorrência tropical, determinaram ambos os parentais em 23,4% e 13,9%, respectivamente para o Parque Nacional de Brasília e para a Reserva Ecológica do Instituto de Geografia e Estatística Brasileiro.

Para *T. aurea* no presente estudo, a hipótese de que ocorre fluxo gênico em longa distância, predominantemente por pólen, teve suporte com os resultados apresentados pela análise de paternidade. Deve estar acontecendo uma migração de longa distância do pólen compatível com o agente polinizador. Verificou-se fluxo gênico de longo alcance dentro das populações estudadas com distâncias superiores a 160 m em Assis e 7000 m em Pedregulho. Ressalta-se ainda que os dados de dispersão de pólen estão subestimados, visto que os cálculos foram feitos com base nos indivíduos que tiveram seus pais localizados nos fragmentos. Isto significa que as distâncias são superiores às apresentadas.

A dispersão do pólen a longas distâncias está ligada a fatores relacionados ao hábito de forrageamento de seus polinizadores, sendo a capacidade de vôo um aspecto muito importante. Segundo Malone (2002), a maioria dos trabalhos relatam que a distância máxima de forrageamento de abelhas melíferas seja de 10 Km, com a maioria das abelhas sendo encontradas a 6 Km da colméia. Ainda segundo Malone (2002), distâncias superiores a 13,7 Km já foram relatadas, mas este resultado foi obtido em um deserto sem nenhuma outra fonte de alimento. A distância de vôo para forrageamento das mamangavas também é elevada. Os vôos de forrageamento de 5 Km podem ser efetivos caso a possibilidade de coleta seja maior que em áreas mais próximas. Tem sido observado que abelhas do gênero *Bombus*, polinizadoras potenciais de *T. aurea* (BARROS, 2001), podem realizar forrageamento em locais distantes cerca de 4 Km. Também as abelhas do gênero *Centris*, importantes polinizadoras de *T. aurea*, possuem alta eficiência como forrageadoras entre plantas e distância de vôo de vários quilômetros (FRANKIE; OPLER; BAWA, 1976; FRANKIE et al. 1988).

6.3 Sistema de reprodução

Estudos sobre sistemas reprodutivos foram realizados em somente cerca de 5% das espécies de Bignoniaceae, sendo que pelo menos 86% das espécies investigadas são auto-incompatíveis (BITTENCOURT Jr.; SEMIR, 2005). Dessa forma, esperava-se encontrar altas taxas de cruzamentos multilocos para *Tabebuia aurea*, como ocorreu neste estudo, em que se verificaram \hat{t}_m igual a 0,997 (Assis) e \hat{t}_m igual a 1,000 (Pedregulho), sugerindo mecanismos de auto-incompatibilidade para a espécie. Feres (2009), apesar de encontrar um sistema misto de reprodução para *Tabebuia roseo-alba*, registrou \hat{t}_m igual a 0,840 (Ribeirão Preto-SP) e \hat{t}_m igual a 0,963 (Selvíria-MS). Para outra espécie da família Bignoniaceae, *Handroanthus heptaphyllus*, o valor de \hat{t}_m foi igual a 0,978 (MORI, 2010).

Análises do sistema de reprodução têm mostrado um potencial para a variação das taxas relativas de autofecundação e fecundação cruzada entre indivíduos dentro de populações, entre populações e entre diferentes eventos de florescimento (MURAWSKI; HAMRICK, 1991). Trabalhos indicam que a plasticidade no sistema reprodutivo pode ocorrer em resposta à ausência ou diminuição dos agentes polinizadores a favor da autofecundação (LOBO; QUESADA; STONER, 2005). O movimento do polinizador pode também ser afetado pela mudança de

habitat, conseqüentemente afetando o sistema de reprodução de determinada espécie de planta. Entre as populações analisadas, observou-se uma pequena variação entre as taxas de cruzamentos encontradas para as populações de Assis e Pedregulho, que pode ser atribuída à primeira se localizar em um fragmento com alto grau de perturbação antrópica e, à segunda, em uma unidade de conservação.

Diferenças interpopulacionais têm sido observadas para diferentes espécies de plantas. Mudanças na paisagem, tais como corte seletivo de espécies arbóreas, desmatamento e destruição de habitat alteram a densidade populacional, estrutura demográfica, fenologia, diversidade e comportamento do polinizador, implicando variações no sistema de reprodução de certas espécies (LOWE et al., 2005).

Estudos do sistema de reprodução e mecanismos de auto-incompatibilidade sugerem que estimativas populacionais da taxa de cruzamento também podem ser influenciadas por diferentes condições de densidade (FUCHS; LOBO; QUESADA, 2003). *Paquiria quinata*, por exemplo, em estudos de populações naturais contínuas, parecia ser auto-incompatível, mas resultados de análises genéticas em árvores de diferentes níveis de isolamento sugeriram que parcial auto-compatibilidade depende do grau de isolamento (FUCHS; LOBO; QUESADA, 2003). O autor indica como possível explicação dos resultados a possibilidade de que *P. quinata* tenha um sistema crítico de auto-incompatibilidade que permite autofecundação, quando o conjunto de pólen cruzado compatível é limitado.

As causas para esse fenômeno são explicadas por estudos genéticos que indicam que populações fragmentadas ou árvores isoladas são mais susceptíveis a produzirem sementes de autofecundação ou terem poucos doadores de pólen (CASCANTE et al., 2002; FUCHS; LOBO; QUESADA, 2003; LOBO; QUESADA; STONER, 2005).

A origem e a manutenção dos sistemas de auto-incompatibilidade são bastante complexos, sendo que ainda existem muitas questões em torno de sua evolução que permanecem sem resposta. Acredita-se que ela surgiu diversas vezes durante a evolução, e para que ocorra o estabelecimento do sistema químico da auto-incompatibilidade é necessário que haja forte depressão por endogamia nos indivíduos oriundos de populações auto-compatíveis. Além disso, plantas completamente auto-incompatíveis não seriam estabelecidas de imediato na população de plantas auto-compatíveis. Estima-se que, num primeiro momento, seriam estabelecidos níveis intermediários na população, sendo que plantas compatíveis estariam entre as auto-incompatíveis.

Pelo fato de os indivíduos gerados não apresentarem depressão por endogamia, os alelos de auto-incompatibilidade teriam vantagem reprodutiva, aumentando sua frequência na população a ponto de suprimir completamente os alelos de auto-compatibilidade. Outro fato a considerar é que alelos responsáveis pela auto-incompatibilidade não aumentam em frequência, caso não exista depressão por endogamia, pois na ausência de depressão ambos teriam a mesma vantagem reprodutiva, não ocorrendo a eliminação dos indivíduos gerados a partir de plantas auto-compatíveis (CLARK; KAO, 1998). Assim, a vantagem reprodutiva pode ser definida pelo balanço de duas forças: a que controla a rejeição do grão de pólen, priorizando o cruzamento, e a que age no sentido contrário, buscando aumentar a frequência das progênes em ambientes onde a presença do polinizador é baixa. Deste modo, a manutenção da auto-incompatibilidade ao longo das gerações vai depender da superioridade das progênes produzidas e do custo relativo da redução no número de indivíduos gerados (VALLEJO-MARÍN; UYENOYAMA, 2004).

A quebra da auto-incompatibilidade tem ocorrido de forma repetida ao longo da evolução das angiospermas e proporcionado profundos impactos sobre a estrutura genética das populações (STONE, 2002). O principal custo genético da endogamia é o efeito deletério da depressão. Contudo, ela não é constante e varia de acordo com o nível de autofecundação. Populações alógamas que se autofecundam sofrem o efeito da depressão gerada pela exposição dos alelos recessivos deletérios ou parcialmente deletérios até que sejam completamente eliminados da população. Deste momento em diante, a população estará preparada para continuar evoluindo, utilizando o sistema de autofecundação sem ter efeitos prejudiciais recorrentes.

6.4 Estrutura genética entre populações e fluxo gênico realizado

As divergências genéticas ($\hat{\theta}_p$) entre as populações de *Tabebuia aurea* foram relativamente baixas. Quando analisado o conjunto dos pares de todas as populações, verificou-se que a divergência genética populacional não se distribuiu igualmente entre as populações. O menor valor de $\hat{\theta}_p$ encontrado foi igual a 0,017 (Selvíria *versus* Três Lagoas) e o maior valor foi igual 0,072 (Assis *versus* Pedregulho), indicando menor divergência genética para as populações do Mato Grosso do Sul e maior para as populações de São Paulo. Em geral, em espécies arbóreas, devido ao predomínio de cruzamentos e os mecanismos de dispersão de pólen e sementes, são observados baixos níveis de divergência genética entre populações ($\hat{\theta}_p < 0,05$). Em discordância,

Hall, Walker e Bawa (1996) examinaram a distribuição da diversidade genética de *Pithecellobium elegans* em oito populações fragmentadas da Reserva de La Selva na Costa Rica e observaram, diferentemente, alta divergência genética entre populações, concluindo que as populações pequenas e isoladas não persistirão com o tempo. Por outro lado, Foré et al. (1992) estudaram a estrutura genética após a fragmentação em 15 populações de *Acer saccharum* e relacionaram o isolamento dos fragmentos com níveis de diversidade genética. Os autores observaram que a divergência genética entre fragmentos foi baixa, que o fluxo gênico foi maior após a fragmentação, devido à maior incidência de vento, nesse caso, e que a fragmentação não acarretou isolamento das populações. Ainda, Young, Merriam e Warwick (1993) investigaram o efeito da fragmentação na diversidade genética de *Acer saccharum*, comparando oito populações em florestas contínuas com oito populações em áreas fragmentadas no Canadá. Ao contrário das previsões teóricas, os autores não observaram reduções na divergência genética entre e dentro de populações. A divergência genética entre populações foi 0,017 para fragmentos e, 0,019 para populações contínuas e o efeito fundador resultou na perda de seis alelos nos fragmentos.

Seoane, Kageyama e Sebbenn (2000) citam que a presença de alelos exclusivos em algumas populações é indicativa de fluxo gênico restrito, o que pode levar a um aumento da divergência genética entre populações. Embora os valores de fluxo gênico realizado tenham sido relativamente altos para os pares de populações analisados, eles se referem aos fluxos ocorridos no passado, quando as populações amostradas nos Estados de São Paulo e do Mato Grosso do Sul faziam parte de grandes populações. Essa medida de fluxo gênico deve ser interpretada com cautela, pois indica que as populações de diferentes regiões apesar de geograficamente isoladas, apresentam alelos e frequências similares como resultado de trocas gênicas antigas.

Apesar de constar uma baixa divergência genética com os índices \hat{F}_{ST} , $\hat{\theta}_p$ e \hat{G}_{ST} , o \hat{G}'_{ST} demonstrou uma alta divergência. Neste caso, deve-se tomar cuidado com a interpretação dos índices anteriores em relação ao \hat{G}'_{ST} . Provavelmente este índice considerou os alelos raros, que indicam a existência de estruturação entre as populações. Adotando um critério conservador em relação à preservação e manejo da espécie, vale utilizar os dados do \hat{G}'_{ST} , uma vez que alelos exclusivos podem conferir à espécie e às populações vantagens adaptativas, é claro, se o mesmo estiver dentro ou ligado ao um gene sob seleção.

6.5 Tamanho efetivo populacional e área mínima viável para conservação

Em todas as populações os números de indivíduos de *Tabebuia aurea* coletados foram superiores às estimativas de tamanhos efetivos ($\hat{N}_{e(ref)} = 50$), ou seja, insuficientes para manter a endogamia estável em curto prazo, de até dez gerações (FRANKEL; SOULÉ, 1981). Esses resultados podem ser indicativos dos efeitos das ações antrópicas ocorridas nas áreas. Vale ressaltar que a manutenção de um tamanho efetivo adequado diminui a probabilidade de ocorrência de oscilações genéticas e endogamia em populações naturais. Quanto maior o N_e menor a magnitude da deriva genética e da mesma forma, quanto maior sua magnitude, menor será o efeito da endogamia na população.

A inquestionável ameaça sobre a biodiversidade do Cerrado, em algumas regiões, vem da expansão das atividades agropecuárias, já que os estabelecimentos rurais ocupam quase toda a extensão das regiões estudadas. Os mapas de remanescentes de vegetação natural (MMA, 2006) mostram que nestas regiões restam áreas pequenas e muito fragmentadas de ambientes naturais. Assim, apesar do processo de ocupação humana ser relativamente recente, em termos de tempo ecológico-evolutivo, os resultados das análises genéticas já permitiram verificar que nessas regiões a maioria dos remanescentes estudados possui áreas de tamanhos inferiores aos encontrados pelas estimativas de *AMV* (área mínima viável) para a conservação. Sendo assim, o problema a ser resolvido seria encontrar uma forma de possibilitar a conectividade entre estas pequenas “ilhas” para permitir o fluxo gênico e conseqüentemente a diversidade genética das populações de *T. aurea* a médio e longo prazo. Apenas o Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP, contém área (2.069,06 ha) suficiente para a conservação do potencial evolutivo das populações de *T. aurea* presentes em seu interior. Logo, a respectiva unidade de conservação tem potencial para a conservação *in situ* e para servir para a coleta de sementes para conservação *ex situ* e recuperação ambiental.

Os resultados mostraram que o número mínimo de matrizes necessário para a coleta de sementes, visando a atingir $N_e = 500$, foi maior para Assis que para Pedregulho. Vale ressaltar que pela curva de dispersão de pólen, sugere-se que sejam coletadas sementes de árvores, pelo menos 175m (Assis) e 8000 (Pedregulho) distantes entre si, visando a anular todo e qualquer parentesco entre indivíduos de diferentes progênies.

Pelo exposto, para a manutenção de populações mínimas viáveis de *T. aurea*, é requerida uma grande quantidade de fragmentos que apresentem conectividade e fluxo gênico. Assim, seria possível conservar o potencial evolutivo de *T. aurea* e proporcionar recursos e habitat para seus agentes polinizadores e dispersores, que por sua vez, influenciam na sua diversidade e estrutura genética.

As políticas públicas ambientais foram concebidas com a noção de que um conjunto de áreas protegidas bastava. Mas a fragmentação de ecossistemas pode fazer com que essas áreas caminhem para a inviabilidade. As chances de sobrevivência de animais e plantas dependerão, em grande medida, da capacidade de transitar entre um fragmento e outro, e determinadas circunstâncias podem impedir esse trânsito quase completamente. A monocultura de soja, por exemplo, cria espaços intransponíveis. Dessa forma, para a concretização da conectividade entre fragmentos no Cerrado, há a necessidade de que os planos de manejo e conservação conciliem as atividades agrícolas com a conservação da biodiversidade.

O planejamento de uso da terra, com o estabelecimento de zonas tampão e de culturas agrícolas que permitam maior permeabilidade da matriz à biota nativa, constitui medida necessária, mas de implementação de médio e longo prazo. Ainda, o estabelecimento de práticas agrícolas adequadas à capacidade de suporte das terras e a aplicação racional de agroquímicos minimizaria a perda de habitats por erosão, o assoreamento e a contaminação de corpos d'água. Entretanto, todas essas medidas, para serem implementadas e tornarem-se efetivas, necessitam passar por um sistema rígido de fiscalização ambiental, educação e conscientização da população, especialmente dos residentes nos arredores de unidades de conservação.

7 CONCLUSÕES

- (1) *Tabebuia aurea* possui preferencialmente distribuição agregada.
- (2) Os índices de diversidade genética foram altos nas oito populações estudadas.
- (3) Há estrutura genética espacial intrapopulacional, devido à dispersão de sementes espacialmente restrita.
- (4) As estimativas das taxas de cruzamento multiloco foram altas para Assis e Pedregulho, indicando que *T. aurea* se reproduz por cruzamentos, sugerindo fortemente a presença de mecanismos de auto-incompatibilidade para a espécie.
- (5) Com o teste de paternidade, observaram-se baixos índices de descendentes com ambos os parentais encontrados dentro das áreas amostradas, indicativos de alta imigração de pólen.
- (6) Ocorre baixa divergência genética entre populações, indicando que a maior parte da variabilidade genética está concentrada dentro.
- (7) Todos os remanescentes de Cerrado estudados, exceto o Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, Pedregulho-SP, não apresentam áreas mínimas viáveis para a conservação do potencial evolutivo de suas populações.
- (8) O esforço amostral de sementes em árvores matrizes deve ser maior em Assis que em Pedregulho, que abriga uma unidade de conservação.

REFERÊNCIAS

- AÇÕES **prioritárias para a conservação da biodiversidade do Cerrado e Pantanal**. Brasília: Conservation International do Brasil/FUNATURA/UnB/Fundação Biodiversitas/MMA, 1999. 26p. il. (Inclui um mapa “Prioridades para a conservação do Cerrado e do Pantanal”).
- AIZER, M.A.; FEISINGER, P. Forest fragmentation, pollination and plant reproduction in a Chaco dry forest, Argentina. **Ecology**, Washington, v.75, p.300-351, 1994.
- AKKAYA, M.S.; BHAGWAT, A.A.; CREGAN P.B. Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in Soybean. **Genetics**, Chicago, v.132, n.4, p.1131-1139, 1992.
- ALDRICH, P.R.; HAMRICK, J.L. Reproductive dominance of pasture trees in a fragmented tropical forest mosaic. **Science**, Washington, v.281, p.103-105, 1998.
- ALMEIDA, S.P.; PROENÇA, C.E.B.; SANO, S.M.; RIBEIRO, J.F. **Cerrado: espécies vegetais úteis**. Brasília: EMBRAPA, 1998. 464p.
- ALVES, R.M.; ARTERO, A.S.; SEBBENN, A.M.; FIGUEIRA, A. Mating system in a natural population of *Theobroma grandiflorum* (Willd. ex Spreng.) Schum., by microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.26, n.3, p.373-379, 2003.
- ANDRADE-LIMA, D. de. **Viagem aos campos de Monte Alegre, Pará**. Contribuição para o conhecimento de sua flora. Rio Branco: Instituto Agrônômico do Norte, 1958. 162p.
- BALDUINO, A.P. do C.; SOUZA, A.L. de; MEIRA NETO, J.A.A.; SILVA, A.F. da; SILVA Jr., M.C. da. Fitossociologia e análise comparativa da composição florística do Cerrado da flora de Paraopeba-MG. **Revista Árvore**, Viçosa, v.29, n.1, p.25-34, 2005.
- BARBOSA, A.R. **As espécies do gênero *Vochysia* Aubl. (Vochysiaceae) ocorrentes no Estado de São Paulo**. 196p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP. 1999.
- BARBOSA, L.M.; NUNES, J.A. **Atlas das unidades de conservação do Estado de São Paulo, parte II: interior**. São Paulo: Secretaria Estadual de Meio Ambiente - Metalivros, 2001.
- BARROS, M.G. Pollination ecology of *Tabebuia aurea* (Manso) Benth. & Hook. and *T. ochracea* (Cham.) Standl. (Bignoniaceae) in Central Brazil cerrado vegetation. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.24, n.3, p.255-261, 2001.
- BARROWS, E.M. Floral maturation and insect visitors of *Pachyptera hymenaea* (Bignoniaceae). **Biotropica**, Lawrence, v.99, n.2, p.133-134, 1977.
- BASKENT, E.Z. Controlling spatial structure of forested landscapes: a case study towards landscape management. **Landscape Ecology**, New York, v.14, p.83-87, 1999.
- BATALHA, M.A.; MANTOVANI, W. Reproductive phenological patterns of cerrado plant species at the Pé de Gigante Reserv (Santa Rita do Passa Quatro, SP, Brazil): a comparison between the herbaceous and woody floras. **Revista Brasileira de Biologia**, São Carlos, v.60, p.129-145, 2000.

BAWA, K.S.; BULLOCH, S.H.; PERRY, D.R.; COVILLE, R.E.; GRAYUM, M.H. Reproduction biology of tropical lowland rain forest tree. II. Pollination system. **American Journal of Botany**, Columbus, v.72, p.346-356, 1985.

BAWA, K.S.; PERRY, D.R.; BEACH, J.H. Reproductive biology of tropical lowland rain forest trees: 1- sexual systems and incompatibility mechanisms. **American Journal of Botany**, Columbus, v.72, n.3, p.331-45, 1985.

BAWA, K.S.; WEBB, C.J. Flower, fruit and seed abortion in tropical forest trees: implications for the evolution of paternal and maternal reproductive patterns. **American Journal of Botany**, Columbus, v.71, n.5, p.737-751, 1984.

BEKESSY, S.A.; ALLNUTT, T.R.; PREMOLI, A.C.; LARA, A.; ENNOS, R.A.; BURGMAN, M.A.; CORTES, M.; NEWTON, A.C. Genetic variation in the vulnerable and endemic Monkey Puzzle tree, detected using RAPDs. **Heredity**, London, v.88, p.243-249, 2002.

BERTIN, R.I. Floral biology, hummingbird pollination and fruit production of trumpet creeper (*Campsis radicans*, Bignoniaceae). **American Journal of Botany**, Columbus, v.69, n.1, p.122-134, 1982.

BERTIN, R.I. Paternity and fruit production in trumpet creeper (*Campsis radicans*). **The American Naturalist**, Chicago, v.119, p.694-709, 1982.

BERTONI, J.E.A.; NEGREIROS, O.C.; OGAWA, H.Y.; PFEIFER, R.M.; DOMINGUES, E.N., SILVA, D.A. NOFFS, M.S.; MATTOS, I.F.A.; BRANCO, I.H.D.C.; VIEIRA, M.G.L. Proposta de preservação do Vale do Bom Jesus. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.33, p.1-30, 1988.

BITTENCOURT Jr., N.S.; GIBBS, P.E.; SEMIR, J. Histological study of post-pollination events in *Spathodea campanulata* Beauv. (Bignoniaceae), a species with lateacting self-incompatibility. **Annals of Botany**, Oxford, v.91, n.4, p.827-834, 2003.

BITTENCOURT Jr., N.S.; SEMIR, J. Late-acting self-incompatibility and other breeding systems in *Tabebuia* (Bignoniaceae). **International Journal of Plant Sciences**, Chicago, v. 166, p.493-506, 2005.

BITTENCOURT, J.V.M.; SEBBENN, A.M. Patterns of pollen and seed dispersal in a small fragmented population of a wind pollinated *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. **Heredity**, London, v.99, p.580-591, 2007.

BOLOGNA, I.A.; PRADO, H. do; MENK, J.R.F.; JOAQUIM, A.C.; LEPSCH, I.F. **Levantamento pedológico semidetalhado do Estado de São Paulo**: quadrícula de Assis. II. Memorial descritivo. Campinas: IAC, 2003. 54p. (Boletim Científico, 8. Série Pesquisa APTA).

BOUZAT, J.L. The population genetic structure of the Greater Rhea (*Rhea americana*) in an agricultural landscape. **Biological Conservation**, Beijing, v.99, p.277-284, 2001.

BOYLE, T.J. Criteria and indicators for the conservation of genetic diversity. In: YOUNG, A.; BOSHIER, D.; BOYLE, T.J. (Eds.). **Forest conservation genetics: principles and practice**. Collingwood: CSIRO Publishing, 2000. p.239-251.

BRAGA, A.C.; REIS, A.M.M.; LEOI, L.T.; PEREIRA, R.W.; COLLEVATTI, R.G. Development and characterization of microsatellite markers for the tropical tree species *Tabebuia aurea* (Bignoniaceae). **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v.7, p.53-56, 2007.

BRAGA, R. **Plantas do nordeste, especialmente do Ceará**. Fortaleza: Imprensa Oficial, 1960. 540p.

BRANCO, I.C.; DOMINGUES, E.N.; SERIO, F.C.; DEL CALI, I.H.; MATTOS, I.A.; BERTONI, J.A.; ROSSI, M.; ESTON, M.R.; PFEIFER, R.M.; ANDRADE, W.J. Plano de Manejo – Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, município de Pedregulho, SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.3, n.2, p.137-155, 1991.

BRANDÃO, M. Plantas medicamentosas do Cerrado mineiro. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.15, n.168, p.15-20, 1991.

BRODY, A.K.; MITCHELL, R.J. Effects of experimental manipulation of inflorescence size on pollination and pre-dispersal seed predation in the hummingbird-pollinated plant *Ipomopsis aggregata*. **Oecologia**, Berlin, v.110, p.86-93, 1997.

BROWN, A.H.D. Enzyme polymorphism in plant populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.15, p.1-42, 1979.

BROWN, S.A. **Genetic variation within and between some rare and common taxa of Cape Proteaceae and the implications for their conservation**. 1999. 169p. Tese (Doutorado) - Department of Botany, Faculty of Science, Rhodes University, Grahamstown, 1999.

BURGESS, I.P.; WILLIAMS, E.R.; BELL, J.C.; HARWOOD, C.E.; OWEN, J.V. The effect of outcrossing rate on the growth of selected families of *Eucalyptus grandis*. **Silvae Genetica**, Forstgenetik, v.45, p.97-100, 1996.

CABRAL, E.L.; BARBOSA, D.C.A.; SIMABUKURO, E.A. Armazenamento e germinação de sementes de *Tabebuia aurea* (Manso) Benth. & Hook. f. ex. S. Moore. **Acta Botanica Brasilica**, Porto Alegre, v.17, n.4, p.609-617, 2003.

CABRAL, E.L.; BARBOSA, D.C.A.; SIMABUKURO, E.A. Crescimento de plantas jovens de *Tabebuia aurea* (Manso) Benth. & Hook. f. ex. S. Moore submetidas a estresse hídrico. **Acta Botanica Brasilica**, Porto Alegre, v.18, n.2, p.241-251, 2004.

CAIXETA, T.E.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYANA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, T.E. (Eds.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2006. p.9-78.

CAMARGO, J.M.F.; GOTTSBERGER, G.; SILBERBAUER-GOTTSBERGER, I. On the phenology and flower visiting behavior of *Oxaea flavences* (Klug) (Oxaeinae, Andrenidae, Hymenoptera) in São Paulo, Brasil. **Beiträge zur Biologie der Pflanzen**, Berlin, v.59, p.159-179, 1984.

CARVALHO, R.F. de. Alguns dados fenológicos de 100 espécies florestais, ornamentais e frutíferas nativas ou introduzidas na Estação Florestal Experimental de Saltinho-PE. **Brasil Florestal**, Brasília, v.7, p.42-44, 1976.

- CARVALHO, R.F. de. Sugestões para escolha de espécies florestais destinadas à experimentação e plantio na região Nordeste. **Brasil Florestal**, Brasília, v.33, p.45-48, 1978.
- CASCANTE, A.; QUESADA, M.; LOBO, S.A.; FUCHS, E.J. Effects of dry tropical forest fragmentation on the reproductive success and genetic structure of the tree *Samanea saman*. **Conservation Biology**, Oxford, v.16, p.137-147, 2002.
- CASPER, B.B.; WIENS, D. Fixed rates of random ovule abortion in *Cryptantha flava* (Boraginaceae) and its possible relation to seed dispersal. **Ecology**, Washington, v.62, p.866-869, 1981.
- CASTELLEN, M.S. **Avaliação do estado de conservação de populações naturais de jatobá (*Hymenaea courbaril* L.) por meio de análises de estrutura genética e autocorrelação espacial**. 2005. 104p. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.
- CHARLESWORTH, D. Evolution of low female fertility in plants: pollen limitation, resource allocation and genetic load. **Trends in Ecology & Evolution**, London, v.4, n.10, p.289-292, 1989.
- CHARLESWORTH, D.; CHARLESWORTH, B. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. **Annual Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.18, p.237-268, 1987.
- CHASE, M.; KESSELY, R.; BAWA, K. Microsatellite markers for population and conservation genetics of tropical trees. **American Journal of Botany**, Columbus, v.83, n.1, p.51-57, 1996.
- CHASE, M.R.; MOLLER, C.; KESSELY, R.; BAWA, K.S. Distant gene flow in tropical trees. **Nature**, London, v.383, n.6599, p.398-399, 1996.
- CHECKLIST das plantas do Nordeste. **Plantas do Nordeste**: versão I [on line]. 2005. Disponível em: <<http://umbuzeiro.cnip.org.br/db/pnechek/taxa/979.html>>. Acesso em: 22 jun 2006.
- CIAMPI, A.Y. **Desenvolvimento e utilização de marcadores microssatélites, AFLP e seqüenciamento de cpDNA, no estudo da estrutura genética e parentesco em populações de copaíba (*Copaifera langsdorffii*) em matas de galeria no cerrado**. 1999. 204p. Tese (Doutorado em Genética) - Instituto de Biociências. Universidade Estadual de São Paulo, Botucatu, 1999.
- CLARK, A.G.; KAO, T.H. Self-incompatibility: theoretical concepts and evolution. In: WILLIAMS, E.G.; CLARKE, A.E.; KNOX, B.R. (Eds.). **Genetic control of self-incompatibility and reproductive development in flowering plants**. Ordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1994. p.220-244.
- CLARK, P.J.; EVANS, F.C. Distance to nearest neighbor as a measure of spatial relationships in populations. **Ecology**, Washington, v.35, p.445-456, 1954.
- COATES, D.J.; ATKINS, K.A. Priority setting and the conservation of Western Australia's diverse and highly endemic flora. **Biological Conservation**, Beijing, v.97, p.251-263, 2001.
- COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequency. **Evolution**, Lancaster, v.23, p. 72-84, 1969.

- COLLEVATTI, R.G.; BRONDANI, R.A.; GRATTAPAGLIA, D. Development and characterization of microsatellite markers for genetic analysis of a Brazilian endangered tree species *Caryocar brasiliense*. **Heredity**, London, v.83, p.748-756, 1999.
- COLLEVATTI, R.G.; GRATTAPAGLIA, D.; HAY, J.D. High resolution microsatellite based analysis of the mating system allows the detection of significant biparental inbreeding in *Caryocar brasiliense*, an endangered tropical tree species. **Heredity**, London, v.86, n.1, p.60-67, 2001a.
- COLLEVATTI, R.G.; GRATTAPAGLIA, D.; HAY, J.D. Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. **Molecular Ecology**, Oxford, v.10, n.2, p.349-356, 2001b.
- COLLINSON, A.S. **Introduction to world vegetation**. London: Unwin Hyman Ltd., 1988. 2ed. 325p.
- CONDIT, R.; ASHTON, P.S.; BAKER, P.; BUNYAVEJCHEWIN, S.; GUNATILLEKE, S.; GUNATILLEKE, N.; HUBBELL, S.P.; FOSTER, R.B.; ITOH, A.; LA FRANKIE, J.V.; LEE, H.S.; LOSOS, E.; MANOKARAN, N.; SUKUMAR, R.E.; YAMAKURA, T. Spatial patterns in the distribution of tropical tree species, **Science**, Washington, v.288, p.1414-1418, 2000.
- CONDIT, R.; HUBBELL, S.P. Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. **Genome**, Ottawa, v.34, n.1, p.66-71, 1991.
- CORLETT, R.T.; TURNER, I.M. Long term survival in tropical forest remnants in Singapore and Hong Kong. In: LAURENCE, W.F.; BIERREGAARD Jr., R.O. (Eds.). **Tropical forest remnants- ecology, management, and conservation of fragmented communities**. Chicago: University of Chicago Press, 1997. p.333-345.
- CORNUET, J.M.; LUIKART, G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. **Genetics**, Chicago, v.144, p. 2001-2014, 1996.
- CORRÊA, M.P. **Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas**. Rio de Janeiro: Imprensa Nacional, v.1-6, 1926-1978. 4329p.
- COUTINHO, L.M. **Aspectos do cerrado** [on line]. Disponível em: <http://eco.ib.usp.br/cerrado/aspectos_bioma.htm>. Acesso em: 3 ago 2009.
- COUTINHO, L.M. O conceito de Cerrado. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.1, n.1, p.17-23, 1978.
- CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphism in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, Athens, v.19, n.4, p.299-306, 2001.
- CROW, J. F.; AOKI, K. Group selection for polygenic behavioral trait: estimating the degree of population subdivision. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v.81, p.6073-6077, 1984.

CUNHA, M. do C.L.; ARAÚJO, F.C. de A.W. Maturação e colheita de sementes de *Tabebuia caraiba* Bur. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE TECNOLOGIA DE SEMENTES FLORESTAIS, 2., 1989. Atibaia-SP. **Anais...** Atibaia: [s.n.]. 1989.

CUNNINGHAM, S.A. Depressed pollination in habitat fragments causes low fruit set. **Proceedings of the Royal Society**, London, v.267, p.1149-1152, 2000.

DEGEN, B.; BANDO, E.; CARON, H. Limited pollen dispersal and biparental inbreeding in *Symphonia globulifera* in French Guiana. **Heredity**, London, n.93, p.585-591, 2004.

DEGEN, B.; PETIT, R.; KREMER, A. SGS - Spatial Genetic Software: A computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. **Journal of Heredity**, Washington, v.92, p.447-448, 2001.

DEMATTE, J.L.I. **Levantamento detalhado dos solos do “Campus Experimental de Ilha Solteira”**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1980. p.11-31.

DEYOUNG, R.W.; HONEYCUTT, R.L. The molecular toolbox: genetic techniques in wildlife ecology and management. **Journal of Wildlife Management**, Lawrence, v.69, n.4, p.1362-1384, 2005.

DI RIENZO, A.; PETERSON, A.C.; GARZA, J.C.; VALDES, A.M.; SLATKIN, M.; FREIMER, N.B. Mutational processes of Simple Sequence Repeat loci in human populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 91, n. 8, p.3166-3170, 1994.

DICK, C.W.; ETCHELECU, G.; AUSTERLITZ, F. Pollen dispersal of Neotropical trees (*Dinizia excelsa*: Fabaceae) by native insects and *Africa honeybees* in pristine and fragmented Amazonian rainforest. **Molecular Ecology**, Oxford, v.12, p.753-764, 2003.

DICK, C.W.; HARDY, O.J.; JONES, F.A.; PETIT, R.J. Spatial Scales of Pollen and Seed-Mediated Gene Flow in Tropical Rain Forest Trees. **Tropical Plant Biology**, New York, v.1, p.20-33, 2008.

DOLIGEZ, A.; JOLY, H.I. Genetic diversity and spatial structure within a natural stand of a tropical forest tree species, *Carapa procera* (Meliaceae), in French Guiana. **Heredity**, London, v.79, n.1, p.72-82, 1997.

DREZNER, T.D.; FALL, P.L.; STROMBERG, J.C. Plant distribution and dispersal mechanisms at the Hassayampa River Preserve, Arizona, USA. **Global Ecology and Biogeography**, Oxford, v.10, p.205-217, 2001.

DURIGAN, G. Bases e diretrizes para a restauração da vegetação de cerrado. In: KAGEYAMA, P.Y.; OLIVEIRA, R.E.; MORAES, L.F.O.; ENGEL, V.L.; GANDARA, F.B. (Eds.). **Restauração ecológica de sistemas naturais**. Botucatu: FEPAP, 2003. p.187-204.

DURIGAN, G.; RATTER, J.A.; BRIDGEWATER, S.; SIQUEIRA, M.F.; FRANCO, G.A.D.C. Padrões fitogeográficos do cerrado paulista sob uma perspectiva regional. **Hoehnea**, São Paulo, v.30, n.1, p.39-51, 2003.

DYER, R.J.; WESTFALL, R.D.; SORK, V.L.; SMOUSE, P.E. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape V: a stepwise approach for extracting factors contributing to pollen structure. **Heredity**, London, v.92, p.204–211, 2004.

EDWARDS, K.J.; BARKER, J.H.A.; DALY, A.; JONES, C.; KARP, A. Microsatellite libraries enriched for several microsatellite sequences in plants. **BioTechniques**, New York, v.20, n.5, p.758-760, 1996.

EITEN, G. A sketch of vegetation of Central Brasil. In: CONGRESSO LATINO-AMERICANO DE BOTÂNICA, 2. – CONGRESSO NACIONAL DE BOTÂNICA, 29., 1978. Brasília e Goiânia. **Anais...** Brasília e Goiânia. 1978. p.1-37.

EITEN, G. Brazilian “savannas”. In: HUNTLEY, B.J.; WALKER, B.H. (Eds.). **Ecology of tropical savannas**. Berlin: Springer-Verlag, 1982. p.25-47.

EITEN, G. Delimitação do conceito de cerrado. **Arquivos do Jardim Botânico**, Rio de Janeiro, v.21, p.125-134, 1977.

EITEN, G. The cerrado vegetation of Brazil. **The Botanical Review**, New York, v.38, n.2, p.201-341, 1972.

EITEN, G. Vegetação do cerrado. In: PINTO, M.N. (Ed.). **Cerrado: caracterização, ocupação e perspectivas**. 2ed. Brasília: UnB/SEMATEC, 1994. p.17-73.

ELIAS, T.S. Extrafloral nectaries: their structure and distribution. In: BENTLEY, B.; ELIAS, T.S. (Eds.). **The Biology of nectaries**. New York: Columbia University Press, 1983. p.174-203.

ELIAS, T.S.; GELBAND, H. Morphology and anatomy of floral and extrafloral nectaries in *Campsis* (Bignoniaceae). **American Journal of Botany**, Columbus, v.63, n.10, p.1349-1353, 1976.

ELIAS, T.S.; GELBAND, H. Nectar: Its production and functions in trumpet creeper. **Science**, Washington, v.189, p.289-291, 1975.

ELIAS, T.S.; PRANCE, G.T. Nectaries on the fruit of *Crescentia* and other Bignoniaceae. **Brittonia**, Bronx, v.30, n.2, p.175-181, 1978.

ELLSTRAND, N.C. Gene flow of pollen: implication for plant conservation genetics. **Oikos**, Copenhagen, v.63, p.77-86, 1992.

ELLSTRAND, N.C.; ELAN, D.R. Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.24, p.217-242, 1993.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - Embrapa. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa Produção de Informações, 1999. 412p.

EOL. **Encyclopedia of life** [on line]. Disponível em: <<http://www.eol.org/pages/104136>>. Acesso em: 12 jul 2010.

EPPERSON, B.K. Spatial patterns of genetic variation within plant populations. In: BROWN, A.H.D.; CLEGG, M.T.; KAHLER, A.L.; WEIR, B.S. (Eds.). **Plant population genetics, breeding and genetic resources**. Sunderland: Sinauer, 1990. p.229-253.

FELFILI, J.M.; SCARIOT, A.O.; SILVA, J.C.S. Biodiversidade, ecologia e conservação do cerrado: Avanços do conhecimento. In: SCARIOT, A.O.; SOUSA-SILVA, J.C.; FELFILI, J.M. (Eds.). **Biodiversidade, ecologia e conservação do cerrado**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 2005. p. 25-44.

FELFILI, J.M.; SILVA Jr., M.C. A comparative study of cerrado (*sensu stricto*) vegetation in Central Brazil. **Journal of Tropical Ecology**, Winchelsea, v.9, p.277-289, 1993.

FERES, J.M. **Diversidade genética, sistema reprodutivo e fluxo de pólen em duas populações de *Tabebuia roseo-alba* (Ridl.) Sand.: Implicações para a conservação**. 2009, 142p. Dissertação (Mestrado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto. Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2009.

FERREIRA, M.B. Plantas portadoras de substâncias medicamentosas de uso popular nos cerrados de Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.6, n.61, p.19-23, 1980.

FERREIRA, M.E.; GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3ed. Brasília: Embrapa-CENARGEN, 1998. 220p.

FISCHER, M.; HUSI, R.; PRATI, D.; PEINTINGER, M.; van KLEUNEN, M.; SCHMID, B. RAPD variation among and within small and large populations of the rare clonal plant *Ranunculus reptans* (Ranunculaceae). **American Journal of Botany**, Columbus, v.87, p.1128-1137, 2000.

FLEISHMAN, E.; LAUNER, A.E.; SWITKY, K.R.; YANDELL, U.; HEYWOOD, J.; MURPHY, D.D. Rules and exceptions in conservation genetics: genetic assessment of the endangered plant *Cordylanthus palmatus* and its implications for management planning. **Biological Conservation**, Beijing, v.98, p.45-53, 2001.

FORÉ, S.A.; HICKEY, R.J.; VANKAT, J.L.; GUTTMAN, S.; SHAEFER, R. Genetic structure after forest fragmentation: a landscape ecology perspective on *Acer saccharum*. **Canadian journal of botany**, Canada, v.70, p.1659-1668, 1992.

FRANCO, G.A.D.C.; DURIGAN, G.; MATTOS, I.F.A.; PASTORE, J.A.; BAITELLO, J.B.; GUILLAUMON, J.R.; IVANAUSKAS, N.M.; AGUIAR, O.T.; SOUZA, S.C.P.M.; CATARUCCI, A.F.M.; GUERIN, N. **Relatório técnico do tema vegetação do plano de manejo do Parque Estadual Furnas do Bom Jesus**. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, Instituto Florestal, 2007. 115p.

FRANKEL, O.H.; SOULÉ, M.S. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327p.

FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v.29, p.305-327, 1995.

FRANKIE, G.W.; HABER, W.A.; OPLER, P.A.; BAWA, K.S. Characteristics and organization of the large bee pollination system in the Costa Rican dry forest. In: JONES, C.E.; LITTLE, R.J.

(Eds.). **Handbook of experimental pollination biology**. New York: Scientific and Academic Editions, 1983. p.411-447.

FRANKIE, G.W.; OPLER, P.A.; BAWA, K.S. Foraging behavior of solitary bees: implications for outcrossing of a neotropical forest tree species. **Journal of Ecology**, Oxford, v.64, p.1049-1057, 1976.

FRANKIE, G.W.; VINSON, S.B.; NEWSTROM, L.E.; BARTHELL, J.F. Nest site and habitat preferences of *Centris* bees in the Costa Rica dry forest. **Biotropica**, Lawrence, v.20, p.301-310, 1988.

FREITAS, B.M.; IMPERATRIZ-FONSECA, V.L. **A importância da polinização** [on line]. Disponível em: <<http://www.apacame.org.br/mensagemdoce/80/polinizacao3.htm>>. Acesso em: 12 jul 2010.

FUCHS, E.J.; LOBO, J.A.; QUESADA, M. Effects of forest fragmentation and flowering phenology on the reproductive success and mating patterns of the tropical dry forest tree *Pachira quinata*. **Conservation Biology**, Oxford, v.17, p.149-157, 2003.

FUNDAÇÃO CÂNDIDO RONDON. **Diagnóstico Eco-socioambiental de Bonito, Mato Grosso do Sul, Relatório Final** [on line]. Disponível em: <<http://www.fcr.org.br>>. Acesso em: 25 jul 2007.

FUTUYMA, D.J. **Biologia Evolutiva**. Ribeirão Preto: FUNPEC-RP, 2002. 2ed. 631p.

GAIOTTO, F.A.; GRATAPAGLIA, D.; VENCOVSKY, R. Genetic structure, mating system, and log-distance gene flow in heart of palm (*Euterpe edulis* Mart.). **Journal of Heredity**, Washington, v.94, n.5, p.399-406, 2003.

GALETTO, L. Nectary structure and nectar characteristics in some Bignoniaceae. **Plant Systematics and Evolution**, New York, v.196, p.99-121, 1995.

GENELETTI, D. Using spatial indicators and value functions to assess ecosystem fragmentation caused by linear infrastructures. **International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation**, Amsterdam, v.5, p.1-15, 2004.

GENTRY, A.H. Additional generic mergers in Bignoniaceae. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v.66, p.778-787, 1979b.

GENTRY, A.H. **Bignoniaceae - Part II (Tribe Tecomeae)**. New York: The New York Botanical Garden, 1992. p.144-145.

GENTRY, A.H. Bignoniaceae of southern Central America: distribution and ecological specificity. **Biotropica**, Lawrence, v.8, n.2, p.117-131, 1976.

GENTRY, A.H. Coevolutionary patterns in Central American Bignoniaceae. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v.61, p.728-759, 1974b.

GENTRY, A.H. Flowering phenology and diversity in tropical Bignoniaceae. **Biotropica**, Lawrence, v.6, n.1, p.64-68, 1974a.

- GENTRY, A.H. Patterns of neotropical plant species diversity. **Evolutionary Biology**, New York, v.15, p.1-84, 1982.
- GENTRY, A.H. Taxonomic implications of Bignoniaceae palynology. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v.66, p.756-777, 1979a.
- GIBBS, P.E.; BIANCHI, M. Does Late-acting self-incompatibility (LSI) show family Clustering? Two more species of Bignoniaceae with LSI: *Dolichandra cynanchoides* and *Tabebuia nodosa*. **Annals of Botany**, Oxford, v.84, p.449-457, 1999.
- GIBBS, P.E.; BIANCHI, M. Post-pollination events in species of *Chorisia* (Bombacaceae) and *Tabebuia* (Bignoniaceae) with late-acting self-incompatibility. **Botanica Acta**, Stuttgart, v.106, p.64-71, 1993.
- GIBBS, P.E.; OLIVEIRA, P.E.; BIANCHI, M.B. Postzygotic control of selfing in *Hymenaea stigonocarpa* (Leguminosae – Caesalpinoideae), a bat-pollinated tree of the Brazilian cerrados. **International Journal of Plant Sciences**, Chicago, v.160, p.72-78, 1999.
- GILL, F.B. Effects of nectar removal on nectar accumulation in flowers of *Heliconia imbricate* (Heliconiaceae). **Biotropica**, Lawrence, v.20, p.169-171, 1988.
- GOBATTO-RODRIGUES, A.A.; STORT, M.N.S. Biologia floral e reprodução de *Pyrostegia venusta* (Ker-Gawl.) Miers (Bignoniaceae). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.15, n.1, p.37-41, 1992.
- GODT, M.J.W.; HAMRICK, J.L.; BRATTON, S. Genetic diversity in a threatened wetland species, *Helonias bullata* (Liliaceae). **Conservation Biology**, Oxford, v.9, p.596-604, 1995.
- GOODLAND, R.F. **Ecologia do Cerrado**. São Paulo: Itatiaia & EDUSP, 1979. p.19-22.
- GOTTSBERGER, G.; SILBERBAUER-GOTTSBERGER, I. Dispersal and distribution in the cerrado vegetation of Brazil. **Sonderbänd des Naturwissenschaftlichen Vereins in Hamburg**, Hamburg, v.7, p.315-352, 1983.
- GOUDET, J. FSTAT. (Version 2.9.3.2.): a computer program to calculate *F*-statistics. **Journal of Heredity**, Cary, v.86, p.485-486, 2002.
- GOULSON, D.; STOUT, J.C.; HAWSON, S.A.; ALLEN, J.A. Floral display size in comfrey, *Symphytum officinale* L. (Boraginaceae): relationships with visitation by three bumblee species and subsequent seed set. **Oecologia**, Berlin, v.113, p.502-508, 1998.
- GRATTAPAGLIA, D. Integrating genomics into *Eucalyptus* breeding. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.3, n.3, p.369-379, 2004.
- GRATTAPAGLIA, D. Marcadores moleculares em espécies florestais: *Eucalyptus* como modelo. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). **Recursos Genéticos & Melhoramento: Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.967-994.
- HALL, P.; WALKER, S; BAWA, K.S. Effect of forest fragmentation on genetic diversity and mating system in tropical tree, *Pithecelobium elegans*. **Conservation Biology**, Oxford, v.10, n.3, p.757-768, 1996.

- HAMRICK J.L.; GODT, J.W. Allozyme diversity on plant species. In: BROWN, A.H.D.; CLEGG, M.J.; KAHLER, A.L.; WEIR, B.S. (Eds.) **Plant population genetics, breeding, and genetic resources**. Sunderland: Sinauer Associates, 1989. p.43-63.
- HAMRICK J.L.; SCHNABEL, A. Understanding the genetic structure of plant populations: some old problems and new approach. In: GREGORIUS, H.R. (Ed.). **Population genetics in forestry**. Berlin: Springer-Verlag, 1985. p.50-70.
- HAMRICK, J.L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, Columbus, v.69, n.10, p.1685-1693, 1982.
- HAMRICK, J.L.; MURAWSKI, D.A.; NASON, J.D. The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations. **Plant Ecology**, Dordrecht, v.107/108, n.1, p.281-297, 1993.
- HANSON, T.R.; BRUNSFELD, S.J.; FINEGAN, B.; WAITS, L.P. Pollen dispersal and genetic structure of the tropical tree *Dipteryx panamensis* in a fragmented Costa Rican landscape. **Molecular Ecology**, Oxford, v.17, n.8, p.2060-2073, 2008.
- HARDESTY, B.D.; HUBBELL, S.; BERMINGHAM, E. Genetic evidence of frequent long distance recruitment in a vertebrate-dispersed tree. **Ecology Letters**, Oxford, v.9, p.516-525, 2006.
- HARDY, O.J.; MAGGIA, L.; BANDOUE, E.; BREYNE, P.; CARON, H.; CHEVALLIER, M.H.; DOLIGEZ, A.; DUTECH, C.; KREMER, A.; LATOUCHE-HALLE, C.; TROISPOUX, V.; VERON, V.; DEGEN, B. Fine-scale genetic structure and gene dispersal inferences in 10 Neotropical tree species. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 15, n.2, p.559-571, 2006.
- HARDY, O.J.; VEKEMANS, X. SPAGeDI: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v.2, p.618-620, 2002.
- HEDRICK, P.W. A standardized genetic differentiation measure. **Evolution**, Lancaster, v.59, n.8, p.1633-1638, 2005.
- HEITHAUS, E.R. The role of plant-pollinator interactions in determining community structure. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, Saint Louis, v.61, p.675-691, 1974.
- HERNANDEZ, F.B.T.; LEMOS-FILHO, M.A.F.; BUZETTI, S. **Software HIDRISA e o Balanço hídrico de Ilha Solteira**. Ilha Solteira: UNESP/FEIS – Área de Hidráulica e Irrigação, 1995. 45p.
- HEUERTZ, M.; HAUSMAN, J.F.; TSVETKOV, I.; FRASCARIA-LACOSTE, N.; VEKEMANS, X. Assessment of genetic structure within and among Bulgarian populations of the common ash (*Fraxinus excelsior* L.). **Molecular Ecology**, Oxford, v.10, n.7, p.1615-1623, 2001.
- HOWE, H.F.; SMALLWOOD, J. Ecology of seed dispersal. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.13, p.201-228, 1982.

HUNTER, M.D.; PRICE, P.W. Natural variability in plants and animals. In: HUNTER, M.D.; OHGUSHI, T.; PRICE, P.W. (Eds.). **Effects of resource distribution on animal-plant interactions**. San Diego: Academic Press, Inc., 1992. p.1-12.

INSTITUTO FLORESTAL - IF. **Inventário Florestal da Vegetação Natural do Estado de São Paulo**. Governo do Estado de São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente, 2005. 200p.

JAGGI, C.; WIRTH, T.; BAUR, B. Genetic variability in subpopulations of the asp viper (*Vipera aspis*) in the Swiss Jura Mountains: implications for a conservation strategy. **Biological Conservation**, Beijing, v.94, p.69-77, 2000.

JAMES, E.A.; ASHBURNER, G.R. Intraspecific variation in *Astelia australiana* (Liliaceae) and implications for the conservation of this Australian species. **Biological Conservation**, Beijing, v.82, p.253-261, 1997.

JAMES, T.; VEGE, S.; ALDRICH, P.; HAMRICK, J.L. Mating systems of three tropical dry forest tree species. **Biotropica**, Lawrence, v.30, p.587-594, 1998.

JANZEN, D.H. Herbivores and the tree species in tropical forest. **The American Naturalist**, Chicago, v.104, p.501-528, 1970.

JONES, B.; GLIDDON, C.; GOOD, J.E.G. The conservation of variation in geographically peripheral populations: *Lloydia serotina* (Liliaceae) in Britain. **Biological Conservation**, Beijing, v.101, p.147-156, 2001.

JONES, K.N. Pollinator-mediated assortative mating: causes and consequences. In: CHITTKA, L.; THOMSON, J.D. (Eds.). **Cognitive Ecology of Pollination**. Cambridge: Cambridge University Press, 2001. p.259-273.

JUMP, A.S.; PENUELAS, J. Genetic effects of chronic habitat fragmentation in a wind-pollinated tree. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v.103, p.8096-8100, 2006.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B.; SOUZA, L.M.I. Conseqüências da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série Técnica IPEF**, Piracicaba, v.12, n.32, p.65-70, 1998.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B.; VENCOSKY, R. Conservação *in situ* de espécies arbóreas tropicais. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. de; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). **Recursos Genéticos e Melhoramento - Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p.149-158, 2001.

KALINOWSKI, S. T; TAPER, M. L; MARSHALL, T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molecular Ecology**, Oxford, v.16, p.1099-1106, 2007.

KARP, A.; SEBERG, O.; BUIATTI, M. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. **Annals of Botany**, Oxford, v.78, n.2, p.143-149, 1996.

KILLEEN, T.J; JARDIM, A.; MAMANI, F.; ROJAS, N. Diversity, composition and structure of a Tropical Semideciduous Forest in the Chiquitanía region of Santa Cruz, Bolivia. **Journal of Tropical Ecology**, Winchelsea, v.14, p.803-827, 1998.

KLINK, C.A.; MACHADO, R.B. Conservation of the Brazilian Cerrado. **Conservation Biology**, Oxford, v.19, n.3, p.707-713, 2005.

KLINK, C.A.; MOREIRA, A.G.; SOLBRIG, O.T. Ecological impact of agricultural development in the cerrados. In: YOUNG, M.D.; SOLBRIG, O.T. (Eds.). **The world's savannas: economic driving forces, ecological constraints and policy options for sustainable land use**. Unesco, Paris: The Parthenon Publishing Group, 1993. p.259-282.

KRONKA, F.J.N.; NALON, M.A.; MATSUKUMA, C.K.; KANASHIRO, M.M.; YWANE, M.S.S.; PAVÃO, M.; DURIGAN, G.; LIMA, L.M.P.R.; GUILLAUMON, J.R.; BAITELLO, J.B.; BORGIO, S.C.; MANETTI, L.A.; BARRADAS, A.M.F.; FUKUDA, J.C.; SHIDA, C.N.; MONTEIRO, C.H.B.; PONTINHA, A.A.S.; ANDRADE, G.G.; BARBOSA, O.; SOARES, A.P. **Inventário florestal da vegetação natural do Estado de São Paulo**. São Paulo: Secretaria do Meio Ambiente; Instituto Florestal; Imprensa Oficial, 2005. 200p.

KUBITZKI, K. Dissemination biology in the savanna vegetation of Amazonia. **Sonderbänd des Naturwissenschaftlichen Vereins in Hamburg**, Hamburg, v.7, p.353-357, 1983.

KUNIN, W.; IWASA, Y. Pollinator foraging strategies in mixed floral arrays: density effects and floral constancy. **Theoretical Population Biology**, Amsterdam, v.49, p.232-263, 1996.

KUNIN, W.E. Population size and density effects in pollination: pollinator foraging and plant reproductive success in experimental arrays of *Brassica kaber*. **Journal of Ecology**, Oxford, v.85, p.225-234, 1997.

LAROCA, S.; ALMEIDA, M.C. A adaptação dos palpos labiais de *Niltonia virgillii* (Hymenoptera, Apoidea, Colletidae) para coleta de néctar em *Jacaranda puberula* (Bignoniaceae), com descrição do macho. **Revista Brasileira de Entomologia**, Curitiba, v.29, n.2, p.289-297, 1985.

LAURENCE, W.F.; BIERREGAARD Jr., R.O. **Tropical forest remnants: ecology, management, and conservation of fragmented communities**. Chicago: University of Chicago Press, 1997. 616p.

LEPSCH, I.F.; BUOL, S.W.; DANIELS, R.B. Soil-landscape relationships in the occidental plateau of São Paulo State, Brazil: I. Geomorphic surfaces and soil mapping units. **Soil Science Society of America Journal**, Madison, v.41, n.1, p.104-109, 1977.

LEVIN, D.A. Consequences of stochastic elements in plant migration. **The American Naturalist**, Chicago, v.132, n.5, p.643-651, 1988.

LEVIN, D.A.; KESTER, H.W. Gene flow in seed plants. **Evolutionary Biology**, New York, v.7, p.139-220, 1974.

LIMA, J.E.F.W.; SILVA, E.M. da. Estimativa da produção hídrica superficial do Cerrado brasileiro. In: SCARIOT, A.; SOUZA-SILVA, J. C.; FELFINI, J. M. (Eds.). **Cerrado: ecologia, biodiversidade e conservação**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 2005. v. 1, p. 61-72.

LIMA-RIBEIRO, M.S.; PRADO, E.C. Distribuição espacial de uma população de *Vernonia aurea* Mart. ex Dc. (Asteraceae) em um fragmento de cerradão no município de Caiapônia, GO, Brasil, **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.23, n.3, p. 81-89, 2007.

- LINDGREN, D.; GEA, L.; JEFFERSON, P. Loss of genetic diversity monitors by status number. **Silvae Genetica**, Forstgenetik, v.45, n.1, p.52-59, 1996.
- LOBO, J.A.; QUESADA, M.; STONER, K.E. Effects of pollination by bats on the mating system of *Ceiba pentandra* (Bombacaceae) populations in two tropical life zones in Costa Rica. **American Journal of Botany**, Columbus, v.92, p.370-376, 2005.
- LOISELLE, B.A.; SORK, V.L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany**, Columbus, v.82, n.11, p. 1420-1425, 1995.
- LORD, J.M.; NORTON, D.A. Scale and the spatial concept of fragmentation. **Conservation Biology**, Oxford, v.2, n.4, p.197-262, 1990.
- LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.15, p.65-95, 1984.
- LOWE, A.J.; BOSHIER, D.; WARD, M.; BACLES, C.F.E.; NAVARRO, C. Genetic resources impacts of habitats loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. **Heredity**, London, v.95, p.255-273, 2005.
- LUIKART, G.; CORNUET, J.M. Empirical evaluation of a test for identifying recently bottlenecked populations from allele frequency data. **Conservation Biology**, Oxford, v.12, n.1, p.228-237, 1998.
- LUZ, B.R. **Zoneamento ecológico do Parque Estadual das Furnas do Bom Jesus, em Pedregulho-SP, usando sensoriamento remoto e sistema de informação geográfica (SIG)**. 70p. Dissertação (Mestrado) - Universidade de São Paulo, São Paulo, SP. 2000.
- LYNCH, M. A quantitative-genetic perspective on conservation issues. In: AVISE, J; HAMRICK, J. (Eds.) **Conservation genetics: case histories from nature**: New York: Chapman and Hall, 1996. p.471-501.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 980p.
- MACHADO, I.C.; LOPES, A.V. Floral traits and pollination systems in the Caatinga, a Brazilian Tropical Dry Forest. **Annals of Botany**, Oxford, v.94, p.365-376, 2004.
- MACHADO, O. de F.; PEREIRA, L. de A. *Tabebuia caraiba* Bur. (*Tecoma caraiba* Mart.), “craibeira” – Bignoniaceae, árvore símbolo representativa de Alagoas. **Brasil Florestal**, Brasília, v.41, n.61, p.41-45, 1987.
- MACHADO, R.B.; RAMOS NETO, M.B.; PEREIRA, P.G.P.; CALDAS, E.F.; GONÇALVES, D.A.; SANTOS, N.S.; TABOR, K.; STEININGER, M. **Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro**. Relatório técnico. Brasília: Conservação International, 2004. 26p.
- MADEIRA de lei. **Ipê do cerrado** [on line]. Disponível em: <<http://esalq.usp.br/trilhas/lei/lei09.htm>>. Acesso em: 11 jul 2008.

- MALONE, L. **Literature review on genetically modified plants and bee products.** [on line]. Disponível em: <<http://www.maf.govt.nz/mafnet/rural-nz/research-and-development/biotechnology/index.htm>>. Acesso em: 20 nov 2002.
- MAMURIS, Z.; SFOUGARIS, A.I.; STAMATIS, C. Genetic structure of Greek brown hare (*Lepus europaeus*) populations as revealed by mtDNA RFLP-PCR analysis: implications for conserving genetic diversity. **Biological Conservation**, Beijing, v.101, p.187-196, 2001.
- MARSHALL, T.C.; SLATE, J.; KRUK, L.E.B.; PEMBERTON, J.M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**, Oxford, v.7, p.639-655, 1998.
- MARTINS, K.; CHAVES, L.J.; BUSSO, G.S.C.; KAGEYAMA, P.Y. Mating system and fine-scale spatial genetic structure of *Solanum lycocarpum* St. Hil (Solanaceae) in Brazilian Cerrado. **Conservation Genetics**, Arlington, v.7, n.6, p.957-969, 2006.
- MARTINS, P.S. Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação “in situ”. **IPEF/Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, v.35, p.71-78, 1987.
- MARTINS, P.S. Preservação e genética evolutiva. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, 1988. Jaboticabal-SP. **Anais...** Jaboticabal: Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. 1988. p.62-66.
- MATOCQ, M.D.; VILLABLANCA, F.X. Low genetic diversity in endangered species: recent or historic pattern? **Biological Conservation**, Beijing, v.98, p.61-68, 2001.
- MAX, J.C.M.; MELO, A.C.G. de; BERTOLUCCI, C.A.; HONDA, E.A.; DIAS, H.S.; SOUZA, M.B.M. de; CARDOSO, M.M.; GARRIDO, M.A.O.; VILAS BÔAS, O.; MARTINHO, P.R.R.; CONTIÉRI, W.A. Plano para o desenvolvimento sustentável do entorno da Estação Ecológica de Assis. **IF Sér. Reg.**, São Paulo, n.32, p.1-48, 2007.
- McCAULEY, D.E. Effects of population dynamics on genetics in mosaic landscapes. In: HANSSON, L.; FANGH, L.; MERRIAM, G. (Eds.). **Mosaic landscapes and ecological processes.** London: Chapman & Hall, 1995. p.178-198.
- MENDONÇA, R.C.; FELFILI, J.M.; WALTER, B.M.T, SILVA JÚNIOR, M.C., REZENDE A.V.; FILGUEIRAS, T.S.; NOGUEIRA, P.E. Flora vascular do Cerrado. In: SANO, S.M.; ALMEIDA, S.P. (Eds.). **Cerrado: ambiente e flora.** Planaltina: Embrapa-CPAC, 2008. p.423-442.
- METZGER, J.P.; GOLDENGERB, R.; BERNACCI, L.C. Caminhos da biodiversidade. **Ciência Hoje**, São Paulo, v.25, n.146, p.62-64, 1999.
- MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE - MMA. **Programa Nacional de Conservação e Uso Sustentável do Bioma Cerrado- Programa Cerrado Sustentável.** Brasília, 2006. 56p.
- MITTERMEIER, R.A.; GIL, P.R.; HOFFMANN, M.; PILGRIM, J.; BROOKS, J.; MITTERMEIER, C.G.; LAMOURUX, J.; FONSECA, G.A.B. **Hotspots Revisited: Earth's Biologically Richest and Most Endangered Terrestrial Ecoregions.** Cemex, Washington, DC. 2005. Disponível em: <<http://www.biodiversityhotspots.org/xp/Hotspots/cerrado/Pages/default.aspx>>. Acesso em: 23 ago 2009.

- MORAES, P.L.R.; MONTEIRO, R.; VENCOSKY, R. Estrutura genética intrapopulacional em *Cryptocarya moschata* Nees (Lauraceae). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.27, n.3, p.475-487, 2004.
- MORAND, M.E.; BRACHET, S.; ROSSIGNOL, P.; DUFOUR, J.; FRASCARIA-LACOSTE, N. A generalized heterozygote deficiency assessed with microsatellites in French common ash populations. **Molecular Ecology**, Oxford, v.11, n.3, p.377-385, 2002.
- MORELLATO, L.P.C.; LEITÃO-FILHO, H.L.F. Padrões de frutificação e dispersão na Serra do Japi. In: MORELLATO, L.P. (Ed.). **História natural da Serra do Japi - ecologia e preservação de uma área florestal no Sudeste do Brasil**. Campinas: Editora da Unicamp, 1992. p.112-141.
- MORI, N.T. **Variabilidade genética entre e dentro de subpopulações de ipê-roxo *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos e seu sistema reprodutivo**. 2010. 57p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal). Faculdade de Ciências Agrônômicas de Botucatu - Universidade Estadual Paulista. Botucatu, 2010.
- MUNHOZ, C.B.R. **Padrões de distribuição sazonal e espacial das espécies do estrato herbáceo-subarbusivo em comunidades de campo limpo úmido e campo sujo**. 2003. 273p. Tese - Universidade de Brasília. Brasília, 2003.
- MUNHOZ, C.B.R.; FELFILI, J.M. Fenologia do estrato herbáceo-subarbusivo de uma comunidade de campo sujo na Fazenda Água Limpa no Distrito Federal, Brasil. **Acta Botanica Brasílica**, Porto Alegre, v.19, n.4, p.979-988, 2005.
- MURAWSKI, D.A.; HAMRICK, J.L. The effect of the density of flowering individuals on the mating systems of nine tropical trees species. **Heredity**, London, v.67, p.167-174, 1991.
- MURAWSKI, D.A.; HAMRICK, J.L. The mating system of *Cavanillesia platanifolia* under extremes of flowering-tree density: a test of predictions. **Biotropica**, Lawrence, v.24, p.99-101, 1992.
- MUSTAJÄRVI, K.; SIIKAMAKI, P.; RYTKÖNEN, S.; LAMMI, A. Consequences of plant population size and density for plant-pollinator interactions and plant performance. **Journal of Ecology**, Oxford, v.89, p.80-87, 2001.
- NAMKOONG, G.; BOYLE, T.; EL-KASSABY, Y.A.; PALMBERG-LERCHE, C.; ERIKSSON, G.; GREGORIUS, H.R.; JOLY, H.; KREMER, J.A.; SAVOLAINEN, O.; WICKNESWARI, R.; YOUNG, A.; ZEH-NLO, M.; PRABHU, R. **Criteria and indicators sustainable forest management: assessment and monitoring of genetic variation**. Roma: FAO, 2002. 29p.
- NASON, J.D.; HAMRICK, J.L. Reproductive and genetic consequences of forest fragmentation: two case studies of neotropical canopy trees. **Journal of Heredity**, Cary, v.88, p.264-276, 1997.
- NEI, M. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided population. **Annals of Human Genetics**, London, v.41, p.225-233, 1977.
- NEI, M. **Molecular evolutionary genetics**. New York: Columbia University Press, 1987. 512p.

NEI, M. **Molecular population genetics and evolution**. Amsterdam: North-Holland Publishing Company, 1975. 288p.

NEIGEL, J.E. A comparison of alternative strategies for estimating gene flow from genetic markers. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.28, p.105-128, 1997.

NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. 2ed. Rio de Janeiro: Fundação IBGE, 1989. 421p.

OHTA, T.; KIMURA, M. A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. **Genetic Research**, Cambridge, v.33, p.201-204, 1973.

OLIVEIRA P.E.A.M.; MOREIRA, A.G. Anemocoria em espécies de cerrado e mata de galeria de Brasília, DF. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.15, p.163-174, 1992.

OLIVEIRA, A.K.M. de; SCHLEDER, E.D.; FAVERO, S. Morphological characterization, viability and vigor of *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex. S. Moore seeds. **Revista Árvore**, Viçosa, v.30, n.1, p.25-32, 2006.

OLIVEIRA, E.J.; PÁDUA, J.G.; ZUCCHI, M.I.; VENCOVSKY, R.; VIEIRA, M.L.C. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.29, n.2, p.294-307, 2006.

OLIVEIRA, M.F. de; LEMOS, T.L.G. de; MATTOS, M.C. de; BRAZ-FILHO, R. **Oximas do lapachol** [on line]. Disponível em: <<http://www.sbg.org.br/ranteriores/23/resumos/0859-1/>>. Acesso em: 27 set 2007.

OLIVEIRA, P.S.; MARQUIS, R.J. **The Cerrados of Brazil**: ecology and natural history of a neotropical savanna. New York: Columbia University Press, 2002. 398p.

OLIVEIRA-FILHO, A.T.; RATTER, J.A. Vegetation physiognomies and Woody flora of the cerrado biome. In: OLIVEIRA, P.S.; MARQUIS, R.J. (Eds.). **The cerrado of Brazil**: ecology and natural history of a Neotropical savanna. New York: Columbia University, 2002. p. 91-120.

OPLER, P.A.; FRANKIE, G.W.; BAKER, H.G. Comparative phenology studies of treelet and shrub species in tropical wet and dry forest in the lowland of Costa Rica. **Journal of Ecology**, Oxford, v.68, p.189-209, 1980.

OSTRANDER, E.A.; JONG, P.M.; RINE, J.; DUYK, G. Construction of small-insert genomics DNA libraries highly enriched for microsatellite repeat sequences. **Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America**, Washington, v.89, n.8, p.3419-3423, 1992.

PINHEIRO, M.; SCHLINDWEIN, C. A câmara nectarífera de *Ipomoea cairica* (Convolvulaceae) e abelhas de glossa longa como polinizadores eficientes. **Iheringia, Série Botânica**, Porto Alegre, v.51, n.1, p.3-16, 1998.

PIRY, S.; LUIKART, G.; CORNEUT, J.J. BOTTLENECK: A computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. **The Journal of Heredity**, Cary, v.90, n.4, p.502-503, 1999.

POTT, A.P. **Plantas do pantanal**. Corumbá, MS: Embrapa, 1994. p.68-74.

PÓVOA, J.S.R. **Distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* Vell. em fragmentos florestais no sul de Minas Gerais, por meio de isoenzimas**. 2002. 78p. Dissertação (Mestrado em Genética) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

POWELL, W.; MACHRAY, G.C.; PROVAN, J. Polymorphism revealed by simple sequences repeat. **Trends in Plants Science**, Oxford, v.1, n.7, p.215-222, 1996.

POWELL, W.; MORGANTE, M.; ANDRE, C.; MCNICOL, J.W.; MACHRA, Y.; DOYLE, J.J.; TINGEY, S.V.; RAFALSKI, J.A. Hypervariable microsatellites provide a general source of polymorphic DNA markers for the chloroplast genome. **Current Biology**, London, v.5, n.9, p.1023-1029, 1995.

PROVAN, J.; POWELL, W.; HOLLINGSWORTH, P.M. Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and evolution. **Trends in Ecology and Evolution**, Amsterdam, v.16, n.3, p.142-147, 2001.

PUTZ, F.E.; BLATE, G.M.; REDFORD, K.H.; FIMBEL, R.; ROBINSON, J. Tropical forest management and conservation of biodiversity: an overview. **Conservation Biology**, Oxford, v.1, n.15, p.7-20, 2001.

RATHCKE, B.J. Nectar distributions, pollinator behavior, and plant reproductive success. In: HUNTER, M.D.; OHGUSHI, T.; PRICE, P.W. (Eds.). **Effects of resource distribution on animal-plant interactions**. San Diego: Academic Press, Inc., 1992. p.113-138.

RATTER, J.A.; RIBEIRO, J.F.; BRIDGEWATER, S. The Brazilian Cerrado vegetation and threats to its biodiversity. **Annals of Botany**, Oxford, v.80, n.3, p.223-230, 1997.

REIS, A.M.M. **Distribuição da variabilidade genética em aroeira (*Myracrodruon urundeuva*, Anacardiaceae) por marcadores RAPD e polimorfismo de seqüência de cpDNA**. 1999. 60p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

REIS, M.S. **Distribuição e dinâmica da variabilidade genética em populações naturais de palmito (*Euterpe edulis* Martius)**. 1996. 210p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

RIBEIRO, J.F.; WALTER, B.M.T. Fitofisionomias do bioma Cerrado. In: SANO, S.M.; ALMEIDA, S.P. (Eds.). **Cerrado: ambiente e flora**. Brasília: Embrapa Cerrados, 1998. p.87-166.

RICHARDS, A.J. **Plant breeding systems**. London: George Allen & Unwin Ltd., 1997. 529p.

RICHARDS, P.W. **The tropical rain forest: an ecological study**. Cambridge: Cambridge University Press, 1976. 450p.

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lancaster, v.43, n.4, p.848-859, 1989.

RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using n independent loci. **Heredity**, London, v.88, p.221-228, 2002.

- RITLAND, K. **Multilocus mating system program MLTR. Version 1.1.** Canada: University of Toronto, v.1, 1997.
- RITLAND, K. **Multilocus mating system program MLTR. Version 3.3. 2008.** Disponível em: <<http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>>. Acesso em: 02 nov 2009.
- RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequency using independent loci. **Heredity**, London, v.47, p.35-52, 1981.
- RIZZINI, C.T.; MORS, W.B. **Botânica econômica brasileira.** São Paulo: USP, 1976. 207p.
- ROSA, F.F.; BRAGA, A.C.; TELLES, M.P.C.; COLLEVATTI, R.G. Diversidade e estrutura genética em populações de *Tabebuia aurea* (Bignoniaceae). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 56., 2010. Guarujá. **Anais...** Guarujá. 2010. p.170.
- ROSS, J.L.S.; MOROZ, I.C. **Mapa geomorfológico do Estado de São Paulo - volume 1. Escala 1:500.000.** Instituto de Pesquisas Tecnológicas: Fapesp, São Paulo. 1997.
- ROTH, I. **Stratification of a tropical forest as seen in dispersal types.** Dordrecht: Dr W. Junk Publishers, 1987. 330p.
- ROUBIK, D.W. The ecological impact of nectar-robbing bees and pollination hummingbirds on a tropical shrub. **Ecology**, Washington, v.63, n.2, p.354-360, 1982.
- ROUBIK, D.W.; HOLBROOK, N.M.; PARRA, G. Roles of nectar robbers in reproduction of the tropical treelet *Quassia amarra* (Simaroubaceae). **Oecologia**, Berlin, v.66, p.161-167, 1985.
- SALOMÃO, A.N.; FUJICHIMA, A.G. **Respostas de sementes de *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex S. Moore (Bignoniaceae) à dessecação e ao congelamento em temperaturas subzero.** Brasília: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Comunicado Técnico (76), 2002. 4p.
- SANCRISTOBAL, M.; CHAVALET, C. Error tolerant parent identification from a finite set of individual. **Genetical Research**, London, v.70, p.53-62, 1997.
- SANO, E.E.; ROSA, R.; BRITO J.L.; FERREIRA, L.G. Mapeamento semidetalhado (escala de 1:250.000) da cobertura vegetal antrópica do Bioma Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.1, p.153-156, 2008.
- SAUNDERS, D.A.; HOBBS, R.J.; MARGULES, C.R. Biological consequences of ecosystem fragmentation: a review. **Conservation Biology**, Oxford, v.5, p.18-32, 1991.
- SEAVEY, S.R.; BAWA, K.S. Late-acting self-incompatibility in Angiosperms. **Botanical Review**, New York, v.52, p.195-219, 1986.
- SEBBENN, A.M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.14, p.115-132, 2002.
- SEBBENN, A.M. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.15, p.109-124, 2003.

SEOANE, C.E.S.; SEBBENN, A.M.; KAGEYAMA, P.Y. Efeitos da fragmentação florestal em populações de *Esenbeckia leiocarpa* Engl. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.57, p.123-139, 2000.

SHARMA, I.K. Understanding clonal diversity patterns through allozyme polymorphism in an endangered and geographically restricted Australian shrub, *Zieria baeuerlenii*, and its implications for conservation. **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, v.29, p.681-695, 2001.

SHARMA, I.K.; CLEMENTS, M.A.; JONES, D.L. Observations of high genetic variability in the endangered Australian terrestrial orchid *Pterostylis gibbosa* R. Br. (Orchidaceae). **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, v.28, p.651-663, 2000.

SILBERBAUER-GOTTSBERGER, I.; GOTTSBERGER, G. A polinização de plantas do cerrado. **Revista Brasileira de Biologia**, São Carlos, v.48, p.651-663, 1988.

SILVA Jr., M.C. da. **100 árvores do cerrado**: guia de campo. Brasília: Rede de Sementes do Cerrado, 2005. 182p.

SILVA Jr., M.C. da; BATES, J.M. Biogeographic patterns and conservation in South American Cerrado: a tropical savanna hotspot. **BioScience**, Washington, v.52, p.225-233, 2002.

SILVA, J. dos S.V. da; VENDRUSCULO, L.G.; SANTOS, E.H. dos; CRUZ, S.A.B.; MAURO, R. de A. Zoneamento ecológico-econômico do Mato Grosso do Sul: uma proposta. In: SIMPÓSIO DE GEOTECNOLOGIAS NO PANTANAL, CAMPO GRANDE, BRASIL, 1., 2006. Campo Grande-MS. **Anais...** Campo Grande: EMBRAPA Informática Agropecuária/INPE. 2006a. p.700-709.

SILVA, J.A. da; SALOMÃO, A.N. **Banco de germoplasma de espécies florestais nativas do Campo Experimental Sucupira - Ipê Amarelo (*Tabebuia aurea*) Bignoniaceae**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006. 22p.

SILVA, J.F.; FARIÑAS, M.R.; FELFILI, J.M.; KLINK, C.A. Spatial heterogeneity, land use and conservation in the Cerrado region of Brazil. **Journal of Biogeography**, Oxford, v.33, n.3, p.536-548, 2006b.

SILVA, L.A. da; SCARIOT, A. Composição e estrutura da comunidade arbórea de uma Floresta Estacional Decidual sobre afloramento calcário no Brasil Central. **Revista Árvore**, Viçosa, v.28, n.1, p.69-75, 2004.

SLATKIN, M. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. **Genetics**, Austin, v.130, p.457-462, 1995.

SLATKIN, M. Gene flow in natural populations. **Annual Review of Ecology and Systems**, Palo Alto, v.16, p.393-430, 1985.

SMITH, A.P. Stratification of temperate and tropical forest. **The American Naturalist**, Chicago, v.107, p.671-683, 1973.

SMITH-RAMÍREZ, C.; ROVERE, A.E.; NÚÑEZ-ÁVILA, M.C.; ARMESTO, J.J. Habitat fragmentation and reproductive ecology of *Embothrium cocineum*, *Eucryphia cordifolia* and

Aextoxicon punctatum in Southern Temperate Rainforests. In: NEWTON, A.C. (Ed.). **Biodiversity loss and conservation in fragmented forest landscapes**. Wallingford: CABI. 2007. 416p.

SMOUSE, P.E.; DYER, R.J.; WESTFALL, R.D.; SORK, V.L. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. I. Male gamete heterogeneity among females. **Evolution**, Lancaster, v.55, p.260-271, 2001.

SOLBRIG, O.T.; YOUNG, M.D. Economic and ecological driving forces affecting tropical savannas. In: YOUNG, M.D.; SOLBRIG, O.T. (Eds.). **The world's savannas: economic driving forces, ecological constraints and policy options for sustainable land use**. Unesco, Paris: The Parthenon Publishing Group, 1993. p.3-18.

SOUZA, L.M.F.I. **Estrutura genética de populações naturais de *Chorisia speciosa* St Hil. em fragmentos florestais na região de Bauru, SP, Brasil**. 1997. 84p. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

SOUZA, P.C.A. **Aspectos ecológicos de uma população natural de *Euterpe oleraceae* Mart. no estuário amazônico**. 2002. 60p. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

SQUIRRELL, J.; HOLLINGSWORTH, P.M.; WOODHEAD, M.; RUSSELL, J.; LOWE, A.J.; GIBBY, M.; POWELL, W. How much effort is required to isolate nuclear microsatellites from plants? **Molecular Ecology**, Oxford, v.12, n.6, p.1339-1348, 2003.

STEFFAN-DEWENTER, I; WESTPHAL,C. The interplay of pollinator diversity, pollination services and landscape change. **Journal of Applied Ecology**, Oxford, v.45, n.3, p.737-741, 2008.

STEPHENSON, A.G. An evolutionary examination of the floral display of *Catalpa speciosa* (Bignoniaceae). **Evolution**, Lancaster, v.33, p.1200-1209, 1979.

STEPHENSON, A.G. Flower and fruit abortion: proximate causes and ultimate functions. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.12, p.253-279, 1981.

STEPHENSON, A.G.; BERTIN, R.I. Male competition, female choice and sexual selection in plants. In: REAL, L. (Ed.). **Pollination Biology**. Orlando/Florida Inc.: Academic Press, 1983. p.110-149.

STEPHENSON, A.G.; THOMAS, W.W. Diurnal and nocturnal pollination of *Catalpa speciosa* (Bignoniaceae). **Systematic Botany**, Laramie, v.2, n.3, p.191-198, 1977.

STONE, J.L. Molecular mechanisms underlying the breakdown of gametophytic self-incompatibility. **The Quarterly Review of Biology**, Chicago, v.77, n.1, p.17-32, 2002.

SUTHERLAND, S. Why hermaphroditic plants produce many more flowers than fruits: experimental testes with *Agave mckelveyana*. **Evolution**, Lancaster, v.4, n.4, p.750-759, 1987.

SUTHERLAND, S.; DELPH, L.F. On the importance of male fitness in plants; patterns of fruit-set. **Ecology**, Washington, v.65, n.4, p.1093-1104, 1984.

TALORA, D.C.; MORELLATO, P.C. Fenologia de espécies arbóreas em floresta de planície litorânea do sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.23, p.13-26, 2000.

TANSLEY, S.A.; BROWN, C.R. RAPD variation in the rare and endangered *Leucadendron elimense* (Proteaceae): implications for their conservation. **Biological Conservation**, Beijing, v.95, p.39-48, 2000.

TARAZI, R.; MANTOVANI, A.; REIS, M.S. Fine-scale spatial genetic structure and allozymic diversity in natural populations of *Ocotea catharinensis* Mez. (Lauraceae). **Conservation Genetics**, Arlington, 2009. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/n403n5505044438t/>>. Acesso em: 11 out 2009.

TAUTZ, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. **Nucleic Acids Research**, London, v.17, n.16, p.6463-6471, 1989.

TEWKSBURY, J.J.; LEVEY, D.J., HADDAD, N.M.; SARGENT, S.; ORROCK, J.L.; WELDON, A.; DANIELSON, B.J.; BRINKERHOFF, J.; DAMSCHEN, E.I.; TOWNSEND, P. Corridors affect plants, animals, and their interactions in fragmented landscapes. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v.99, p.12923-12926, 2002.

TIGRE, C.B. Estudos de silvicultura especializada no nordeste. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FLORESTAS TROPICAIS, 2., 1976. Mossoró-RN. **Anais...** Mossoró: [s.n.]. 1976.

TOMÉ, M.V.D.F.; EINLOFT, R.; JACOVINE, L.; MINETTI, L.J. **Relatório sumário de auditoria de manejo florestal** [on line]. Disponível em: <<http://www.br.sgs.com/sgs-f0116-vcp-cerflor-sumario-publico-pt-09.pdf>>. Acesso em: 31 jul 2010.

VALLEJO-MARÍN, M.; UYENOYAMA, M.K. On the evolutionary costs of self-incompatibility: Incomplete reproductive compensation due to pollen limitation. **Evolution**, Lawrence, v.58, p.1924-1935, 2004.

VEGETAÇÃO no Distrito Federal: tempo e espaço. Brasília: Unesco, 2000. 74p. il.

VENCOVSKY, R. Análise de variância de frequências alélicas. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.15, p.53-60, 1992.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF/Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, Piracicaba, n.35, p.79-84, 1987.

VIEIRA, D.L.M.; AQUINO, F.G.; BRITO, M.A.; FERNANDES-BULHÃO, C.; HENRIQUES, R.P.B. Síndromes de dispersão de espécies arbustivo-arbóreas em cerrado *sensu stricto* do Brasil Central e savanas amazônicas. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.25, n.2, p.215-220, 2002.

VIEIRA, M.F.; MEIRA, M.R.S.A.; QUEIROZ, L.P.; NETO, J.A.A.M. Polinização e reprodução de *Jacaranda caroba* (Vell.) DC. Bignoniaceae, em área de cerrado do sudeste do Brasil. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BOTÂNICA DE SÃO PAULO, 8., 1992. São Paulo. **Anais...** São Paulo. 1992. p.13-19.

- VILELLA, T.; ANDRADE, B.S.B. de; MELLO, U.; NORD, N.; SILVA, F.A.C.; REIS, S.L.A. **Plantas medicinais e tóxicas**. 2000. Disponível em: <<http://www.cpap.embrapa.br/agencia/congresso/Bioticos/VILELLA-070.pdf>>. Acesso em: 18 out 2009.
- WALLER, D.M. Plant morphology and reproduction. In: DOUST, J.L.; DOUST, L.L. (Eds.). **Plant reproductive ecology- patterns and strategies**. New York: Oxford University Press, 1988. p.203-227.
- WANG, Z.; WEBER, J.L.; ZHONG, G.; TANKSLEY, S.D. Survey of plant short tandem DNA repeats. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.88, n.1, p.1-6, 1994.
- WASER, N.M. A comparison of distances flown by different visitors to flowers of the same species. **Oecologia**, Berlin, v.55, p.251-257, 1982.
- WASER, N.M. Flower constancy: definition, cause, and measurement. **The American Naturalist**, Chicago, v.127, p.593-603, 1986.
- WEBER, J.L. Human DNA polymorphisms and methods of analysis. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v.1, n.2, p.166-171, 1990.
- WEIR, B.S. **Genetic data analysis II: methods for discrete population genetic data**. 2nd ed. Sunderland: Sinauer Associates, 1996. 445p.
- WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, Lawrence, v.38, n.6, p.1358-1370, 1984.
- WHITE, G.; POWELL, W. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Swietenia humilis* (Meliaceae): an endangered tropical hardwood species. **Molecular Ecology**, Oxford, v.6, n.9, p.851-860, 1997.
- WHITE, G.M.; BOSHIER, D.H.; POWELL, W. Genetic variation within a fragmented population of *Swietenia humilis* Zucc. **Molecular Ecology**, Oxford, v.8, n.11, p.1899-1909, 1999.
- WHITE, G.M.; BOSHIER, D.H.; POWELL, W. Increased pollen flow counteracts fragmentation in a tropical dry forest: an example from *Swietenia humilis* Zuccarini. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v.99, n.4, p.2038-2042, 2002.
- WHITE, T.J.; ARNHEIM, N.; ERLICH, H.A. The polymerase chain reaction. **Trends in Genetics**, Cambridge, v.5, n.6, p.185-189, 1989.
- WHITHAM, T.G. Coevolution of foraging in *Bombus* and nectar dispensing in *Chilopsis*: A last dreg theory. **Science**, Washington, v.197, p.593-596, 1977.
- WICKNESWARI, R.; MAHANI, M.C.; ZAKRI, A.H. Mating systems parameters in a tropical tree species, *Shorea leprosula* Miq. (Dipterocarpaceae), from Malaysian lowland dipterocarp forest. **Biotropica**, Lawrence, v.40, p.693-702, 2000.
- WILLIAMS, J.G.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, London, v.18, n.22, p.6531-6535, 1990.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistic with special regard to systems of mating. **Evolution**, Lancaster, v.19, p.395-420, 1965.

WUNDERLEE Jr., J.M. The role of animal seed dispersal in accelerating native forest regeneration on degraded tropical lands. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v.99, p.223-235, 1997.

WYATT, R. Ant-pollination of the granite out crop endermic *Diamorpha smallii* (Crassulaceae). **American Journal of Botany**, Columbus, v.68, p.1212-1217, 1981.

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in Ecology and Evolution**, Amsterdam, v.11, p.413-418, 1996.

YOUNG, A.G.; MERRIAN, H.G.; WARWICK, S.I. The effects of forest fragmentation on genetic variation in *Acer saccharum* Marsh. (sugar maple) population. **Heredity**, London, v.71, p.277-289, 1993.

ZANE, L.; BARGELLONI, L.; PATARNELLO, T. Strategies for microsatellite isolation: a review. **Molecular Ecology**, Oxford, v.11, n.1, p.1-16, 2002.

ZIMMERMAN, M. Nectar production, flowering phenology, and strategies for pollination. In: DOUST, J.L.; DOUST, L.L. (Eds.). **Plant reproductive ecology - patterns and strategies**. New York: Oxford University Press, 1988. p.157-178.

ZUCCHI, M.I. **Análise da estrutura genética de *Eugenia dysenterica* DC utilizando marcadores RAPD e SSR**. 2002. 130p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

ZUCCHI, M.I.; BRONDANI, R.P.V.; PINHEIRO, J.B.; CHAVES, L.J.; COELHO, A.S.G.; VENCOVSKY, R. Genetic structure and gene flow in *Eugenia dysenterica* D.C. in the Brazilian Cerrado utilizing SSR markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.26, n.4, p.449-457, 2003.

ANEXOS

Anexo A - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Assis-SP (adultos e progênies)
(Continua)

Loco	Alelo	Assis			Progênies
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	
TA 09	152	0,036	0,025	--	0,019
	154	0,045	--	--	0,013
	156	--	0,050	0,036	0,012
	160	0,170	0,025	0,143	0,060
	164	0,045	0,025	--	0,011
	166	0,098	0,100	0,321	0,003
	168	0,071	0,300	--	0,217
	172	0,089	0,175	--	0,139
	174	0,054	0,050	0,071	0,012
	176	0,036	0,025	--	0,019
	178	0,054	--	--	0,001
	180	0,009	0,050	0,071	0,043
	184	--	0,025	--	--
	188	0,027	0,025	0,036	0,048
	192	0,125	0,050	0,071	0,243
	194	0,018	--	0,143	--
	198	0,018	0,025	0,036	0,024
	200	0,036	--	--	0,084
	206	0,027	0,025	--	0,008
	212	0,018	0,025	--	0,012
	214	0,009	--	0,071	0,017
	216	0,018	--	--	0,013
224	--	--	--	0,003	
TA 15	110	0,036	0,025	0,107	--
	112	0,089	0,350	0,107	0,072
	114	0,116	--	--	0,280
	116	0,098	--	0,071	0,016
	118	0,009	0,075	--	0,007
	122	0,098	0,075	0,143	0,136
	124	0,018	--	0,036	0,029
	126	0,089	0,375	0,107	0,088
	128	0,161	--	--	0,121
	130	0,027	--	--	0,001
	132	--	0,025	--	--
	136	0,027	--	--	0,001
	140	0,018	--	--	--
	144	0,018	--	--	0,036
	146	0,152	0,075	0,429	0,188
	150	0,009	--	--	--
	152	0,018	--	--	--
	156	0,018	--	--	0,023
218	--	--	--	0,001	

Anexo A - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Assis-SP (adultos e progênies)
(Continuação)

Loco	Alelo	Assis			
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	Progênies
TA 16	168	0,009	0,075	0,107	0,015
	172	0,018	0,050	--	0,012
	174	0,071	0,175	0,071	0,085
	176	0,054	0,050	0,036	0,135
	178	0,071	--	--	0,145
	180	0,063	--	0,107	0,101
	182	--	0,050	--	--
	184	0,295	0,450	0,250	0,085
	186	0,089	--	--	--
	188	--	--	0,071	0,017
	192	0,018	--	0,071	0,039
	196	0,054	--	0,143	0,103
	198	0,027	--	--	0,048
	202	0,036	--	0,071	0,080
	206	0,045	0,025	--	0,012
	212	0,080	--	0,036	0,097
	214	0,009	--	--	--
	220	0,045	0,075	--	0,020
	234	0,009	0,050	0,036	--
	244	0,009	--	--	0,005
TA 17	152	0,063	--	--	0,003
	162	0,098	--	--	0,029
	164	0,063	0,100	0,107	0,108
	166	0,054	--	--	0,033
	168	0,098	0,025	--	0,177
	170	0,107	0,150	--	0,096
	172	0,277	0,375	--	0,233
	174	0,071	--	0,179	0,039
	180	0,009	0,050	0,036	0,039
	182	0,009	0,025	0,036	0,017
	194	0,009	--	0,071	0,023
	200	--	--	0,107	0,001
	206	--	0,025	0,071	0,001
	216	0,009	0,075	--	0,011
	218	0,036	0,025	--	0,019
	230	0,018	--	0,107	0,033
	232	0,018	--	0,036	0,069
	244	--	0,050	0,143	0,001
	246	0,009	--	0,036	0,021
	252	0,027	--	--	0,004
258	0,018	--	0,071	0,008	
270	0,009	0,075	--	0,015	
274	--	0,025	--	0,019	

Anexo A - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Assis-SP (adultos e progênies)
(Continuação)

Loco	Alelo	Assis			Progênies
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	
TA 19	182	0,125	0,025	--	0,132
	186	--	--	--	0,003
	192	--	--	0,107	0,019
	194	0,009	--	--	0,039
	200	0,018	0,300	--	0,028
	214	0,098	0,175	0,107	0,060
	216	0,071	--	--	0,011
	218	0,027	0,100	0,071	0,045
	224	0,009	0,250	--	--
	226	--	0,050	--	--
	228	0,063	--	--	0,015
	230	0,125	--	0,107	0,056
	232	0,054	--	0,036	0,048
	236	0,071	0,050	--	0,168
	238	0,027	0,050	0,071	0,001
	244	0,045	--	0,250	0,073
	246	0,036	--	0,071	0,076
	250	0,009	--	0,143	0,012
	252	0,063	--	--	0,035
	258	0,036	--	--	0,069
270	0,107	--	--	0,064	
274	0,009	--	0,036	0,047	
TA 21	204	0,063	0,025	--	--
	206	0,188	0,100	0,107	0,257
	208	0,009	--	--	--
	210	0,179	0,100	0,143	0,001
	212	0,214	0,750	0,607	0,095
	214	0,116	--	--	0,192
	218	0,107	--	--	0,028
	224	--	0,025	--	--
	254	0,009	--	--	0,031
	258	0,009	--	--	0,039
	264	0,036	--	0,071	0,035
	270	0,009	--	--	0,089
	278	0,027	--	--	0,115
	280	0,018	--	--	0,039
	292	--	--	--	0,003
	294	0,018	--	0,071	0,077

Anexo A - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Assis-SP (adultos e progênies)
(Conclusão)

Loco	Alelo	Assis			Progênies
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	
TA 27	178	0,018	--	--	0,001
	180	0,027	--	--	0,028
	186	--	0,100	--	--
	190	0,063	--	--	0,025
	194	0,268	0,325	0,107	0,204
	196	--	0,025	--	0,016
	198	0,027	--	--	0,099
	204	0,027	0,025	--	0,047
	206	0,036	0,050	0,036	0,028
	208	0,036	0,250	0,071	0,017
	210	0,071	0,075	0,179	0,083
	218	0,268	--	0,143	0,253
	220	0,152	0,075	0,464	0,183
	228	--	0,075	--	0,008
	230	0,009	--	--	0,008
TA 31	264	0,027	0,025	--	0,088
	268	0,063	--	--	0,029
	270	0,321	0,300	0,250	0,305
	272	0,063	0,200	0,321	--
	274	0,188	0,100	0,143	0,192
	276	0,080	0,075	0,036	0,061
	278	0,063	0,025	0,036	0,155
	280	0,036	0,125	--	0,001
	286	0,036	0,025	--	--
	290	0,045	--	0,179	0,027
	292	0,045	0,050	0,036	0,096
	294	0,018	0,050	--	0,043
298	0,018	0,025	--	0,003	
Total		132	77	68	132

Anexo B - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Pedregulho-SP (adultos e progênies) (Continua)

Loco	Alelo	Pedregulho			
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	Progênies
TA 09	154	0,067	--	--	--
	156	--	0,034	--	--
	158	0,067	--	0,010	--
	160	0,033	0,011	0,059	0,135
	162	0,033	0,114	0,059	0,063
	164	0,033	0,034	0,186	0,091
	166	0,067	--	0,020	0,033
	168	0,067	0,148	0,069	0,045
	172	0,133	0,045	0,039	0,025
	174	--	--	0,098	0,067
	176	0,067	0,057	0,059	0,095
	178	0,100	0,170	0,039	0,047
	180	--	0,011	0,049	--
	182	0,033	0,068	0,078	0,145
	184	--	0,045	0,078	0,003
	186	--	0,114	0,059	0,088
	190	0,167	0,023	0,010	0,039
	192	--	--	0,029	--
	194	0,100	0,023	0,029	0,084
	200	0,033	0,023	0,020	0,001
	202	--	0,057	--	0,040
206	--	--	0,010	--	
218	--	0,023	--	--	
TA 15	110	0,267	0,068	0,020	--
	112	0,333	0,136	0,118	0,003
	114	0,067	0,068	0,078	0,208
	116	0,033	--	0,010	0,012
	118	--	0,159	0,088	0,023
	120	--	0,011	0,049	0,075
	122	0,033	0,068	0,029	0,039
	124	0,067	--	0,088	0,003
	126	0,033	0,023	0,069	0,060
	130	--	0,034	0,029	0,007
	136	--	0,068	0,029	--
	138	--	0,023	0,078	0,143
	140	--	0,045	0,039	0,153
	142	--	0,080	0,098	0,003
	144	0,067	0,091	0,078	0,084
	146	0,067	--	--	--
	150	0,033	0,057	0,010	0,033
	152	--	0,057	--	0,012
	154	--	--	0,029	0,057
	156	--	0,011	0,010	0,049
	174	--	--	0,029	0,027
200	--	--	0,020	0,011	

Anexo B - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Pedregulho-SP (adultos e progênies) (Continuação)

Loco	Alelo	Pedregulho			Progênies
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	
TA 16	172	--	0,034	0,167	0,053
	176	0,100	--	0,049	0,120
	178	0,167	0,034	0,069	0,096
	182	0,067	0,011	0,049	0,051
	184	0,133	--	0,029	0,009
	188	0,033	0,057	0,010	0,065
	192	--	0,034	0,020	0,049
	194	--	0,205	0,039	0,053
	196	0,033	0,045	0,020	0,023
	198	--	0,057	0,049	0,012
	202	0,167	0,045	0,029	0,001
	206	0,100	0,057	0,059	0,020
	210	--	0,023	0,029	0,093
	212	--	0,034	0,078	0,180
	218	0,033	0,114	0,127	0,111
	220	0,067	0,125	0,157	0,056
	224	0,067	0,102	--	0,007
	230	--	0,011	0,020	--
	234	0,033	0,011	--	--
	TA 17	156	--	0,080	0,049
158		0,033	0,102	--	0,011
160		0,167	0,136	0,118	0,065
162		0,033	0,136	0,176	0,088
164		0,033	0,034	0,039	0,084
166		0,133	--	0,029	0,027
168		0,300	0,011	0,049	0,115
172		0,067	0,011	0,010	--
190		0,033	0,023	0,029	--
196		--	0,136	0,010	0,023
200		--	0,023	0,020	--
206		--	--	0,049	--
208		--	0,011	0,020	0,044
212		0,033	0,045	0,059	0,079
214		0,067	--	0,020	0,052
222		--	--	0,049	0,033
226		0,033	0,011	0,098	0,171
228		--	0,125	0,078	0,132
232		0,067	0,114	0,039	0,076
252		--	--	0,039	--
274	--	--	0,020	--	

Anexo B - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Pedregulho-SP (adultos e progênies) (Continuação)

Loco	Alelo	Pedregulho			
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	Progênies
TA 19	158	--	--	--	0,007
	180	0,033	--	--	--
	184	--	0,034	--	--
	188	0,233	0,295	0,363	0,481
	190	0,100	0,216	0,176	0,131
	196	--	0,023	0,020	0,001
	198	--	0,023	--	0,020
	208	0,033	--	0,020	--
	212	0,033	0,011	0,167	0,095
	216	0,133	0,023	0,039	0,064
	218	--	0,034	0,020	--
	222	0,033	0,011	0,010	--
	224	0,033	0,011	0,010	--
	228	0,033	--	0,029	0,019
	234	--	0,034	0,049	0,017
	238	--	0,023	--	0,013
	242	0,067	--	0,020	0,025
	246	--	--	0,010	--
	250	0,200	0,102	0,020	0,004
	262	0,067	--	--	--
290	--	0,045	0,020	0,043	
296	--	0,023	0,020	0,053	
304	--	0,091	0,010	0,027	
TA 21	204	0,033	0,080	0,108	0,033
	206	0,233	--	0,059	0,125
	212	0,267	0,125	0,088	0,124
	214	0,100	0,136	0,078	0,060
	218	0,067	0,023	0,029	--
	222	0,133	0,159	0,157	0,132
	224	--	0,068	0,039	0,060
	226	--	0,023	0,049	0,001
	228	--	0,091	0,010	0,036
	232	--	0,080	--	0,025
	240	--	0,045	0,127	0,035
	242	--	0,023	0,108	0,201
	244	--	0,068	0,049	0,115
	248	--	0,034	0,029	0,027
	268	0,167	0,045	0,039	0,025
	292	--	--	0,029	--

Anexo B - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Pedregulho-SP (adultos e progênies) (Conclusão)

Loco	Alelo	Pedregulho			Progênies
		Pop 1	Pop 2	Pop 3	
TA 27	168	--	0,102	0,127	0,015
	170	0,100	0,398	0,284	0,344
	174	--	0,034	0,069	0,064
	180	--	0,034	0,010	0,023
	190	0,233	0,102	0,059	0,029
	194	0,100	--	--	0,005
	198	0,167	0,080	0,029	0,033
	200	0,167	0,125	0,147	0,123
	202	0,033	0,045	0,069	0,057
	206	--	0,034	0,020	0,023
	210	0,033	0,034	0,020	0,041
	216	0,133	--	0,088	0,096
	220	0,033	0,011	0,029	0,076
	222	--	--	0,029	0,027
	226	--	--	0,020	0,027
	228	--	--	--	0,017
	TA 31	226	--	--	0,010
232		0,033	0,057	--	--
238		--	--	0,010	0,031
262		--	--	0,029	--
266		0,033	0,125	0,039	0,065
268		0,067	0,091	0,059	0,091
270		0,400	0,239	0,186	0,139
272		0,100	0,045	0,088	0,019
274		0,033	0,045	0,010	0,012
276		0,267	0,068	0,118	0,237
278		--	0,057	0,206	0,213
280		--	0,170	0,137	0,004
282		--	0,023	0,069	0,109
284		0,033	0,045	--	0,024
286		--	0,034	0,010	0,041
288	--	--	0,020	--	
294	0,033	--	0,010	0,015	
Total		85	118	137	125

Anexo C - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS (adultos) (Continua)

Loco	Alelo	Selvéria	Três Lagoas
TA 09	138	--	0,046
	142	0,014	--
	146	0,014	--
	152	--	0,046
	154	0,056	0,046
	156	0,042	0,046
	158	0,014	0,120
	160	0,014	0,056
	162	--	0,065
	164	0,069	0,102
	166	0,028	0,056
	168	0,014	0,083
	170	0,083	0,046
	172	0,125	0,037
	174	0,014	0,046
	176	0,111	0,028
	178	0,083	0,009
	180	0,014	0,056
	182	0,042	0,019
	184	0,056	0,056
	188	0,028	0,009
	192	0,042	0,019
	196	0,056	--
	198	0,056	--
	212	0,028	0,009
TA 15	112	0,153	0,157
	114	0,319	0,111
	116	0,042	0,222
	118	0,097	0,019
	120	0,042	0,046
	124	0,014	--
	126	0,014	0,093
	128	0,028	0,019
	134	--	0,019
	136	0,014	0,019
	138	--	0,028
	140	0,014	0,056
	142	0,083	0,028
	144	0,069	0,148
	146	0,028	0,028
	148	0,056	--
	150	0,028	0,009

Anexo C - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS (adultos) (Continuação)

Loco	Alelo	Selvíria	Três Lagoas
TA 16	172	0,014	--
	174	0,028	0,102
	180	0,153	0,139
	182	0,083	0,056
	184	0,028	0,009
	186	0,111	0,111
	188	0,042	--
	194	0,125	0,093
	196	0,028	--
	202	0,042	0,130
	206	0,014	0,037
	210	0,042	0,093
	212	0,125	0,037
	220	0,069	0,083
	222	--	0,028
	224	0,069	--
	230	0,028	0,028
	244	--	0,009
	250	--	0,046
	TA 17	152	--
156		0,014	0,019
160		0,069	0,111
162		0,153	0,167
166		0,111	0,037
168		0,139	0,148
170		0,028	0,009
172		0,097	0,231
174		0,194	0,111
176		0,042	--
178		0,056	0,037
188		--	0,009
190		0,028	0,009
208		0,056	0,083
212	--	0,019	
222	0,014	--	

Anexo C - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS (adultos) (Continuação)

Loco	Alelo	Selvéria	Três Lagoas
TA 19	182	--	0,130
	190	0,042	0,019
	200	0,014	--
	202	--	0,037
	208	0,083	0,028
	212	0,056	0,093
	214	0,139	0,019
	216	0,264	0,296
	218	0,069	0,074
	224	--	0,056
	228	0,042	0,009
	230	0,069	0,019
	234	0,028	0,083
	238	0,083	0,056
	250	0,014	0,065
	258	0,097	0,019
TA 21	206	0,028	0,083
	208	0,097	0,102
	210	0,097	0,130
	212	0,083	0,046
	214	0,194	0,074
	218	0,056	0,037
	222	--	0,093
	224	0,014	--
	226	0,028	0,009
	232	0,014	0,019
	254	0,014	--
	258	0,014	0,037
	268	0,167	0,083
	270	0,069	0,130
	274	--	0,037
	276	--	0,009
280	0,042	0,046	
292	0,083	0,065	

Anexo C - Frequências alélicas observadas em cada loco nas populações de *Tabebuia aurea* de Selvíria-MS e de Três Lagoas-MS (adultos) (Conclusão)

Loco	Alelo	Selvéria	Três Lagoas
TA 27	172	0,028	0,009
	178	--	0,019
	180	0,181	0,009
	184	0,028	0,037
	186	0,028	0,009
	188	0,014	0,037
	190	0,028	0,102
	192	--	0,037
	194	0,028	0,120
	196	0,111	0,056
	198	0,056	--
	200	0,083	0,065
	202	0,069	0,074
	204	--	0,046
	210	0,111	0,065
	216	0,042	0,157
	218	0,194	0,139
222	--	0,019	
TA 31	226	--	0,009
	232	0,083	0,065
	234	0,014	0,037
	240	--	0,028
	250	--	0,009
	264	0,042	0,019
	266	0,208	0,194
	268	0,028	0,046
	270	0,042	0,130
	272	--	0,046
	274	0,097	0,111
	276	0,125	0,176
	278	0,028	0,009
	280	0,028	0,037
	282	--	0,037
	284	0,042	--
	286	0,167	--
288	0,056	--	
290	0,028	0,019	
296	--	0,028	
298	0,014	--	
Total		123	130

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](#)