

SUSANA MARIA MELO SILVA



**ESTRUTURA POPULACIONAL E GENÉTICA DE JATOBÁ EM FLORESTAS  
MANEJADAS NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL**

RIO BRANCO

2010

SUSANA MARIA MELO SILVA

**ESTRUTURA POPULACIONAL E GENÉTICA DE JATOBÁ EM FLORESTAS  
MANEJADAS NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL**

Dissertação de Mestrado apresentada ao curso de Pós-graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Antônio G. G. Mesquita

Co-orientadora: Dra. Lúcia Helena de Oliveira Wadt

RIO BRANCO

2010

© SILVA, S. M. M., 2010.

SILVA, Susana Maria Melo. **Estrutura populacional e genética de jatobá em florestas manejadas na Amazônia sul - ocidental**. Rio Branco: UFAC, 2010. 104f.

**Ficha catalogafica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC.**

S586e

Silva, Susana Maria Melo, 1986 -

Estrutura populacional e genética de jatobá florestas manejadas na Amazônia sul - ocidental / Susana Maria Melo Silva --- Rio Branco : UFAC, 2010.

104f : il. ; 30cm.

Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre.

SUSANA MARIA MELO SILVA

**ESTRUTURA POPULACIONAL E GENÉTICA DE JATOBÁ EM FLORESTAS  
MANEJADAS NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL**

**Aprovada em 31 de maio de 2010.**

**BANCA EXAMINADORA**

---

**Prof. Dr. Antônio Gilson Gomes Mesquita**

Universidade Federal do Acre - UFAC

Orientador

---

**Dr. Luciano Arruda Ribas**

Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa/Acre

1º Membro

---

**Dra. Giselle Mariano Lessa de Assis**

Pesquisadora da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa/AC

2º Membro

RIO BRANCO

2010

Aos meus pais Alcides Gadelha e Maria da Glória  
As minhas irmãs Isla Magda e Marlen Sara  
E a toda diversidade e beleza não desvendada da Amazônia  
Dedico

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho. Em especial:

A Deus por permitir a vida e oportunidade de tentar desvendar um pouco dos seus mistérios, à minha família, aos meus pais Alcides Gadelha e Maria da Glória pela confiança, amor e por acreditarem nos meus sonhos e ideais.

Às minhas irmãs Isla Magda e Marlen Sara pela amizade, carinho e amor, sem vocês meninas eu não sou nada!

Aos meus Orientadores Prof.Dr. Antônio Gilson Gomes Mesquita e a Dra. Lúcia Helena de Oliveira Wadt pela oportunidade, ensinamentos, broncas e principalmente por terem acreditado em mim desde o início, o meu muito obrigada!

Aos “meninos do campo” Aldeci, Paulo Carvalho, Airton por me ajudarem na coleta do material de campo, por todo o apoio que vocês me deram quando entrávamos na floresta a procurar os jatobás.

Aos proprietários e funcionários das propriedades onde as populações estavam localizadas, obrigada pela recepção e acolhimento.

Ao engenheiro Florestal Fábio Thaines, responsável pelo plano de manejo das fazendas de Capixaba e Lábrea, obrigada pela ajuda, disponibilidade e por ceder os dados do manejo para as árvores de jatobá.

Aos pesquisadores da Embrapa Acre, Dr. Luciano Arruda Ribas, Dra. Andréa Raposa, Me. Evandro Orfanó pela ajuda e disponibilidade quando eu precisei.

À Embrapa CERNARGEN-DF, em especial à Dra. Vânia Azevedo, pela dedicação, ajuda e paciência quando iniciei meus primeiros passos com genotipagem no laboratório de genética vegetal e pelos passeios em Brasília, meu muito obrigada!

A Prof. Dra. Karina Martins, que além de uma grande profissional é uma grande amiga, obrigada por todas às vezes que me ajudou quando eu estava aflita, por ter me recebido em sua casa para juntas analisarmos os dados para a construção dos resultados, por sempre está pronta a ajudar mesmo estando longe. Muito obrigada Karina!

Aos meus colegas de mestrado, Bianca Scott, José Marlo, Thiago, Ana Lúcia, Denise, Samuel Luz, Prof. Dr. Sebastião Elviro, as meninas da coordenação Ingrid e Isna. Obrigada gente!

Às minhas amigas do coração Valéria Rigamonte, Luana Menezes, Vanessa Santos e Lilian Maria por todo carinho, palavras, ajudas e incentivo que vocês me deram e darão sempre.

A Gabriela Moncada, por toda ajuda quando eu precisei. A Ana Cláudia pelas risadas e amizade.

À equipe mais animada e engraçada do laboratório de morfogênese e biologia molecular do Embrapa Acre - Vanessa Santos (Cutia), Fernando (O pensador), Ítalo (Dançarino), Marcinha, Lara, Edilene, Raifanny, Renata, Janaina, Jannife, Andréa, Alana, Isabelle, Lilian Maria, Seu Gildo, obrigada pelo carinho, risadas, lanchinhos que fizemos, lágrimas né Vanessa! Por todo o apoio a mim concedido. Obrigada Gente!

Aos engenheiros florestais e amigos Daniel Papa e Thiago Augusto pela ajuda no campo, com os dados de manejo florestal, elaboração de mapas e dicas sobre artigos. Vocês foram ótimos!

À Embrapa Acre pelo apoio em toda a realização do trabalho. À Suframa e os projetos PPG7/MCT/CNPq e Silvigen-Embrapa pelo auxílio financeiro.

À Universidade Federal do Acre e a todos os docentes do programa de pós-graduação em Produção Vegetal - Agronomia.

À CAPES pela concessão da bolsa,

***O meu muito obrigada!***

*“Nossa tarefa deveria ser nos libertarmos... aumentando o nosso círculo de compaixão para envolver todas as criaturas viventes, toda a natureza e sua beleza” Albert Einstein*

*“Mais vale um sol sobre nuvens do que o definitivo da escuridão”*

Padre Fábio de Melo



## RESUMO

A Amazônia brasileira apresenta uma grande vocação florestal. No entanto, a complexidade das florestas, no que diz respeito à variedade de espécies e potencial ecológico e silvicultural, apresenta-se como um desafio tanto para a conservação como para o uso sustentável. A demanda por madeira da Amazônia surgiu após o esgotamento das florestas das regiões sul e sudeste. Dentre as muitas espécies com potencial madeireiro existente na Amazônia, o jatobá (*Hymenaea courbaril*) é uma espécie intensamente explorada, devido à qualidade da sua madeira. Este trabalho teve como objetivo estudar a estrutura e diversidade genética do jatobá com o intuito de avaliar o efeito do manejo florestal sobre as populações e definir parâmetros para a conservação da espécie dentro dos talhões de exploração. O estudo foi realizado no período de 2008 a 2009 na região Sul-Occidental da floresta amazônica brasileira, em três áreas de florestas preparadas para a exploração madeireira segundo plano de manejo sustentável localizadas nos estados do Acre e Amazonas. A análise da estrutura genética foi analisada com uso de oito marcadores moleculares microssatélites (SSR) para as três populações com um total de 160 indivíduos com DAP >30 cm. Além disso calculou-se a área basal e a densidade de indivíduos por hectare para cada talhão antes e depois da exploração madeireira para cada população. Todas as populações possuem mais indivíduos com DAP < 5 cm, dando a espécie a distribuição do tipo J invertido. A distribuição dos indivíduos dentro das populações se deu de forma uniforme. Houve alta divergência genética entre as populações e um fluxo gênico aparente de um indivíduo a cada cinco gerações. Foi detectada estruturação genética espacial significativa num raio de 1050 m para a população de Porto Acre - AC. Para as três populações a diversidade gênica alcançou valores superiores a 65%, o índice de fixação foi elevado para duas populações. A Área Mínima Viável (AMV) para conservação da espécie foi compatível com a realidade do local de estudo, com uma ressalva para Capixaba onde há necessidade de uma área muito maior em relação aos demais. As maiores áreas basais foram encontradas em Porto Acre e Capixaba. Após o manejo houve uma redução significativa da área basal para todas as populações, porém a que mais sofreu com a perda da área basal foi a população de Porto Acre. Com relação à diversidade genética, houve uma redução no número

total de alelos para todas as populações, mas, o corte seletivo causou perda de alelos, principalmente nos de baixa frequência. A espécie mostrou-se resiliente para o manejo de baixo impacto aplicado nas populações estudadas, por manter os mesmos níveis de diversidade gênica e do índice de fixação. Conhecer a dinâmica e estrutura populacional de espécies arbóreas florestais com potencial madeireiro como o jatobá é importante para dar subsídios para futura exploração madeireira, pois como foi visto a sua distribuição é de forma irregular e com poucos indivíduos nas menores classes e a redução do tamanho populacional pode levar a erosão genética, especialmente com a perda de alelos raros, havendo a necessidade de maiores áreas para a manutenção da diversidade genética em longo prazo, principalmente em florestas que sofreram e sofrerão o manejo.

**Palavras – chaves:** Diversidade Genética, *Hymenaea courbaril*, Manejo Florestal, Estrutura Genética Espacial, SSR

## ABSTRACT

The Brazilian Amazon forest has a great vocation. However, the complexity of forests, with regard to the variety of species and ecological and silvicultural potential, is presented as a challenge both for conservation and for sustainable use. The demand for wood from the Amazon arose after the depletion of the forests of south and southeast. Among the many species with timber potential existing in the Amazon, jatoba (*Hymenaea courbaril*) is a species heavily exploited because of the quality of their timber. This work aimed to study the structure and genetic diversity of jatoba in order to evaluate the effect of forest management on the populations and set parameters for the conservation of the species within the plots of exploitation. The study was conducted between 2008-2009 in the South-Western Brazilian Amazon forest, in three forest areas prepared for logging the background of sustainable management located in the state of Acre and Amazonas. The analysis of genetic structure was analyzed using eight microsatellite markers (SSR) for the three populations with a total of 160 individuals with DBH > 30 cm. Furthermore we calculated the basal area and density of individuals per hectare for each plot before and after logging for each population. All populations have more individuals with DBH < 5 cm, giving the species distribution of the inverted J type. The distribution of individuals within populations occurred evenly. There was high genetic divergence among populations and an apparent gene flow from one individual to five generations. We detected significant genetic structure within a radius of 1050 m for the population of Acre Porto - AC. For the three populations to gene diversity reached values above 65%, the fixation index was high for both populations. The minimum viable area (MVA) for conservation of the species was consistent with the reality of the place of study, with a proviso for Capixaba where there is need for a much larger area than the other. The largest areas were found in basal Capixaba and Porto Acre. After handling a significant reduction of basal area for all populations, but which suffered most from the loss of basal area was the population of Porto Acre. With respect to genetic diversity, a reduction in the total number of alleles for all populations, but selective logging has caused loss of alleles, especially in low frequency. The species has proved resilient to the management of low-impact applied to the populations studied, to maintain the same levels of genetic diversity and fixation index. Knowing the population dynamics and structure of forest tree

species with potential as jatoba wood is important to make allowances for future logging, because it was seen as their distribution is irregular, with few individuals in smaller classes and a reduction in population size can lead to genetic erosion, especially with the loss of rare alleles, necessitating the need for larger areas to maintain genetic diversity in the long run, especially in forests that have suffered and will suffer the management

**Keywords:** Genetic Diversity, *Hymenaea courbaril*, Forest Management, Spatial Genetic Structure, SS

## LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1 – Indivíduos adultos de *Hymenaea courbaril*.....22
- FIGURA 2 – Esquema de parcela para inventário de regenerantes de jatobá, onde o centro da parcela é uma árvore adulta de jatobá. ....33
- FIGURA 3 – Mapa geral mostrando os municípios (Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre – AC) e a posição relativa das populações estudadas.....34
- FIGURA 4 – Quantificação de DNA extraído de câmbio caulinar de *Hymenaea courbaril*, em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. As duas bandas da esquerda equivalem aos marcadores de peso molecular  $\lambda$  de 50 e 100 ng/uL.....35
- FIGURA 5 – Densidade média de indivíduos por classe de DAP para todas as populações estudadas .....41
- FIGURA 6 – Densidade de indivíduos por classe de altura (regeneração) para todas as populações estudadas.....42
- FIGURA 7- Representação gráfica do coeficiente de coancestria. **A** – População de Lábrea; **B** – População de Capixaba; **C** –População de Porto Acre, linhas tracejadas correspondem ao intervalo de confiança a 95%, linha continua o coeficiente de coancestria.....48
- FIGURA 8 – Mapa geral mostrando os municípios (Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre – AC) e a posição relativa das populações estudadas .....60
- FIGURA 9 – Quantificação de DNA extraído de câmbio caulinar de *Hymenaea courbaril*, em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. As duas bandas da esquerda equivalem aos marcadores de peso molecular  $\lambda$  de 50 e 100 ng/uL.....61
- FIGURA 10 – Densidade de indivíduos antes e depois do manejo florestal para as populações de jatobá .....66
- FIGURA 11 – Média da área basal dos indivíduos antes e depois do manejo florestal para as populações de jatobá.....66
- FIGURA 12 - Alteração na porcentagem de alelos raros para as populações de Lábrea, Capixaba e Porto Acre antes e após a exploração madeireira68
- FIGURA 13 – Mapa geral mostrando os municípios (Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre – AC) e a posição relativa das populações estudadas.....81

FIGURA 14 – Quantificação de DNA extraído de câmbio caulinar de <i>Hymenaea courbaril</i> , em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. As duas bandas da esquerda equivalem aos marcadores de peso molecular $\lambda$ de 50 e 100 ng/uL.....	82
FIGURA 15 – Perfil dos genótipos de microsatélites do Loco Hc 35 nas populações de Lábrea e Capixaba para <i>H. Courbaril</i> em gel de poliacrilamida corado com nitrato de prata .....	85

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1 – Área total das fazendas e os respectivos talhões de exploração e local de coleta de material para estudo .....	32
TABELA 2 -Locos Microsatélites (SSR) com repetição em série, as seqüências dos iniciadores e as amplitudes alélicas .....	35
TABELA 3 – Densidade e Tamanho médio de indivíduos adultos e regenerantes ...	40
TABELA 4 - Índice de dispersão e distribuição para as populações estudadas.....	43
TABELA 5 – Área total das fazendas e os respectivos talhões de coleta .....	59
TABELA 6 - Locos Microsatélites (SSR) com repetição em série, as seqüências dos iniciadores e as amplitudes alélicas .....	62
TABELA 7 - Estimativas do número de indivíduos, densidade, diâmetro médio e porcentagem de indivíduos explorados para <i>Hymenaea courbaril</i> nas três populações estudadas .....	64
TABELA 8 – Número de indivíduos e alelos antes e depois exploração madeireira para três populações de <i>Hymenaea courbaril</i> .....	69
TABELA 9 – Diversidade genética e coeficiente de endogamia para três populações de <i>Hymenaea courbaril</i> antes e depois da exploração madeireira.....	69
TABELA 10 – Área total das fazendas e os respectivos talhões de coleta .....	80
TABELA 11 - Locos Microsatélites (SSR) com repetição em série, as seqüências dos iniciadores e as amplitudes alélicas .....	82

TABELA 12 - Caracterização dos Locos SSR para as três populações de <i>Hymenaea courbaril</i> avaliadas na Amazônia Sul - Ocidental .....	85
TABELA 13 – Estimativas médias ( $\pm$ erro padrão) de diversidade genética das populações Lábrea, Capixaba e Porto Acre de <i>Hymenaea courbaril</i> ...	86
TABELA 14 – Estimativas da $H_e$ (heterozigosidade esperada) e $f$ (índice de fixação) estudos realizados com diferentes populações de <i>Hymenaea courbaril</i> .....	87
TABELA 15 - Estimativas de parâmetros de conservação genética das populações de <i>Hymenaea courbaril</i> avaliadas na Amazônia Sul – Ocidental .....	88

## LISTA DE SIGLAS

CENARGEN	- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
DAP	- Diâmetro a Altura do Peito
Dendrogene	- Conservação Genética em Florestas Manejadas na Amazônia
Embrapa	- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
INPA	- Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia
GPS	- Sistema de Posicionamento Global
SSR	- Simple Sequence Repeats

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	16
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	17
2.1 AMAZÔNIA – CARACTERIZAÇÃO E EXPLORAÇÃO DA FLORESTA.....	17
2.2 CONSERVAÇÃO - ESPÉCIES ARBÓREAS TROPICAIS .....	18
2.3 ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE PLANTAS .....	19
2.3.1 Estrutura genética espacial.....	20
2.4 A ESPÉCIE JATOBÁ .....	21
2.5 CONSEQÜÊNCIAS DO MANEJO FLORESTAL NA AMAZÔNIA BRASILEIRA .....	24
<b>3 CAPÍTULO I</b> .....	27
ESTRUTURA POPULACIONAL E GENÉTICA DE JATOBÁ EM POPULAÇÕES NATURAIS NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL .....	27
<b>RESUMO</b> .....	28
<b>ABSTRACT</b> .....	29
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	30
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	31
2.1 ÁREAS DE ESTUDO E AMOSTRAGEM.....	31
2.2 ANÁLISES GENÉTICAS LABORATORIAIS .....	34
2.3.1 Estrutura Populacional.....	36
2.3.2. Estrutura genética.....	38
2.3.3 Estrutura Genética Espacial .....	39
3.1 ESTRUTURA POPULACIONAL .....	39
3.2 ESTRUTURA GENÉTICA.....	44
3.3 ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL .....	46
<b>4 CAPITULO II</b> .....	55
RESILIÊNCIA DO JATOBÁ À EXPLORAÇÃO MADEIREIRA NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL.....	55
<b>RESUMO</b> .....	56



<b>ABSTRACT</b> .....	57
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	58
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	59
2.1 ÁREA DE ESTUDO E AMOSTRAGEM.....	59
2.2. CRITÉRIOS DE MANEJO.....	61
2.3 ANÁLISES GENÉTICAS LABORATORIAIS.....	61
2.4 ÁREA BASAL E DENSIDADE DE INDIVÍDUOS.....	63
2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA.....	63
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	64
3.1 ÁREA BASAL E DENSIDADE DE INDIVÍDUOS.....	64
3.2 DIVERSIDADE GENÉTICA.....	68
<b>5 CAPITULO III</b> .....	75
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A CONSERVAÇÃO DO JATOBÁ NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL.....	75
<b>RESUMO</b> .....	76
<b>ABSTRACT</b> .....	77
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	78
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	79
2.1 ÁREAS DE ESTUDO E AMOSTRAGEM.....	79
2.3 DIVERSIDADE GENÉTICA INTRAPOPULACIONAL.....	83
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	85
3.1 DIVERSIDADE GENÉTICA INTRAPOPULACIONAL.....	85
<b>4 CONCLUSÕES</b> .....	89
<b>6 CONCLUSÕES GERAIS</b> .....	93
<b>REFERÊNCIAS GERAIS</b> .....	94

## 1 INTRODUÇÃO

A Amazônia é a maior floresta tropical do mundo, possuindo uma exuberante riqueza de fauna e flora. Essa imensurável riqueza tem sido alvo de discussões mundiais em torno do uso e conservação da Amazônia, além de modelos e métodos para avaliar a sustentabilidade desejada.

O uso sustentável dos recursos naturais é colocado como uma das alternativas para manter a estrutura da floresta conservada. No entanto, para que o uso seja possível é necessário nesse sentido, pesquisas que visem observar o efeito do impacto do manejo florestal na distribuição, estrutura populacional, diversidade genética e ecologia (polinização e dispersão) de espécies florestas com potencial madeireiro.

O uso da floresta por meio de técnicas de manejo é importante por existir uma seleção na exploração de certas áreas, porém, se feito inadequado pode gerar perdas irreparáveis na biodiversidade. A manutenção da variabilidade genética e os processos biológicos correlacionados devem ser mantidos pelo manejo florestal sustentado.

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 variabilidade evolutiva das populações ao longo das gerações e estimar a área mínima viável para a conservação. Essas informações são importantes principalmente para populações de espécies que são intensamente exploradas como o jatobá.

Apesar de existirem muitos trabalhos sobre biologia e genética de espécies arbóreas tropicais, ainda há uma carência para respostas seguras sobre sustentabilidade ecológica e genética.

De modo geral, o manejo florestal na Amazônia Brasileira tem ocorrido de forma arbitrária por não levar em conta particularidades de cada espécie explorada, considerando que todas sofrem o mesmo impacto no corte seletivo, não havendo o cuidado em respeitar a ecologia de crescimento, reprodução e a genética.

Este trabalho teve como objetivo estudar e comparar a estrutura e diversidade genética para o jatobá com o intuito de avaliar o efeito do manejo florestal sobre as

populações e definir parâmetros para a conservação da espécie dentro dos talhões de exploração.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 AMAZÔNIA – CARACTERIZAÇÃO E EXPLORAÇÃO DA FLORESTA

Amazônia, maior floresta do mundo, estende-se do oceano Atlântico às encostas orientais da Cordilheira dos Andes, até aproximadamente 600m de altitude (AB'SABER, 1977), contendo parte de nove países da América do Sul, sendo 60% dessa cobertura pertencente ao Brasil, abrangendo os Estados do Pará, Amazonas, Maranhão, Goiás, Mato Grosso, Acre, Amapá, Rondônia e Roraima, totalizando 4.871.000 km<sup>2</sup> (INPE, 2001; RAMALHO, 2001; INPA, 2010).

A Amazônia possui uma heterogeneidade de habitats, solo e micro climas que a caracterizam como um imenso ambiente formado por mosaicos de micro ambientes distintos e independentes. E estes diversos ambientes provavelmente são os responsáveis por esta floresta conter tanta diversidade (RIBEIRO et al, 1999). Ela constitui cerca de 40 % do território brasileiro, sendo uma das maiores reservas da biodiversidade mundial. “Sua área coberta com floresta densa de terra-firme é estimada em torno de 3.303.000 Km<sup>2</sup>” (BRAGA, 1979). Apesar da sua grande dimensão e riqueza em biodiversidade, estudos sobre flora, fauna e processos ecológicos ainda são poucos.

Levantamentos da flora feitos na Amazônia estimam que existam entre 4.000 e 5.000 espécies arbóreas (RODRIGUES, 1989) *apud* (FERRAZ et al, 2004), grande parte delas exploradas comercialmente, por meio da exploração madeireira, por terem um alto valor econômico. Essa exploração ao longo das décadas tem sido de forma brutal, insustentável causando grandes perdas para o meio ambiente em virtude da exaustão das florestas do sul e sudeste do Brasil. Na região amazônica, a extração madeireira teve origem na atividade extrativista constituindo uma forma de retirada de produtos da floresta primária para o uso pessoal ou comercial. Nesse tipo de uso da floresta não haveria necessidade de informações básicas sobre ecologia e

o cultivo de espécies madeireiras, porém, com a intensificação do corte de árvores em grande escala comercial, essas informações são necessárias (FERRAZ *et al.*, 2004; VERÍSSIMO *et al.*, 1996).

Por essa razão, estudos que visem o conhecimento das espécies, do seu comportamento com o meio ambiente e da manutenção da diversidade genética são fundamentais para o bom uso da sustentabilidade produtiva de espécies florestais da Amazônia.

## 2.2 CONSERVAÇÃO - ESPÉCIES ARBÓREAS TROPICAIS

A maior diversidade de espécies é encontrada nas florestas tropicais. Embora essas ocupem apenas 7% da extensão da terra, estima-se que contenham mais de 50% do total de espécies (PRIMACK; RODRIGUES, 2001).

A degradação dos diversos ecossistemas vem preocupando cada vez mais a sociedade. Discussões e estudos voltados para essa área têm mobilizado instituições governamentais e comunidades científicas (TELLES, 2000). Vem se discutindo a perda da diversidade nas regiões tropicais, causada pela fragmentação e destruição de seus habitats naturais, porém pouco se sabe sobre a perda da diversidade genética das populações viventes (RAJORA *et al.*, 2000). Para diminuir a ação desse impacto sobre os ecossistemas, medidas vêm sendo tomadas por instituições governamentais e não-governamentais para quantificar e definir estratégias de conservação para ecossistemas que se encontram em intensa atividade exploratória.

A conservação de recursos genéticos *in situ* tem sido considerada a forma mais efetiva, por abranger todas as comunidades de espécies, não apenas as de valor comercial, assim como seus polinizadores, dispersores de sementes e predadores. Não basta mantê-las intocadas em áreas de conservação, é importante também que para a conservação *in situ* se conheçam geneticamente as espécies (KAGEYAMA, 2002).

A criação de parques e áreas protegidas são essenciais para a conservação da biodiversidade, mas inadequados para assegurar a existência continuada da maioria dos ecossistemas, paisagens naturais, comunidades, espécies e genótipos

em florestas tropicais, caso não haja um estudo aprofundado sobre as espécies preservadas (PUTZ et al., 2000).

O conhecimento das características demográficas, da dinâmica populacional e da genética de populações é fundamental para a conservação pelo manejo sustentável (MATOS et al., 1999; REIS et al., 1997; CIAMPI et al., 2000). Contudo o componente genético, que é o fator responsável pelas diferenças em produtividade, adaptação e reprodução entre indivíduos da mesma espécie não tem sido levado em consideração nos programas de manejo de florestas tropicais (SEBBENN, et al., 2000).

Estudos genéticos de espécies tropicais arbóreas manejadas que visem avaliar o impacto da exploração madeireira sobre a diversidade genética são importantes para definir métodos de manejo adequados para cada espécie, permitindo a conservação de maior diversidade genética.

Em comparação a outros organismos, as espécies arbóreas têm uma variação genética relativamente alta porque estas necessitam de uma garantia para adaptação às diversidades ambientais (HAMRICK; GODT, 1990.; NYBOM, 2004; DEGEN et al., 2006).

Por seu grande porte e vida longa, as espécies arbóreas tropicais são normalmente espécies chaves dos ecossistemas florestais e sua diversidade genética tem sido vista como fundamental para a sustentabilidade e estabilidade de tais ecossistemas (GREGORIUS, 1991.; RAJORA; PLUHAR, 2003). O fator genético é o componente mais sensível ao desmatamento e é a chave da sustentabilidade dos recursos florestais. Conhecer a distribuição da variação genética dentro e entre as populações pode prover descobertas relativas à história de uma população e os níveis atuais de distribuição da variação genética (RAJORA et al., 2000).

### 2.3 ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE PLANTAS

A distribuição heterogênea (não aleatória) dos alelos e genótipos no espaço e no tempo, resultantes de ações evolutivas tais como mutação, seleção e deriva genética que atuam dentro do contexto de cada espécie e da população é tida como a estrutura genética (HAMRICK, 1982).

A diversidade genética de um loco marcador corresponde à probabilidade de ocorrer polimorfismo entre indivíduos amostradas ao acaso (RAFALSKY et al., 1996). Estimar a diversidade depende de uma variedade de índices que representam o conteúdo informativo de um loco, que pode ser utilizada para diferentes aplicações como na identificação individual e na análise de parentesco, na estimativa do fluxo gênico, na definição do sistema de cruzamento e na determinação da estrutura genética espacial.

A estimativa da frequência de um alelo particular em uma população, chamada frequência alélica, é considerada fundamental nos estudos evolutivos, pois a mudança genética de uma população pode vir a ser avaliada pelas mudanças nas suas frequências gênicas (NEI, 1979). O número de alelos por loco varia de acordo com o tamanho da amostragem.

A diversidade genética é um fator responsável pela adaptação e sobrevivência de indivíduos diante das mudanças ambientais e ataque de pragas e doenças ( PRIMACK; RODRIGUES, 2001; RAJORA; PLUHAR, 2003). A perda dessa diversidade é o tópico central da conservação genética. Áreas fragmentadas onde existem pequenas populações estão mais propensas à endogamia que atua revelando determinados alelos deletérios recessivos, ocorrendo com mais intensidade em espécies alógamas, levando estas à diminuição do valor adaptativo da população em curto prazo, causando a redução da heterozigosidade, perda da diversidade alélica.

Os pesquisadores acreditam que com o declínio na variação genética possa haver inibições no futuro da adaptação do organismo às mudanças ambientais e conseqüentemente limitar seu potencial evolucionário, podendo levar essas populações a um possível risco de extinção (ZUCCHI, 2002).

### 2.3.1 Estrutura genética espacial

A estrutura genética espacial ou autocorrelação espacial, refere-se à distribuição espacial dos genótipos dos indivíduos dentro da população, sendo caracterizada para cada espécie. Ela é determinada pelos padrões de dispersão de pólen e sementes, densidade de indivíduos adultos, seleção microambiental,

regeneração e pelo sistema de reprodução (HAMRICK; LOVELESS, 1986; LOISELLE et al., 1995).

A existência da estrutura genética espacial, que é a presença de indivíduos correlacionados geneticamente dentro de uma população, acontece principalmente pelas limitações físicas da população e pela não ocorrência de cruzamentos randômicos entre os indivíduos, o que gera uma perda na diversidade genética. O estudo em populações é utilizado para estimar o grau de isolamento e abordagens intrapopulacionais, auxiliando na detecção de indivíduos aparentados (FUTUYMA, 1992; DOLIGEZ; JOLY, 1997; GONZALES; HAMRICK, 2005).

A estimativa da estrutura populacional genética espacial de espécies arbóreas vem se tornando importante nos últimos anos, em que grande número de experimentos realizados por pesquisadores na área de estrutura genética de populações de plantas tem sido publicado.

## 2.4 A ESPÉCIE JATOBÁ

O gênero *Hymenaea* da família Fabaceae compreende 14 espécies, 13 das quais encontram-se distribuídas pela América Central, América do Sul, Oeste das Índias e uma espécie no leste da África (LEE; LANGENHEIM, 1975).

As espécies mais freqüentemente encontradas no Brasil são *Hymenaea stigonocarpa*, de ocorrência mais restrita, predominando na Caatinga e Cerrado (CASTELLEN, 2005) e *Hymenaea courbaril* L., que é conhecida na Amazônia por Jatobá (ou Jatobá verdadeiro). Este é uma árvore de grande porte que ocorre principalmente em floresta primária de terra firme e várzea alta, com freqüência em solos argilosos e pobres.

Dentre as espécies do gênero *Hymenaea* que ocorrem na Amazônia, *H. courbaril* se destaca por atingir a maior altura (podendo chegar até 65 metros de altura em florestas tropicais) e diâmetro (FIGURA 1). Esta espécie ocorre do México ao sul do Brasil (DENDROGENE, 2004). No Brasil ela possui uma distribuição ampla, ocorrendo da Amazônia brasileira até a floresta estacional semidecidual no sudeste do país sob diferentes variedades (CASTELLENN, 2005).



Fotos: A - André Eduardo Biscaia de Lacerda; B - Susana Melo

FIGURA 1 – Indivíduos adultos de *Hymenaea courbaril*



É uma espécie típica de estágios sucessionais avançados. Florescem anualmente. Díplóide (n=12). As flores são hermafroditas, polinizadas por morcegos do gênero *Glossophaga*. A espécie é alógama (SAMPAIO; VENTURE, 1990; SANTOS, 2002) com indícios de auto-incompatibilidade relatados por Bawa (1974), Jansen (1983) e Lacerda (2008), a aparente auto-incompatibilidade deve-se provavelmente ao processo de rejeição pós-zigótica (GIBBS et al., 1999)

Os frutos são um legume achatado e elipsóide, indeiscente, de cor verde quando imaturo, marrom-escuro quando maduro e preto quando velho. Medem em torno de 5 a 15 cm de comprimento, possuindo de 1 a 8 sementes, o exocarpo é muito duro. Os frutos e sementes de *H. courbaril* constituem um importante recurso alimentar para mastofauna (SANTOS, 2002). Assim, quando ficam maduros caem inteiros no chão. Os frutos maduros são muito apreciados principalmente por antas (*Tapirus terrestres*), veados (*Manzana spp.*), macacos pregos (*Cebus apella*) e queixadas (*Tayassu pecori*), e por algumas espécies de aves. Cutias (*Dazupracta azarae*) e pacas (*Agouti paca*) atuam na dispersão de sementes de forma secundária, carregando sementes por uma distância de até 225 metros (JANSEN, 1975; HALLWATCHS, 1986; ASQUITH, 1999).

O produto mais comercializado do jatobá é a madeira, muito pesada; cerne castanho-vermelho a castanho-avermelhado apresentando às vezes manchas escuras; alborno branco-acinzentado; grã direita a oblíqua; textura média; cheiro e gosto indistintos, sendo utilizada na fabricação de móveis e construção externa (RIZZINI, 1971; INPA, 2008). Seu diâmetro varia de 35 cm a 129 cm DAP.

Os indígenas usam a madeira para a confecção de canoas. A casca é utilizada na medicina popular para tratar gripe, cistite, bronquite, infecções de bexiga e como vermífugo. A resina que sai da casca quando cortada transforma-se em fragmentos vítreos amarelados chamados jutaicica, sendo usado como verniz vegetal, combustível, incenso, para o polimento e como impermeabilizador. A polpa do fruto é utilizada para fazer farinha (DENDROGENE, 2004).

Segundo Alvino et al. (2005), espécies florestais de valor econômico como o jatobá (*H. courbaril*) possuem poucos indivíduos na floresta, e nesses o excesso da exploração madeireira pode levar a espécie ao desaparecimento pela retirada de indivíduos que completariam o ciclo reprodutivo.

A espécie *H. courbaril* se enquadra em duas categorias de recursos genéticos florestais importantes para a conservação *in situ*. O de espécie arbórea de interesse

ecocômico e espécie de importância para a sustentabilidade do ecossistema (FAO, 1995).

## 2.5 CONSEQUÊNCIAS DO MANEJO FLORESTAL NA AMAZÔNIA BRASILEIRA

O manejo florestal é originário do continente europeu, no século XIX, e refere-se às práticas silviculturais aplicadas nos povoamentos florestais, incluindo os seus aspectos financeiros e organizacionais, que visa à produção de madeira. Na segunda metade do século XIX, foi levado pelos europeus para a Ásia numa tentativa de adaptá-lo às florestas tropicais. No início do século passado, foi introduzido na África, somente chegando à América na década de 1940, no entanto, apenas no início dos anos 1990 é que começaram a ser implementados planos de manejo florestal na Amazônia.

A exploração seletiva é comum em muitas florestas tropicais, principalmente na Amazônia brasileira, com mais de 285 milhões de ha (ASNER et al., 2005). O desenvolvimento das técnicas de exploração e condução da floresta, sensoriamento remoto, tecnologia de produtos florestais e capacidade de armazenamento e processamento de informações possibilitaram a consolidação do manejo florestal em florestas tropicais.

O Brasil possui grande vocação para exploração florestal com 5,449 milhões de ha de florestas plantadas (ABRAF, 2005) e 385 milhões de ha nativas (SCOLFORO et al., 2009). Suas florestas nativas apresentam grande complexidade, uma vez que são compostas por espécies com os mais distintos potenciais silviculturais (AZEVEDO, 2007a).

A demanda por madeira da Amazônia surgiu após o esgotamento das florestas das regiões sul e sudeste. Essa região tem sofrido com exploração madeireira e também com a conversão de suas florestas em áreas agropastoris (ASNER et al., 2005; LIMA, 2008). O corte de madeira, a atividade agrícola e a pecuária são frequentemente relacionadas à demanda de países industrializados por produtos agrícolas baratos, tais como madeira e carne (PRIMACK; RODRIGUES, 2001).

Em 2006, a lei nº11284 art.3 (IBAMA, 2006) regulamentou a exploração madeireira e o manejo florestal sustentável, como a administração da floresta para a obtenção de benefícios econômicos, sociais e ambientais, respeitando-se os mecanismos de sustentação do ecossistema, objeto do manejo. Considerou, cumulativa ou alternativamente, a utilização de múltiplas espécies madeireiras, de múltiplos produtos e subprodutos não madeireiros, bem como a utilização de outros bens e serviços de natureza florestal.

O que de fato acontece é que o manejo é feito de forma arbitrária, tratando espécies diferentes como iguais (AZEVEDO, 2007b), os manejadores geralmente agrupam sob o nome comercial várias espécies parecidas, no entanto, cada uma tem sua dinâmica de população (DAP máximo, crescimento, mortalidade, etc.) que tem papel crucial na reconstituição futura dos estoques exploráveis. No trabalho realizado por Sebbenn et al. (2007), foram usadas quatro espécies arbóreas de grande potencial e uso madeireiro (*Bagassa guianensis*, *Hymenaea courbaril*, *Manilkara huberi* e *Symphonia globulifera*), sendo verificado que cada uma delas responde de forma diferente para as atuais práticas do manejo sustentável. As maiores árvores, como as citadas acima, são as mais vulneráveis à fragmentação. O entendimento da biologia de espécies e práticas de manejo são importantes e interagem na tomada de decisões apropriadas sobre o manejo florestal tropical, contribuindo para a melhor sustentabilidade florestal a longo prazo (SEBBENN et al., 2007).

O impacto da abertura de clareiras causada pela queda de árvores do dossel é considerado um mecanismo de manutenção da diversidade vegetal, nas florestas tropicais. Entretanto, clareiras provenientes da ação antrópica (manejo florestal) ocasionam uma ruptura na floresta, alterando a estrutura da vegetação, o habitat, o microclima, principalmente nas bordas, um desequilíbrio na taxa de recrutamento e mortalidade das espécies de plantas. Nestas áreas, populações vegetais são perdidas e populações adjacentes a estas áreas, que não sofreram exploração, acabam ficando isoladas em pequenos fragmentos (SEBBENN et al., 2007)

Entretanto, a cobertura de florestas remanescentes, após práticas de exploração madeireira, a remoção seletiva de árvores com alto valor econômico e seus genes pode alterar a estrutura genética da população residual, também como afetar a densidade da população, a distribuição diamétrica, a produtividade da área

e estabilidade do ecossistema (HAWLEY et al., 2005). Em termos gerais, o corte seletivo pode ter dois efeitos principais sobre populações de espécies arbóreas florestais: redução no número total de indivíduos reprodutivos e isolamento espacial de indivíduos remanescentes. Estes efeitos podem resultar em perda de alelos, redução na heterozigosidade (YOUNG; BOYLE, 2000), endogamia e reduções no tamanho efetivo da população remanescentes (ALDRICH et al., 1998).

A diversidade genética fornece o potencial evolutivo para o bem estar da floresta, mediante a mudanças bióticas e ambientais (MOSSELER et al., 2003). Desse modo, informações sobre o impacto do manejo florestal na estrutura e dinâmica da variação genética são importantes para efeito de conservação de recursos genéticos (DEGEN et al., 2006)

### 3 CAPÍTULO I

ESTRUTURA POPULACIONAL E GENÉTICA DE JATOBÁ EM POPULAÇÕES  
NATURAIS NA AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL

## RESUMO

A Amazônia é a maior floresta tropical do mundo, possuindo uma exuberante riqueza de fauna e flora. Essa biodiversidade tem sido alvo de discussões mundiais em torno do uso e conservação, além da busca por modelos e métodos que avaliem a desejada sustentabilidade, especialmente quando se trata de produção madeireira. Dentre as muitas espécies com potencial madeireiro existente na Amazônia, o jatobá (*Hymenaea courbaril*) é uma das que são intensamente exploradas. Este trabalho teve como objetivo estudar a estrutura populacional e genética do jatobá considerando aspectos para a conservação e manejo sustentável. O estudo foi realizado no período de 2008 a 2009, na região Sul-Occidental da floresta amazônica brasileira, em três áreas de florestas preparadas para a exploração madeireira segundo plano de manejo sustentável. A estrutura populacional foi avaliada para cada área de estudo analisando-se a distribuição dos indivíduos em classes de tamanho, diâmetro e distribuição espacial. A análise da estrutura genética foi feita por marcadores moleculares microssatélites (SSR) em uma amostra de 160 indivíduos com DAP >30 cm. Os resultados mostraram, para as três populações uma distribuição de J invertido, com distribuição espacial uniforme. Houve alta divergência genética ( $\hat{G}_{ST}' = 0,366$ ) entre as populações e um fluxo gênico aparente de um indivíduo a cada cinco gerações. Devido a divergência genética foi possível classificar as populações em unidades independentes para o manejo. Foi detectada estruturação genética espacial significativa num raio de 1050 m para a população de Porto Acre - AC.

**Palavras-chave:** *Hymenaea courbaril*, Estrutura Genética, SSR, Estrutura Populacional

## ABSTRACT

The Amazon is the largest rainforest in the world, with a lush richness of fauna and flora. This biodiversity has been the focus of global discussions around the use and conservation, beyond the search for models and methods to assess the desired sustainability, especially when it comes to timber production. Among the many species with timber potential existing in the Amazon, jatoba (*Hymenaea courbaril*) is one of those that are heavily exploited. This work aimed to study the population structure and genetic aspects of jatoba considering for conservation and sustainable management. Study was conducted from 2008 to 2009 in south-western Brazilian Amazon forest, in three forest areas prepared for logging the background of sustainable management. Population structure was assessed for each study area by analyzing the distribution of individuals in size classes, diameter and spatial distribution. The analysis of genetic structure was performed by microsatellite molecular markers (SSR) in a sample of 160 individuals with DBH > 30 cm. The results showed, for the three populations an inverse J distribution, with uniform spatial distribution. There was high genetic diversity ( $= 0.366$ ) among populations and an apparent gene flow from one individual to five generations. Because of genetic divergence was possible to classify the populations in independent units for management. We detected significant genetic structure within a radius of 1050 m for the population of Acre Porto - AC.

**Keywords:** *Hymenaea courbaril*, Genetic Structure, SSR, Population Structure

## 1 INTRODUÇÃO

A Amazônia é a maior floresta tropical do mundo e que também abriga a maior biodiversidade. Esse Bioma tem sido alvo de discussões mundiais em torno de seu uso e conservação, além da busca por modelos e métodos que avaliem a tão desejada sustentabilidade nos casos de exploração, especialmente de produtos madeireiros.

Diversos trabalhos avaliam aspectos da biologia reprodutiva, fenologia, estrutura e dinâmica de populações de espécies arbóreas tropicais (MAUÉS, 2006; AZEVEDO et al., 2007a; LIMA, 2008), porém, pouco se sabe sobre a estrutura e diversidade genética em populações dessas espécies. Ainda há uma carência por respostas seguras sobre a sustentabilidade ecológica do manejo florestal, principalmente para as espécies Amazônicas.

Devido ao grande porte e longo ciclo de vida, geralmente as espécies arbóreas desempenham um papel chave para ecossistemas florestais (CLARK; CLARK, 1996). A diversidade genética é vista como fundamental para a sustentabilidade e estabilidade de tais ecossistemas (RAJORA; PLUHAR, 2003), sendo um dos fatores responsáveis pela adaptação e sobrevivência dos indivíduos (PRIMACK; RODRIGUES, 2001; RAJORA; PLUHAR, 2003) e por isso um tópico central para a conservação.

No entanto, pouco se sabe sobre a estrutura genética de espécies arbóreas, mesmo aquelas de interesse comercial com potencial madeireiro (LEDIG, 1992). Conhecer a diversidade genética e a estrutura populacional de espécies arbóreas de interesse comercial é um desafio importante a ser alcançado para que haja a manutenção das florestas sem causar danos graves com o uso comercial, pois cada espécie responde de forma diferente à exploração madeireira (PUTZ, et al., 2001).

Simulações feitas com dados ecológicos e genéticos na Floresta do Tapajós (PA) demonstraram que o ciclo de corte para o manejo florestal adotado no Brasil (ciclo de 30 anos e DAP > 45cm), após seis ciclos para as espécies tatejuba (*Bagassa guianensis*), jatobá (*Hymenaea courbaril*) e a maçaranduba (*Manilkara huberi*), tiveram uma perda significativa da área basal, não sendo recuperada entre os ciclos, além da perda de alelos e aumento da distância genética entre os indivíduos de cada população (SEBBENN et al., 2007).



Para o gênero *Hymenaea*, alguns trabalhos sobre estrutura genética revelaram alta divergência genética entre populações fragmentadas florestais e uma forte estruturação genética espacial (TOLEDO, 2005; CASTELLEN, 2005; MORENO, 2009).

Este trabalho teve como objetivo estudar a estrutura populacional e genética de jatobá em populações naturais na Amazônia Sul-Occidental antes da exploração madeireira.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 ÁREAS DE ESTUDO E AMOSTRAGEM

O estudo foi realizado no período de 2008 a 2009 na região Sul-Occidental da floresta Amazônica Brasileira, em três propriedades particulares (fazendas) localizadas no município de Lábrea (AM) e nos municípios de Capixaba e Porto Acre (AC) (FIGURA 3). Nos municípios de Lábrea e Capixaba as coletas foram realizadas nos meses de janeiro e março de 2008 e em Porto Acre, em março de 2009. A coleta de dados foi feita em talhões de exploração florestal antes da extração madeireira. O manejo florestal aplicado nestas áreas segue as diretrizes da lei nº11284/06 art.3 (IBAMA, 2006).

A região em que as fazendas de Lábrea (UTM 8959104/19L 082044) e Capixaba (UTM 8835940/19L 0610821) estão inseridas apresentam vegetação primária equatorial úmida, com várias espécies de dossel e presença de palmeiras e bambu. Estas áreas fazem divisa com pastagem enquanto que a fazenda de Lábrea, é ladeada por uma terra indígena.

A fazenda de Porto Acre (UTM 8945290 /19L 648840) apresenta vegetação primária equatorial úmida, floresta aberta com palmeiras e região de baixio (área alagada), com presença de igapós e pastagem. Todas as áreas estudadas estão localizadas em áreas de floresta contínua.

A Tabela 1 apresenta a área total das fazendas e os respectivos talhões onde foram feitas as coletas.

TABELA 1 – Área total das fazendas e os respectivos talhões de exploração e local de coleta de material para estudo

Área de estudo	Município	Área total da fazenda	Talhão de exploração (coleta)
		(ha)	(ha)
Lábrea	Lábrea/AM	8000	428
Capixaba	Capixaba/AC	2200	1000
Porto Acre	Porto Acre/AC	1500	328

Os talhões foram definidos pela equipe do manejo florestal tendo como base a área de cada fazenda. Em cada um dos talhões selecionados, o inventário para exploração florestal já havia sido feito e utilizou-se os dados referentes à espécie *H. courbaril* (Diâmetro à Altura do Peito-DAP, Altura e coordenadas geográficas). Como o inventário de exploração florestal considerou apenas as árvores com DAP > 45 cm, realizou-se um inventário complementar em toda a área de cada talhão, onde foram coletados a posição, DAP e altura para as árvores de jatobá com DAP entre 5 cm e 45 cm. Os indivíduos que não eram jatobá mais que estavam na lista do manejo como sendo da espécie foram eliminados.

Além desse inventário, foi feito ainda o mapeamento e caracterização da regeneração de jatobá tomando como unidade amostral as árvores com evidências de florescimento, onde foram instaladas parcelas circulares. A partir de cada árvore, considerando um raio de 20 metros, todos os regenerantes (DAS < 5 cm e DAP < 10 cm) foram inventariados tomando-se medidas de altura, diâmetro a altura do solo (DAS) e coordenadas geográficas (FIGURA 2).

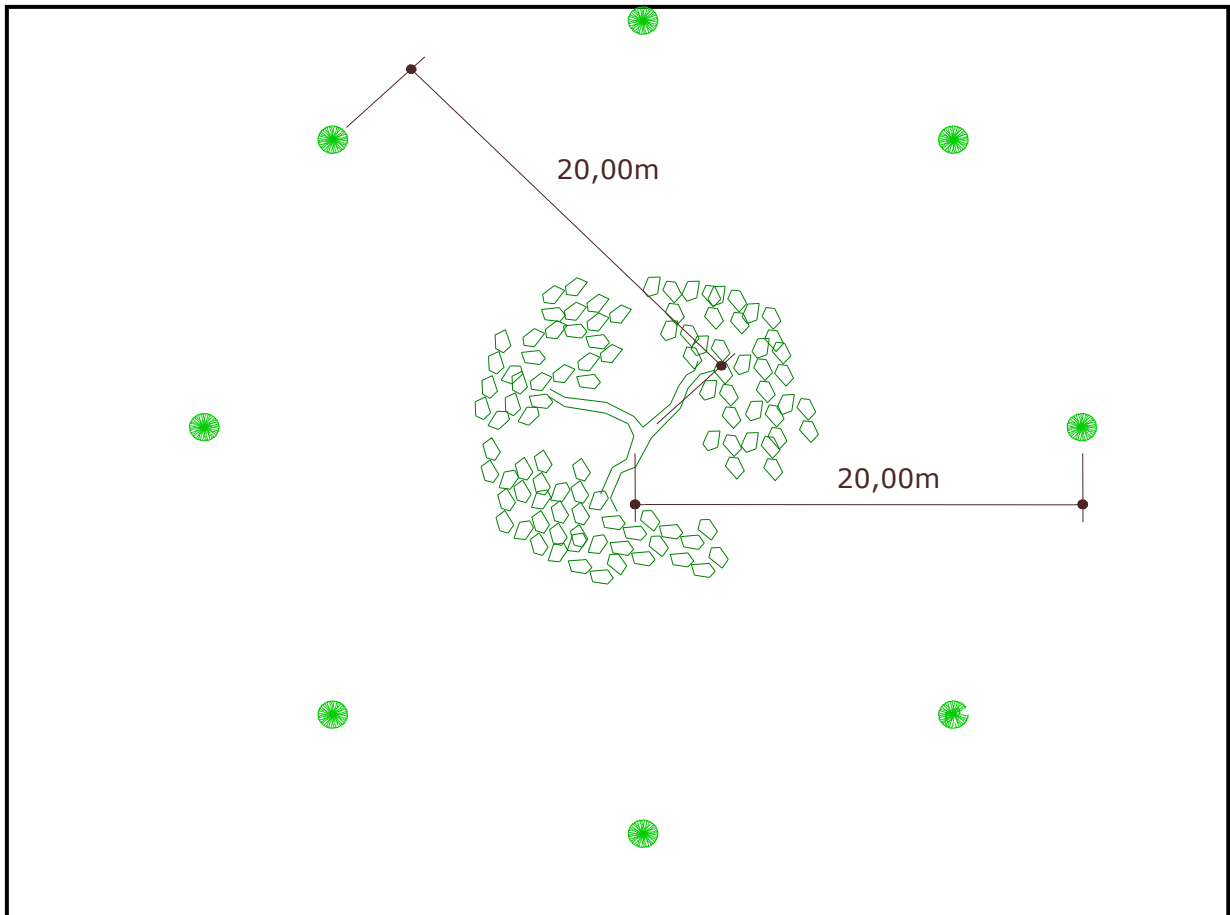


FIGURA 2 – Esquema de parcela para inventário de regenerantes de jatobá, onde o centro da parcela é uma árvore adulta de jatobá.

Para avaliação da estrutura genética, coletou-se uma amostra de tecido do câmbio de todos os 160 indivíduos de jatobá com DAP > 30 cm.

As amostras de câmbio caulinar foram obtidas pela retirada de uma pequena quantidade desse tecido com o auxílio de um formão (ferramenta utilizada para entalhar madeira) e uma pinça de aço inox. Imediatamente após a coleta, as amostras foram imersas em microtubos contendo 1,0 ml de tampão de transporte (30% de tampão de extração CTAB a 2%: 70% Etanol) e levadas para o Laboratório de Morfogênese e Biologia Molecular (LABMOL) da Embrapa Acre onde foram armazenadas a - 20°C para posterior extração de DNA.



FIGURA 3 – Mapa geral mostrando os municípios (Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre – AC) e a posição relativa das populações estudadas

## 2. 2 ANÁLISES GENÉTICAS LABORATORIAIS

A extração do DNA genômico foi realizada no Laboratório de Morfogênese e Biologia Molecular da Embrapa-Acre, em Rio Branco, AC, utilizando o protocolo CTAB 2% (DOYLE; DOYLE, 1987) adaptado por Ferreira e Grattapaglia (1998) sendo que o tecido caulinar foi macerado, usando um macerador automático de tecidos (Tissue Lyser® Qiagen) por 1min 30s e frequência de 30 Hertz.

Depois de extraído, o DNA genômico foi quantificado em eletroforese submarina em gel de agarose (1%) por 20 min sob 77 Volts (V) e 45 miliAmpere (mA) (FIGURA 4), por meio da análise comparativa de cada amostra com o DNA padrão fago  $\lambda$  de peso molecular conhecido (10 a 200 ng). Após a quantificação, o DNA foi diluído em água MiliQ para 2,5 ng/ $\mu$ L, para posterior análise dos marcadores microssatélites, em eletroforese vertical em gel de poliacrilamida e coloração das bandas com nitrato de prata

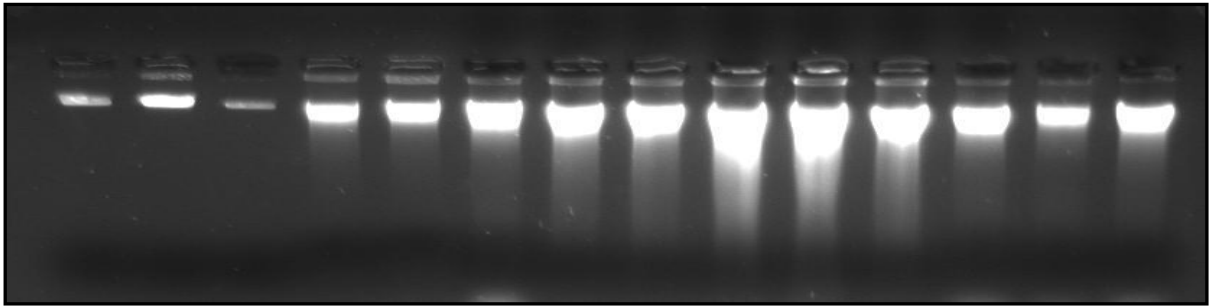


FIGURA 4 – Quantificação de DNA extraído de câmbio caulinar de *Hymenaea courbaril*, em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. As duas bandas da esquerda equivalem aos marcadores de peso molecular  $\lambda$  de 50 e 100 ng/uL.

Para as análises genéticas foram utilizados oito pares de iniciadores SSR, sendo seis desenvolvidos para *Hymenaea courbaril* por Ciampi et al. (2008), e outros dois ainda não publicados desenvolvidos pela Embrapa - CENARGEN (TABELA 2).

TABELA 2 -Locos Microssatélites (SSR) com repetição em série, as seqüências dos iniciadores e as amplitudes alélicas

Locos	Repetição em série	T <sub>a</sub> °C *	Seqüência de Primer (5'-3')
Hc12	(TC) <sub>21</sub>	58	F: TGTTCCAATTTATGTCCATGGTT R: TGGATGGTTGTGAAGAAAAGG
Hc14	(TC) <sub>17</sub>	56	F: CATTCTGCCATCGGTAGGTT R: TCACCCAAACAGGAGTGAA
Hc25	(TC) <sub>26</sub>	54	F: TGCAATTCGACTTCTTGTT R: GGTCAAAGAAAATGCTGGCT
Hc 33	(AG) <sub>16</sub>	56	F: GAACAAATCAACTTTCTTTGAAGC R: TTGACGCTTATTTTGCACCA
Hc40	(AG) <sub>26</sub>	56	F: CCTCTCTCCCAAATTCACGA R: TGCAATAGAATTTCCGAGGC
Hc 42	(CA) <sub>5</sub> T(AG) <sub>19</sub>	56	F: TGGCTAAAAGTTGGGAGGGT R: TTCCCCCTTTTCATGTTGTC
Hc 35 <sup>1</sup>	-	56	F: CTTGCACCTTTCACCCATTT R:CTCTTTGCTTCCCTCTCCCT
Hc 49 <sup>1</sup>	-	54	F: CCACCTCTCTCCACCCAATA R: TCCGGGAAGTCTTAATTTG

1- não publicado; \* Temperaturas de anelamento encontradas para este estudo

As reações de amplificação dos fragmentos de DNA foram feitas por reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando volume final de 13  $\mu$ l em termociclador MJ

Research 96+. O protocolo de amplificação foi de: 94°C por 5 minutos, 30 ciclos de 94°C por 1 minuto, temperatura de hibridação específica de cada par de iniciadores por 1 minuto, 72°C por 1 minuto, terminando com 72°C por 5 minutos.

Após a reação de PCR, os fragmentos amplificados foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida a 5%, em cuba vertical contendo tampão TBE 1X sob 1600 volts e 40 mili-Amperes, por uma hora. Após a eletroforese, os fragmentos observados na forma de bandas, foram corados com nitrato de prata, segundo o protocolo desenvolvido por Creste et al. (2001). A interpretação dos fragmentos amplificados foi realizada visualmente por meio de comparação com marcador de peso molecular padrão (10-pb “Ladder” Invitrogen ®). Os fragmentos que apresentaram diferentes pesos moleculares foram considerados alelos diferentes.

## 2.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

### 2.3.1 Estrutura Populacional

A estrutura populacional foi avaliada para cada área de estudo analisando-se a distribuição dos indivíduos em classes de tamanho, diâmetro médio das árvores, altura média dos regenerantes, número de regenerantes por árvore reprodutiva e a distribuição espacial das árvores (índice de dispersão).

As populações foram comparadas pelo diâmetro médio de adultos e altura média de regenerantes, usando a análise de variância feita com o software SPSS versão 1.6 (2008).

A distribuição dos indivíduos de jatobá em classes de tamanho foi visualizada em gráfico de densidade considerando a amplitude de classes de tamanho de 10 cm para o diâmetro e 20 cm para altura. Os gráficos foram avaliados visualmente quanto a forma de distribuição de J invertido.

As variáveis de diâmetro e altura foram avaliadas quanto à distribuição Normal pelo teste de homogeneidade de variâncias e também pelo teste K-S (Kolmogorov-Smirnov), sendo que os dados de altura foram normais mas os dados de DAP não apresentaram distribuição normal. Os dados de DAP foram transformados em  $DAP^2$  e dessa forma obteve-se normalidade. Portanto as análises de ANOVA foram feitas com altura e  $DAP^2$ .

Para avaliação da regeneração em cada local, foi calculado o número de regenerantes por árvore matriz.

A distribuição espacial dos indivíduos dentro e entre as populações estudadas, foi avaliada pelo índice de dispersão ( $R$ ) de Clark e Evans (1954) usando o método do vizinho mais próximo. O índice de dispersão foi calculado pela fórmula:

$$R = \frac{R_o}{R_e}$$

O índice foi calculado para cada área considerando todos os indivíduos com DAP > 5 cm. Com base na localização (coordenadas geográficas) das árvores foi determinada a distância entre cada árvore e o seu vizinho mais próximo e depois a distância média entre as árvores.

O índice de dispersão  $R$  é interpretado da seguinte forma: se  $R = 1$  o padrão é aleatório; se  $R = 0$ , o padrão é agrupado; e se  $R \sim 2,15$ , o padrão é uniforme.

$$R_o = \frac{\sum ri}{n} \quad \text{e} \quad R_e = \frac{1}{2\sqrt{d}}$$

$R_o$  = distância média observada do vizinho mais próximo

$ri$  = distância do vizinho mais próximo, para o  $i$ -ésimo indivíduo

$n$  = número de indivíduos da população

$R_e$  = distância esperada do vizinho mais próximo

$d$  = densidade de indivíduos na população

Para determinar estatisticamente se o padrão observado foi diferente de um padrão aleatório foi aplicado o teste  $z$ .

$$Z = \frac{R_o - R_e}{S}$$

$S$  é o desvio padrão;  $S = \frac{0,26136}{\sqrt{nd}}$

$n$  = número de indivíduos da população

$d$  = densidade de indivíduos

### 2.3.2. Estrutura genética

A estrutura genética entre populações foi estimada por  $\hat{G}_{ST}'$ , proposto por Hedrick (2005):

$$\hat{G}_{ST}' = \frac{\hat{G}_{ST}(1 + \hat{H}_S)}{(1 - \hat{H}_S)}$$

Em que  $\hat{G}_{ST}$  é a divergência genética entre populações e  $\hat{H}_S$  é a diversidade média intrapopulacional, de acordo com Nei (1987). Para obtenção dessas estimativas, utilizou-se o programa FSTAT (GOUDET, 1995). Valores próximos a zero indicam baixa divergência genética entre as populações e valores próximos a um indicam alta divergência genética entre as populações.

Estimou-se ainda a divergência genética ( $\hat{R}_{ST}$ ) segundo Slatkin (1995), mais adequada para estimativa da divergência genética entre populações quando se utilizam marcadores SSR. O intervalo de confiança a 95% para  $\hat{R}_{ST}$  foi obtido por 1.000 reamostragens “bootstrap” sobre locos. Testes de permutação foram realizados para determinar se os valores observados de  $\hat{R}_{ST}$  diferiram significativamente de zero. As análises foram realizadas com o programa RstCalc (GOODMAN, 1997).

A divergência genética entre as três populações foi calculada com o objetivo de verificar se cada população pode ser considerada uma Unidade Independente para o Manejo (UIM), segundo Palsboll et al. (2007).

O fluxo gênico aparente ( $Nm$ ) foi estimado de forma indireta, segundo o modelo de ilhas proposto por Crow e Aoki (1984), o qual corrige a análise para pequeno número de populações:

$$\hat{Nm} = \left(\frac{1}{4\alpha}\right) \left[\left(\frac{1}{\hat{F}_{ST}}\right) - 1\right]$$

Em que:

$\hat{F}_{ST}$  é a divergência genética entre populações.

$\alpha$  a correção para número de populações, sendo  $\alpha = [n/(n - 1)]^2$ ;

$n$  é o número de populações.



Utilizou-se o estimador  $\hat{G}_{ST}$  e o  $\hat{R}_{ST}$  no lugar de  $\hat{F}_{ST}$ , para conhecer a magnitude do fluxo gênico realizado e a variação dada por essas estatísticas.

### 2.3.3 Estrutura Genética Espacial

A caracterização da distribuição espacial dos genótipos dentro das populações foi realizada a partir das estimativas médias dos coeficientes de coancestria ( $\hat{\theta}_{xy}$ ) (LOISELLE et al., 1995) entre pares de indivíduos agrupados em classes de distâncias espaciais com intervalos constantes. O número de classes e os intervalos foram definidos de acordo com o número mínimo de 30 pares de indivíduos comparados em cada classe. O referido coeficiente de coancestria não é viesado pela presença de alelos raros na população.

Para cada classe de distância, obteve-se o intervalo de confiança a 95% de probabilidade do  $\hat{\theta}_{xy}$ , por meio de 10.000 permutações sobre a localização de cada genótipo. Para a análise da estrutura genética espacial (EGE) dentro das populações foi utilizado o programa SPAGeDi 1.3.a desenvolvido por Hardy e Vekemans (2002).

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 3.1 ESTRUTURA POPULACIONAL

Lábrea apresentou melhor estrutura populacional quando comparada com as outras áreas (FIGURA 5). Os indivíduos estiveram distribuídos em várias classes de tamanho, principalmente os regenerantes (FIGURA 6). A densidade de jovens e adultos ( $DAP \geq 10\text{cm}$ ) e o tamanho médio de jovens/adultos e regenerantes foi variável, sendo a população de Porto Acre a que apresentou maior densidade de adultos e a de Lábrea a que apresentou maiores médias para altura e diâmetro (TABELA 3).

TABELA 3 – Densidade e Tamanho médio de indivíduos adultos e regenerantes

Local	Densidade (ind.ha <sup>1</sup> )		Tamanho Médio		Altura Média	N° de reg/matriz
	Reg	Jov/Adulto	Reg (altura/cm)*	Jov.Adulto (DAP)**		
Lábrea	1.892	0,12	67,6 a	86,22 a	67,6 cm	3,29
Capixaba	2.527	0,04	40,0 b	87,72 a	40 cm	2,46
Porto Acre	674,26	0,25	35,1 b	79,36 b	35,1 cm	0,88

\* p = 0,0001 utilizando o teste de médias (Bonferroni) ; \*\* p = 0,041; Letras iguais não diferente estatisticamente  
Jov=joven ; Reg=regenerante

A regeneração também foi variável, sendo que a área com menor densidade de jovens e adultos apresentou maior densidade de regenerantes (Capixaba) e a área com maior densidade de adultos apresentou menor densidade de regenerantes (Porto Acre).

Nas populações de Capixaba e Porto Acre os indivíduos apresentaram uma distribuição mais irregular em comparação a Lábrea, especialmente porque nas classes de DAP de 30 e 40 cm não foram registradas nenhum indivíduo (FIGURA 5). Em relação à regeneração Lábrea também apresentou melhor estrutura, sendo que Capixaba foi intermediária e Porto Acre apresentou expressiva dificuldade no estabelecimento de novas plantas (FIGURA 6). Este resultado sugere que as populações não tem apresentado, pelo menos recentemente, problemas na germinação de sementes, ou seja, tem ocorrido frutificação e dispersão de sementes suficientes para a regeneração.

A população de Porto Acre pode ter passado por uma fase de problemas com a regeneração e estar se recuperando nos últimos eventos reprodutivos ou ter dificuldades de reprodução e/ou estabelecimento sendo dependente de eventos específicos para a regeneração. Durante as coletas de campo, em 2009, observou-se que a maioria das árvores estavam localizadas em áreas alagadas e não apresentavam sinais de frutificação. Somente estudos de dinâmica da regeneração podem esclarecer o que acontece com essa população.

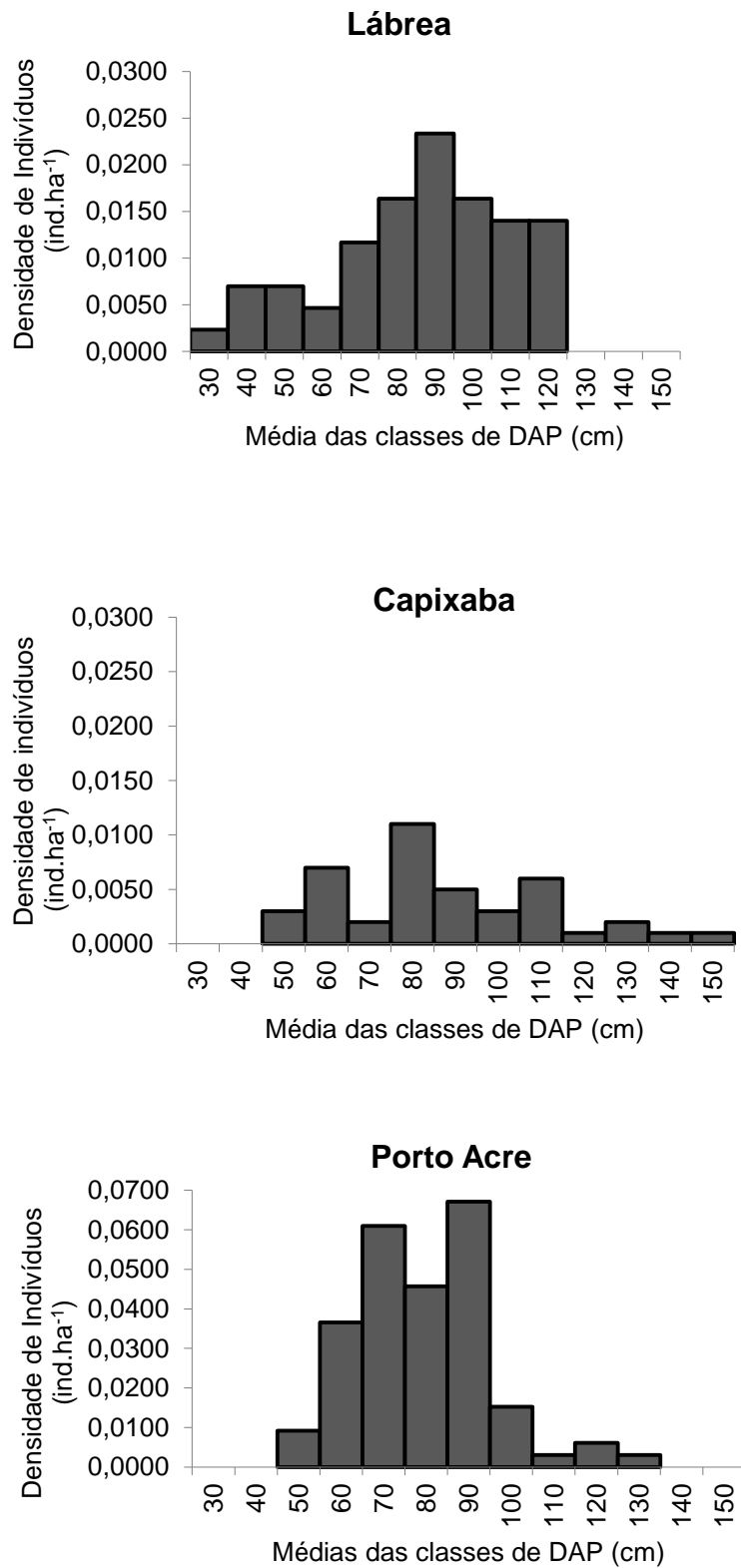


FIGURA 5 – Densidade média de indivíduos por classe de DAP para todas as populações estudadas

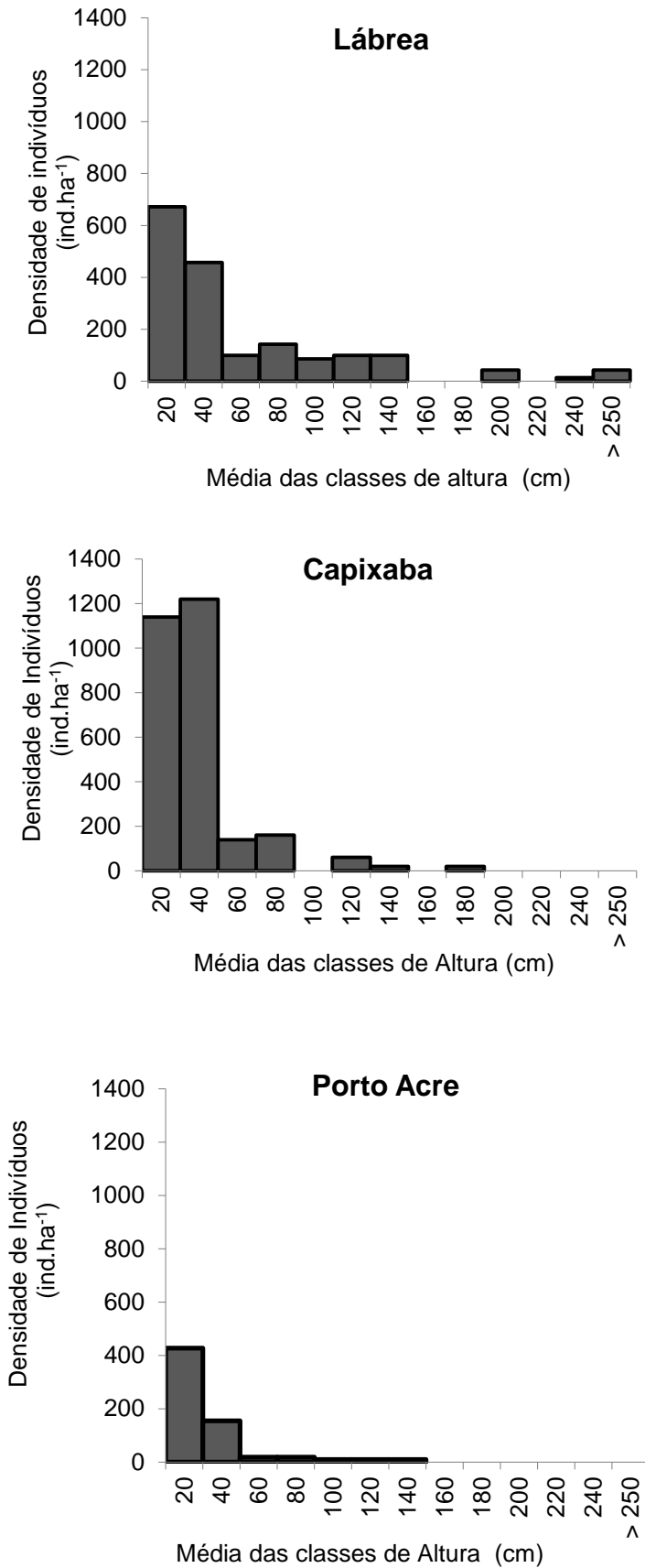


FIGURA 6 – Densidade de indivíduos por classe de altura (regeneração) para todas as populações estudadas

As populações de Capixaba e Porto Acre, embora apresentaram uma estrutura tipo J invertido, os dados de jovens indicam que há lacunas na reposição das plantas, podendo isso ser um indicativo de problemas na manutenção da população após ciclos de exploração madeireira.

A distribuição de uma espécie em classes de tamanho identifica imediatamente os estágios da história de vida pouco representados na população (HALL; BAWA, 1993). Os resultados deste estudo mostram, para as populações avaliadas, uma maior concentração de plantas nas classes iniciais (20 e 40 cm de altura), dando a idéia de distribuição em J invertido, no entanto, para as classes de DAP observou-se gargalos importantes nas menores classes de tamanho. A estrutura ideal para o manejo sustentável é aquela que apresenta um maior número de indivíduos nas menores classes de tamanho e uma redução constante do número de indivíduos de uma classe para outra (PETERS, 1996). Esta situação não foi observada para nenhuma das populações estudadas, no entanto isso não significa que as mesmas não possam ser manejadas. Esses resultados mostram que é preciso fazer o monitoramento da estrutura populacional nessas áreas de manejo para verificar a taxa de crescimento e recrutamento das plantas de uma classe de DAP para a outra.

Considerando que espécies arbóreas tropicais ocorrem em baixa densidade e apresentam uma estrutura populacional em forma de pirâmide demográfica, com grande número de juvenis (plântulas) e um pequeno número de adultos (HUBBELL, 1979; REIS et al., 2000), pode-se supor que o jatobá, nas áreas estudadas, não está ameaçado embora as populações de Capixaba e Porto Acre devam ser consideradas em estado de alerta, pela falta de estoque de indivíduos nas menores classes de tamanho, o que confere estabilidade à espécie (PETERS, 1996).

Para as três populações analisadas, o índice de dispersão de Clark e Evans entre os indivíduos não foi significativo (Teste  $Z$   $p > 0,05$ ) para agrupamentos aleatórios, indicando uma distribuição uniforme (TABELA 4).

TABELA 4 - Índice de dispersão e distribuição para as populações estudadas

População	N	$R_o$ (m)	R	Teste $Z$ $p > 0,05$
Lábrea	34	1176,4	5,08	ns
Capixaba	44	1151,3	4,82	ns
Porto Acre	82	154,14	1,54	ns

N = número de indivíduos;  $R_o$  = distância média do vizinho mais próximo; m = metros; R = índice de dispersão; ns = não significativo a 95%

A diferença na distribuição entre as populações foi a distância do vizinho mais próximo que, para Lábrea e Capixaba, a média foi bem maior que para Porto Acre. Essa diferença está relacionada com o tamanho da área em que as populações estão distribuídas e com a densidade das mesmas, em que a população de Porto Acre foi a que apresentou maior densidade.

Segundo Durigan et al. (2003), os padrões de distribuição em grandes escalas, podem estar relacionados a fatores como fertilidade dos solos e condições climáticas.

Espécies arbóreas tropicais ocorrem em baixa densidade e possuem na grande maioria, uma distribuição uniforme (HUBBELL,1979). Inicialmente as plantas se distribuem de forma agregada, mas a predação (herbivoria e doenças) no início da vida das plantas, faz com que ao longo do tempo se distribuam de forma mais uniforme (CONDIT et al., 2000).

Florestas abertas fornecem condições mais favoráveis a regeneração, tais como níveis mais elevados de luz, resultando num padrão de distribuição mais dispersivo para as plântulas e seu estabelecimento ao longo do tempo (WADT et al., 2005).

Conhecer a dinâmica e estrutura populacional de espécies arbóreas florestais com potencial madeireiro como o jatobá é importante para dar subsídios para futura exploração madeireira, pois como foi visto a sua distribuição é de forma irregular e com poucos indivíduos nas menores classes. Além da necessidade de saber como a exploração madeireira influenciará na regeneração futura.

### 3.2 ESTRUTURA GENÉTICA

A divergência genética ( $\hat{G}_{ST}$ ) entre as três populações foi de 0,344. Como consequência dessa elevada divergência entre as populações, o fluxo gênico aparente ( $\hat{Nm}$ ) foi de 0,211, o que equivale ao fluxo de um indivíduo a cada cinco gerações. Valores menores que um, revelam um baixo fluxo gênico, já para valores maiores que um, espera-se baixa diferenciação entre as populações por deriva ou seleção (WRIGHT, 1931). Essa medida refere-se ao fluxo gênico passado, considerando que a espécie estudada é uma espécie arbórea de ciclo de vida longo, mesmo geograficamente distantes, as populações apresentaram alelos e

freqüências relativamente parecidas como resultados de trocas gênicas no decorrer das gerações, quando estas eram interligadas por florestas praticamente contínuas (KAGEYAMA et al., 2003).

Como a presença de alelos nulos nos locos pode causar uma superestimação nas estimativas de divergência genética (CHAPUIS; ESTOUP, 2007), recalculou-se o  $\hat{G}_{ST}$  com apenas seis locos, ou seja, retirando-se os locos Hc 40 e Hc 42, que apresentaram alelos nulos para as três populações. Mesmo com a retirada desses locos da análise, constatou-se valores parecidos para  $\hat{G}_{ST}$  (0,366) e, conseqüentemente para o  $\hat{N}m$  (0,192).

O valor para  $\hat{R}_{ST}$  (0,156; IC<sub>95%</sub> 0,139 – 0,198;  $p = 0$ ) foi inferior ao  $\hat{G}_{ST}$ , mas foi elevado e significativo. O  $\hat{N}m$  estimado com o valor de  $\hat{R}_{ST}$  foi de 0,60 migrantes por geração. Assim como observado para o  $\hat{G}_{ST}$ , com a retirada dos locos Hc 40 e Hc 42 em virtude dos alelos nulos, o novo valor de  $\hat{R}_{ST}$  foi ligeiramente inferior (0,146; IC<sub>95%</sub> 0,127 – 0,193;  $p = 0$ ) já o valor encontrado para o  $\hat{N}m$  (0,650) foi ligeiramente superior. Valores parecidos foram encontrados para populações de *Hymenaea stigonocarpa* ( $\hat{G}_{ST} = 0,446$  e  $\hat{R}_{ST} = 0,327$ ) localizadas no estado de São Paulo e distantes cerca de 266 km (MORENO, 2009).

Com os altos valores de divergência genética ( $\hat{G}_{ST} = 0,366$  e  $\hat{R}_{ST} = 0,156$ ), que podem estar relacionados ao fluxo genético restrito e mutações genéticas nas populações, foi possível classificá-las como Unidades Independentes para o Manejo (UIM). Populações diferenciadas de uma mesma espécie não deveriam ser misturadas e requerem manejo genético separados (FRANKHAM; BADALOU; BRISCOE, 2008). As UIM permitem englobar as populações como reservatórios gênicos distintos, importantes para conservação (FRAZER; BERNATCHEZ, 2001). Dessa forma, assume-se formas independentes para o manejo e conservação de cada população, sem interferir em aspectos evolutivos de caráter regional, como a adaptabilidade local (PALSBOLL; BÉRUBÉ; ALLENDORF, 2007).

### 3.3 ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL

A população de Lábrea não apresentou estruturação genética espacial significativa para as três classes analisadas, mesmo com um índice de fixação significativo. A estruturação genética não significativa pode estar relacionada com a distribuição dos indivíduos dentro dessa população, pois árvores mais distantes geograficamente estão menos relacionadas geneticamente, num claro padrão de isolamento por distância (AZEVEDO, 2007b).

Ocorreu o mesmo para a população de Capixaba. O gráfico de correlação genética espacial obtido por meio do coeficiente de coancestria de Loiselle et al. (1995) entre pares de indivíduos, mostrou estruturação genética espacial não significativa para a espécie *Hymenaea courbaril* (FIGURA 7). Embora para a terceira classe de distância o valor do  $\hat{\theta}_{xy}$  tenha sido positivo (0,0007), a estimativa não foi significativa. Mesmo havendo endogamia significativa nas populações de Lábrea e Capixaba, as árvores que são relacionadas (aparentadas) não são as mais próximas entre si. Significa dizer que para essas populações não há uma tendência para que as árvores próximas sejam parentes. Já na população de Porto Acre, o gráfico de correlação genética espacial obtido por meio do coeficiente de coancestria de Loiselle et al. (1995) entre pares de indivíduos, mostrou uma forte estruturação genética espacial para a espécie *Hymenaea courbaril* dentro da população (FIGURA 7). Árvores localizadas a uma distância de até 1050 metros apresentam valores elevados e significativos ( $p < 0,05$ ) de  $\hat{\theta}_{xy}$ . Nessa população o coeficiente de coancestria na primeira classe de distância (até 140m) foi elevado ( $\hat{\theta}_{xy} = 0,227$ ), sugerindo que árvores espacialmente próximas são parentes no grau de irmãos completos. A forte estruturação parece ser característica da espécie, provavelmente devido a um processo dispersivo primário restrito (barocoria) (CASTELLEN, 2005) levando a crer que árvores mais distantes são geneticamente não relacionadas tendendo a um padrão de isolamento por distância.

A estruturação genética espacial tem ocorrido em diversas espécies arbóreas, tais como *Manilkara huberi* (AZEVEDO, 2007ab), *Carapa guianensis* (RAPOSO, 2007) e *Solanum lycocarpum* (MARTINS et al., 2006), *Eucalyptus globulus* (JONES, et al., 2007) e *Milicia excelsa* (BIZOUX, 2009). Em cinco populações de *Hymenaea*



*courbaril* distribuídas em São Paulo – SP e no Panamá, foi verificado uma forte estruturação genética espacial de até 3000 m (CASTELLEN, 2005).

Em uma população de *Hymenaea courbaril* na Floresta Nacional do Tapajós – PA, foi encontrada estrutura genética espacial para várias classes ontogenéticas (plântulas, juvenis e adultos) (LACERDA et al., 2008).

A estruturação genética está associada principalmente às características do sistema de reprodução das espécies (LOVELESS; HAMRICK, 1984). A organização espacial de populações locais e seus padrões concomitantes de fluxo gênico são fatores importantes para que uma espécie torne-se geneticamente diferente ao longo da sua distribuição geográfica (YEH, 1989).

No caso de populações que serão manejadas como as estudadas, a estruturação pode ser um fator chave para definir formas de preservar indivíduos que estão sob estruturação genética e os que não estão, o que pode ser realizado com a finalidade de preservar grande parte da variação genética existente (AZEVEDO, 2007b).

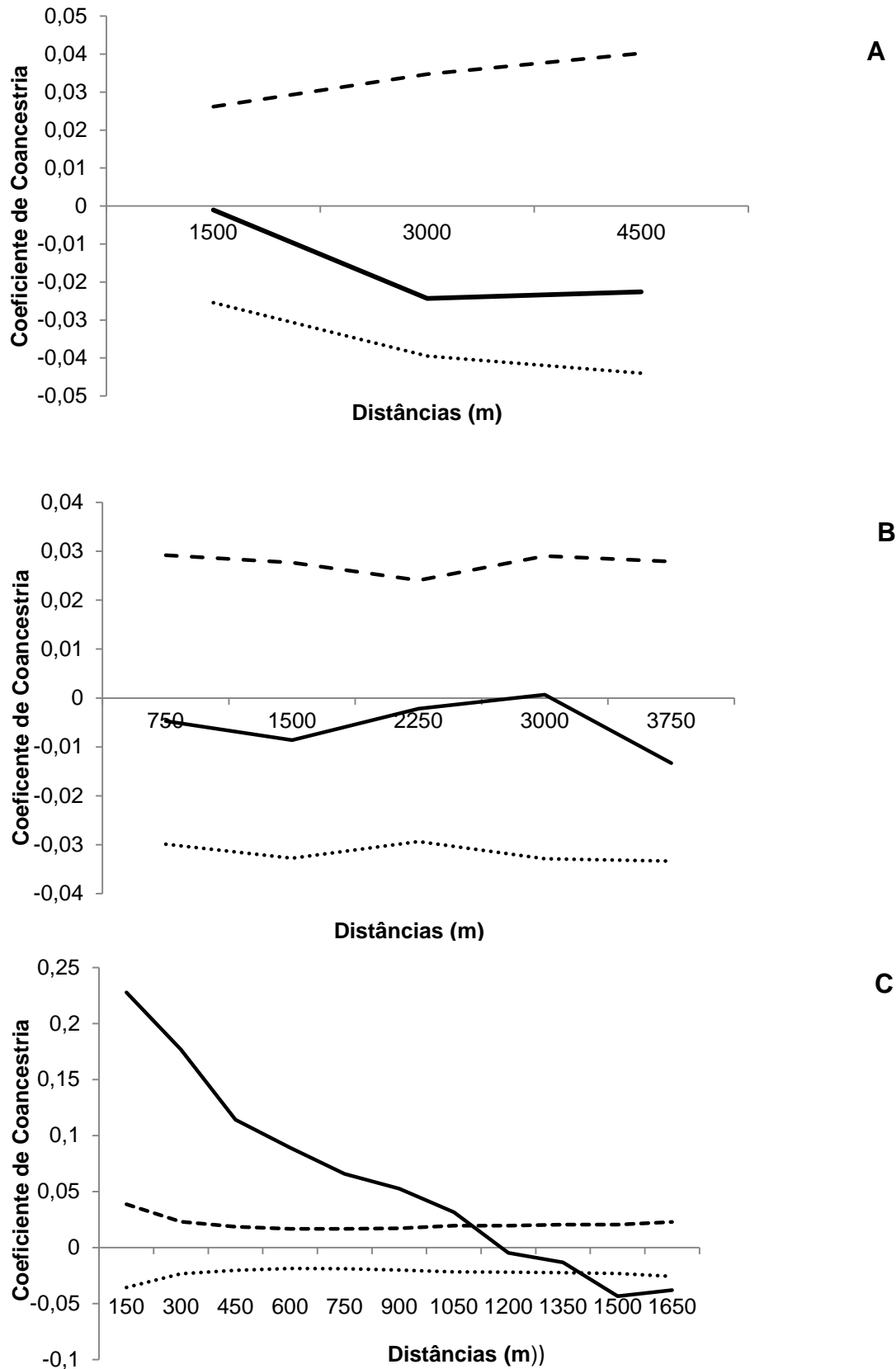


FIGURA 7- Representação gráfica do coeficiente de coancestria. **A** – População de Lábrea; **B** – População de Capixaba; **C** –População de Porto Acre, linhas tracejadas correspondem ao intervalo de confiança a 95%, linha contínua o coeficiente de coancestria

## 4 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste trabalho permitem concluir que:

- ✓ A estrutura populacional dos indivíduos para as três populações estudadas foi do tipo J invertido;
- ✓ A densidade de indivíduos para todas as classes diamétricas é muito baixa;
- ✓ A distribuição dos indivíduos nas populações foi do tipo uniforme;
- ✓ Houve uma elevada divergência genética entre as três populações;
- ✓ A espécie apresentou estrutura genética espacial dos genótipos de até 1050 m para a população de Porto Acre;

## REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, V. C. R. **Desenvolvimento e aplicações de microssatélites, análise de cpDNA e modelagem computacional para estudos da estrutura e dinâmica genética de maçaranduba – *Manilkara huberi* (Ducke) chev.** Sapotacea. 215f. 2007. Tese (doutorado em Biologia Molecular) – Universidade de Brasília, Brasília, 2007a.
- AZEVEDO, V. C. R.; MILTON, K.; CIAMPI, A. Y.; GRATTAPAGLIA, D. Genetic structure and mating system of *Manilkara huberi* (Ducke). A. Chev., a heavily logged Amazonian timber species. **Journal of Heredity**, v. 98, n. 7, p. 646-654, 2007b.
- BIZOUX, J. P.; DAÏNOU, N.; BOURLAND, N.; HARDY, O. J.; HEUERTZ, M.; MAHY, G.; DOUCET, J. L. Spatial genetic structure in *Milicia excelsa* (Moraceae) indicates extensive gene dispersal in a low-density wind-pollinated tropical tree, **Molecular Ecology**, v.18, p.4398-4408, 2009.
- CASTELLEN, M. da S. **Avaliação do estado de conservação de populações naturais de Jatobá (*Hymenaea courbaril*. L) por meio de análise de estrutura genética e correlação espacial.** 104f. 2005. Tese (doutorado em ecologia) - Escolar Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.
- CIAMPI, A. Y.; AZEVEDO, V. C. R.; RAMOS, A. C. S; LOVATO, M. B.; Isolation and characterization of microssatellite loco for *Hymenaea courbaril* and transferability to *Hymenaea stignocarpa*, two tropical species. **Journal compilation**, Jan. 2008.
- CHAPUIS, M-P.; ESTOUP, A. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. **Molecular Biology and Evolution**, v. 24, n.3, p. 621-631, 2007.
- CLARK, D. B.; CLARK, D, A. Abundance, growth and mortality of very large trees in neotropical low land rain forest. **For. Ecol. Management**, v.80, p. 235-244, 1996.
- CLARK, P. F.; EVANS, F. C. Distance to neighbor as a measure of spatial relationships in populations. **Ecology**, n. 35, p. 445-453, 1954.
- CONDIT, R.; ASHTON, P. S.; BAKER, P.; BUNYAVEJCHEWIN, S.; GUNATILLEKE, S.; GUNATILLEKE, N.; HUBELL, S. P.; FOSTER, R. B.; ITOH, A.; LAFRANKIE, J. V.; LEE, H. S.; LOSOS, E.; MANOKARAN, N.; SUKUMAR, R.; YAMAKURA, T. Spatial patterns in the distribution of tropical tree species. **Science**, v. 288, p. 1414, 2000.
- CRESTE, S. TULMANN NETTO, A. FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide. Gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, 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.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue, **Focus**, Rockville, v. 12, n. 1, p. 13-15, jan. 1987.

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

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

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos de Genética da Conservação**, Ribeirão Preto, SP: SBG (Sociedade Brasileira de Genética), 280p. 2008.

FRAZER, D. J.; BERNATCHEZ, L. Adaptive evolutionary conservation: towards a unified concept for defining conservation units. **Molecular Ecology**, Oxford, n.10, p. 2741-2752, 2001.

GOODMAN, S. J. R<sub>ST</sub>Calc: a collection of computer programs for calculating estimates of genetic differentiation from microsatellite data and determining their significance. **Molecular Ecology**, v.6, n.9, p.881-885, 1997.

GOUDET, J. F<sub>star</sub> Version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, 485-486, 1995.

HALL, P.; BAWA, K. Methods to Assess the Impact on Extraction of non-timber Tropical Forest products on Plant Population. **Economic Botany**, New York, v.47, n.3, p.234-247, 1993.

HARDY, O. J.; VEKEMANS, X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.

HEDRICK, P. W. A standardized genetic differentiation measure. **Evolution**, Lancaster, v. 59, n. 8, p. 1633-1638, 2005.

HUBBELL, S. P. Tree dispersion, abundance, and diversity in a tropical dry forest. **Science**, v. 203, p. 1299-1309, march 1979.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS. **Instrução normativa, Lei nº 11.284/2006**. Disponível em: <http://www.ibama.gov.br/recursos-florestais/wp-content/files/038-IN0002-100806.pdf>. Acesso em julho de 2010.

JONES, T. H.; VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M. Detection and visualization spatial genetic structure in continuous *Eucalyptus globulus* forest, **Molecular Ecology**, v.16, p.697-707, 2007.

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

LACERDA, A. E. B. de.; KANASHIRO, M.; SEBBEN, A. M. Effects of reduced impact logging on genetic diversity and spatial genetic structure of a *Hymenaea courbaril* population in the Brazilian Amazon Forest. **Forest Ecology and Management**, v.255, p.1034-1043, 2008.

LEDIG, F. T. Human impacts on genetic diversity in forest ecosystems. **Oikos**, v. 63, p. 87-108, 1992.

LIMA, J. G. B de. **Ecologia populacional de sete espécies madeiras ocorrentes no Sudoeste da Amazônia**. 117f. 2008. Dissertação (Mestrado em ecologia e manejo de recursos naturais) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2008.

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**, St. Louis, v. 82, n. 11, p. 1420-1425, 1995.

LOVELESS, M. D., HAMRICK, J. L.,. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics** v.15, p.65–95, 1984.

MARTINS, K.; CHAVES, L. Y.; BUSO, G. S. C; KAGEYAMA, P. Y. Mating systems 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.

MAUÉS, M. M. **Estratégias para o manejo e conservação florestal: Floresta Nacional do Tapajós** (Belterra - PA). 218f. 2006. Tese (Doutorado em Ecologia) Universidade de Brasília, Brasília, 2006.

MORENO, M. A. **Estrutura genética e diversidade clonal de Jatobá-do-Cerrado (*Hymenaea stiginicarpa* Mart. ex Hayne) em duas populações no Cerrado do Estado de São Paulo**. 115f. 2009. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1979.

PASBOLL, P. J.; BÉRUBÉ, M.; ALLENDORF, F. W. Identification of management units using population genetic data. **Trends in Ecology e Evolution**, Amsterdam, v. 22, n.1, p. 11-16, 2007.

PETERS, C. M. **Aprovechamiento sostenible de recursos no maderables en bosque húmedo tropical: un manual ecológico**. Washinton : Serie General del

Programa de Apoyo a la Biodiversidad, nº 2. Biodiversity Support Program Corporate Press, Landdover, M.D., 1996.

PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E. **Biologia da conservação**. Londrina: planta, 2001. 327p.

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

RAJORA, O. P.; PLUHAR, S. A. Genetic diversity impact of forest fire, forest harvesting and alternative refloretation proctives in black spruce (*Picea mariana*) **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, p . 1203-1212. 2003.

RAPOSO, A. **Estrutura genética e fluxo gênico de populações naturais de andiroba (Crapa guianensis Aubl., Meliaceae) visando o manejo e a conservação da espécie**. 2007. 152f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

REIS, M.S.; FANTINI, A.C.; NODARI, R.O.; REIS, A.; GUERRA, M.P.; MANTOVANI, A. Management and conservation of natural populations in Atlantic Rain Forest: the case study of palm heart (*Euterpe edulis* Martius). **Biotropica**, Washington, v.32, n.4b, p.894-902, 2000.

SEBBENN, A. M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, M. B.; LACERDA, A. E. B. de.; CIAMPI, A. Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F.da. S.; THOMPSON,I.; LOVELESS, M. D. Modelling the long-term impacts of slective logging on genetic diversity and demografic structure of four tropical tree species in the Amazon forest, **Forest Ecology e Manegement**, p. 1-16, 2007.

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

STATISTICAL PACKAGE FOR THE SOCIAL SCIENCES. **SPSS Studente**: Version1.6 for Windows, jan, 2008.

TOLEDO, M. R. **Modelagem espacial do fluxo gênico de sementes de Jatobá (Hymenaea courbaril), através de marcadores ,oleculares, na paisagem fragmentada do Pontal do Paranapanema, SP**. 73f. 2005. Tese (doutorado em recursos florestais) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2005.

YER, F. C. H, Isozyme analysis for revealing population structure for use in breeding strategies, In: GIBSON, G. I.; GRIFFIN, A. R.; MATHESON, A. C. (Ed) **Proceedings of the conference on breeding tropical trees**: Population Structure and geneticimprovement strategies in clonal and seedling forestry, Oxford: Oxford forestry institute, p. 119-131, 1989.

WADT, L. H. O.; KAINER, K. A.; GOMES-SILVA, D. A. P. Population structure and nut yield of a *Bertholletia excelsa* stand in Southwestern Amazonia. **Forest Ecology and Management**, v. 211, p. 371-384, 2005.

WRIGHT, J. W. Evolution in mendelian populations. **Genetics**, v. 16, p. 97-159, 1931.



## 4 CAPITULO II

RESILIÊNCIA DO JATOBÁ À EXPLORAÇÃO MADEIREIRA NA AMAZÔNIA SUL-  
OCIDENTAL

## RESUMO

A Amazônia brasileira apresenta uma grande vocação florestal, no entanto a complexidade das florestas no que diz respeito à variedade de espécies e potencial ecológico e silvicultural apresenta-se como um desafio tanto para a conservação como para o uso sustentável. A demanda por madeira da Amazônia surgiu após o esgotamento das florestas das regiões sul e sudeste, dentre as muitas espécies com potencial madeireiro existente na Amazônia, o jatobá (*Hymenaea courbaril*) é uma espécie intensamente explorada, devido à qualidade da sua madeira. O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar o impacto do manejo florestal sustentável, seguindo as diretrizes brasileiras, sobre a densidade, área basal e diversidade genética de jatobá. O estudo foi realizado no período de 2008 a 2009 na região Sul-Occidental da floresta Amazônica Brasileira, em três propriedades particulares (fazendas), localizadas no município de Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre - AC. A coleta de dados foi feita em talhões de exploração florestal. Foi calculada a área basal e a densidade de indivíduos por hectare para cada talhão antes e depois da exploração pelo manejo. A diversidade genética foi analisada pela frequência de alelos, o índice de fixação e a heterozigosidade esperada. O número de indivíduos antes da exploração madeireira foi variável para as três populações, todas apresentaram uma baixa densidade de indivíduos. As maiores áreas basais foram encontradas em Porto Acre e Capixaba. Após o manejo houve uma redução significativa da área basal para todas as populações, porém a que mais sofreu com a perda da área basal foi a população de Porto Acre. Com relação à diversidade genética, houve uma redução no número total de alelos para todas as populações, a heterozigosidade continuou com os mesmos valores para as populações após o manejo. Esses resultados levam a crer que a redução do tamanho populacional pode levar a erosão genética, especialmente com a perda de alelos raros. Algumas espécies florestais comercialmente exploradas (como jatobá) podem ter sua sustentabilidade e potencial evolutivo ameaçados pelo manejo por ainda existirem falhas nesse método de exploração.

**Palavras-chave:** *Hymenaea courbaril*, Manejo Florestal Sustentável, Diversidade Genética, Densidade, Área Basal

## ABSTRACT

The Brazilian Amazon forest has a great potential, however the complexity of forests regarding the variety of species and ecological and silvicultural presents itself as a challenge both for conservation and for sustainable use. The demand for wood from the Amazon arose after the depletion of forests in South and Southeast regions, among the many species with timber potential existing in the Amazon, jatoba (*Hymenaea courbaril*) is a species heavily exploited because of the quality of its timber. The present work was to evaluate the impact of sustainable forest management, following the Brazilian guidelines on density, basal area and genetic diversity of jatoba. The study was conducted from 2008 to 2009 in south-western Brazilian Amazon forest, in three particular properties (farms) located in the municipality of Lábrea, in Amazonas state and the municipalities of Capixaba and Porto Acre in Acre. data collection was done in plots of forestry. It was calculated the basal area and density of individuals per hectare for each plot before and after the exploration by management. Genetic diversity was analyzed by allele frequency, the fixation index and expected heterozygosity. The number of individuals before logging was different for the three populations, all with a low density of individuals. The largest areas were found in basal Capixaba and Porto Acre. After handling a significant reduction of basal area for all populations were observed, but which suffered most from the loss of basal area was the population of Porto Acre. With respect to genetic diversity, a reduction in the total number of alleles for all populations, heterozygosity continued with the same values for the populations after management. These results suggest that the reduction in population size can lead to genetic erosion, especially with the loss of rare alleles. Some species commercially exploited forests (such as jatoba) can be sustainability and evolutionary potential threat from management failures still occur by this method of exploitation.

**Keywords:** *Hymenaea courbaril*, Sustainable Forest Management, Genetic Diversity, Density, Basal Area

## 1 INTRODUÇÃO

A Amazônia brasileira apresenta uma grande vocação florestal, no entanto a complexidade das florestas no que diz respeito à variedade de espécies e potencial ecológico e silvicultural apresenta-se como um desafio, tanto para a conservação como para o uso sustentável.

A demanda por madeira oriunda da Amazônia tem se intensificado cada vez mais, especialmente pelo esgotamento das florestas das regiões sul e sudeste (AZEVEDO, 2007).

Apesar da exploração madeireira ser uma prática comum em florestas tropicais, as relações ecológicas e genéticas entre espécies e entre populações de uma mesma espécie, respectivamente, ainda permanecem pouco conhecidas. Esta falta de conhecimento reflete na ineficiência de se quantificar os impactos do manejo florestal na estrutura populacional e diversidade genética, além dos aspectos ecológicos e dendrométricos da floresta como um todo (LACERDA, et al., 2008a).

De uma maneira geral, as estratégias de manejo são definidas de forma arbitrária, considerando espécies diferentes como se fossem iguais (AZEVEDO, 2007). O que geralmente ocorre é o agrupamento de espécies em função de suas características comerciais, no entanto, a dinâmica e ecologia dessas espécies podem ser diferentes, o que implica em crescimento, mortalidade e reprodução diferenciados. Essas diferenças têm papel crucial na reconstituição futura dos estoques exploráveis.

Um estudo de simulação de cenários de manejo florestal feito com quatro espécies arbóreas que apresentam diferentes características ecológicas (*Bagassa guianensis*, *Hymenaea courbaril*, *Manilkara huberi* e *Symphonia globulifera*) demonstrou que cada uma delas responde de forma diferente para as atuais práticas do manejo sustentável. Para uma intensidade de corte em que 90% das árvores com DAP maior que 45 cm (55 cm para *Hymenaea*) são extraídas, o ciclo de corte para que haja reposição da área basal extraída foi de 121, 143, 146 e 40 anos para *Bagassa guianensis*, *Hymenaea courbaril*, *Manilkara huberi* e *Symphonia globulifera*, respectivamente (SEBBENN et al., 2007). Os autores concluem que nenhuma prática de manejo pode ser usada para a floresta como um todo, mas ao contrário,

as estratégias devem ser espécie-específico, considerando não apenas condições de crescimento, mas também variáveis ecológicas e reprodutivas.

Seguindo esse raciocínio, o presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar o impacto do manejo florestal sustentável, seguindo as diretrizes brasileiras, sobre a densidade, área basal e diversidade genética de *Hymenaea courbaril*.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 ÁREA DE ESTUDO E AMOSTRAGEM

O estudo foi realizado no período de 2008 a 2009 na região Sul-Occidental da floresta Amazônica Brasileira, em três propriedades particulares (fazendas) localizadas no município de Lábrea, no Estado do Amazonas (AM) e nos municípios de Capixaba e Porto Acre, no Estado do Acre (AC) (TABELA 5 e FIGURA 8). Nos municípios de Lábrea – AM e Capixaba – AC, as coletas foram realizadas nos meses janeiro e março antes da exploração madeireira, depois da exploração as coletas foram feitas nos meses de agosto e setembro de 2008, em Porto Acre foram feitas em março e agosto, sendo o primeiro mês antes da exploração e o segundo mês depois. A coleta de dados foi feita em talhões de exploração florestal. O manejo florestal aplicado nestas áreas segue as diretrizes da lei nº11284/06 art.3 (IBAMA, 2006).

TABELA 5 – Área total das fazendas e os respectivos talhões de coleta

Município	Posição Geográfica		Área total da fazenda (ha)	Talhão de coleta (ha)
Lábrea/AM	UTM 8959104	19L 082044	8000	428
Capixaba	UTM 8835940	19L 0610821	2200	1000
Porto Acre/AC	19L 8944993	19L 6448950	1500	328

Além das árvores de jatobá mapeadas para a exploração (DAP > 45 cm, cujos dados de mapeamento foram disponibilizados pelos proprietários das fazendas), foram mapeadas e tomados dados de diâmetro a altura do peito (DAP) e altura para

todos os jatobás com DAP  $\geq$  5 cm. Os indivíduos que não eram jatobá mais que estavam na lista do manejo como sendo da espécie foram eliminados. Para as análises genéticas foi coletado amostra de câmbio de todas as 160 árvores de jatobá encontradas e devidamente mapeadas. No caso em que a árvore já havia sido explorada também foi coletado o câmbio do tronco remanescente, pois a exploração havia sido recente.

As amostras de câmbio caulinar foram obtidas pela retirada de uma pequena quantidade desse tecido com o auxílio de um formão (ferramenta utilizada para entalhar madeira) e uma pinça de aço inox. Imediatamente após a coleta, o câmbio foi imerso em microtubos contendo 1,0 ml de tampão de transporte (30% de tampão de extração CTAB a 2%: 70% Etanol) e levadas para o Laboratório de Morfologia e Biologia Molecular (LABMOL) da Embrapa Acre onde foram armazenadas a  $-20^{\circ}\text{C}$  para posterior extração de DNA.



FIGURA 8 – Mapa geral mostrando os municípios (Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre – AC) e a posição relativa das populações estudadas

## 2.2. CRITÉRIOS DE MANEJO

O manejo florestal feito em Lábrea e Capixaba foi de baixo impacto, com intervalo de corte de 30 anos (cada ciclo) e a intensidade de corte de  $13 \text{ m}^3/\text{ha}^{-1}$ . Para Porto Acre, o sistema de manejo usado foi o modelo digital de exploração florestal, com intervalo de corte de 30 anos, intensidade de corte de  $14,5 \text{ m}^3/\text{ha}^{-1}$  utilizando técnicas de manejo de precisão.

## 2.3 ANÁLISES GENÉTICAS LABORATORIAIS

A extração do DNA genômico foi realizada no LABMOL, utilizando o protocolo CTAB 2% (DOYLE; DOYLE, 1987) adaptado por Ferreira e Grattapaglia (1998) sendo que o tecido caulinar foi macerado, usando um macerador automático de tecidos (Tissue Lyser® Qiagen) por 1min 30s e frequência de 30 Hertz.

Depois de extraído, o DNA genômico foi quantificado, em eletroforese submarina com gel de agarose (1%) , por meio da análise comparativa de cada amostra com o DNA padrão fago  $\lambda$  de peso molecular conhecido (10 a 200 ng). Após a quantificação (FIGURA 15), o DNA foi diluído em água MiliQ para  $2,5 \text{ ng}/\mu\text{L}$ , para posterior análise dos marcadores microssatélites, em eletroforese vertical em gel de poliacrilamida (5%) e coloração das bandas com nitrato de prata.

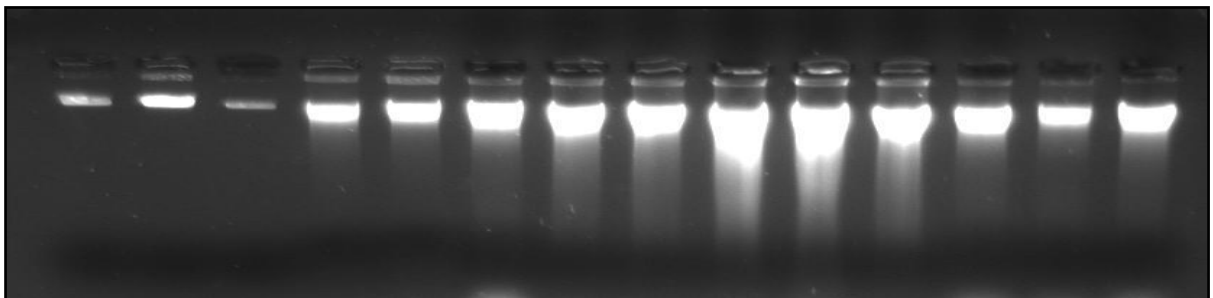


FIGURA 9 – Quantificação de DNA extraído de câmbio caulinar de *Hymenaea courbaril*, em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. As duas bandas da esquerda equivalem aos marcadores de peso molecular  $\lambda$  de 50 e 100 ng/uL.

Para as análises genéticas foram utilizados oito pares de iniciadores SSR, sendo seis desenvolvidos para *Hymenaea courbaril* por Ciampi et al. (2008), e

outros dois ainda não publicados desenvolvidos pela Embrapa - CENARGEN (TABELA 6).

TABELA 6 - Locos Microssatélites (SSR) com repetição em série, as seqüências dos iniciadores e as amplitudes alélicas

Locos	Repetição em série	T <sub>a</sub> °C	Seqüência de Primer ( 5' - 3')
Hc12	(TC) <sub>21</sub>	58	F: TGTTCOAATTTATGTCCATGGTT R: TGGATGGTTGTGAAGAAAAGG
Hc14	(TC) <sub>17</sub>	56	F: CATTCTGCCATCGGTAGGTT R: TCACCCAAACAGGAGTGAA
Hc25	(TC) <sub>26</sub>	54	F: TGCAATTCGACTTCTTGTT R: GGTCAAAGAAAATGCTGGCT
Hc 33	(AG) <sub>16</sub>	56	F: GAACAAATCAACTTTCTTTGAAGC R: TTGACGCTTATTTTGCACCA
Hc 40	(AG) <sub>26</sub>	56	F: CCTCTCTCCCAAATTCACGA R: TGCAATAGAATTTCCGAGGC
Hc 42	(CA) <sub>5</sub> T(AG) <sub>19</sub>	56	F: TGGCTAAAAGTTGGGAGGGT R: TTCCCCCTTTTCATGTTGTC
Hc 35 <sup>1</sup>	-	56	F: CTTGCACCTTTCACCCATTT R:CTCTTTGCTTCCCTCTCCCT
Hc 49 <sup>1</sup>	-	54	F: CCACCTCTCTCCACCCAATA R: TCCGGGAACTGCTTAATTTG

1- não publicado; \* Temperaturas de anelamento encontradas para este estudo

As reações de amplificação dos fragmentos de DNA foram feitas por reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando volume final de 13 µl em termociclador MJ Research 96+. O protocolo de amplificação foi de: 94°C por 5 minutos, 30 ciclos de 94°C por 1 minuto, temperatura de hibridação específica de cada par de iniciadores por 1 minuto, 72°C por 1 minuto, terminando com 72°C por 5 minutos.

Após a reação de PCR, os fragmentos amplificados foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida a 5%, em cuba vertical contendo tampão TBE 1X sob 1600 volts e 40 mili-Amperes, por uma hora. Após a eletroforese, os fragmentos observados na forma de bandas, foram corados com nitrato de prata, segundo o protocolo desenvolvido por Creste et al. (2001). A interpretação dos fragmentos amplificados foi realizada visualmente por meio de comparação com marcador de peso molecular padrão (10-pb "Ladder" Invitrogen ®). Os fragmentos que apresentaram diferentes pesos moleculares foram considerados alelos diferentes.



## 2.4 ÁREA BASAL E DENSIDADE DE INDIVÍDUOS

Para cada talhão de exploração foi calculado a área basal ( $m^2 \cdot ha^{-1}$ ) das árvores de jatobá antes e depois da exploração utilizando a seguinte fórmula:

$$AB = 0,005454 \times (DAP)^2$$

A densidade de árvores e a distribuição dos jatobás em classes de tamanho (DAP) também foram avaliadas em cada talhão, considerando antes e depois da exploração.

Esses dados foram obtidos para verificar se houve diferença na estrutura populacional depois da exploração, comparando-se os três locais de manejo com seus respectivos sistemas de exploração.

## 2.5 DIVERSIDADE GENÉTICA

Foram calculados o número total de alelos e as freqüências alélicas para os oito locos microssatélites (SSR) nas três populações, considerando as situações antes e depois da exploração. As freqüências alélicas foram estimadas por:

$$P_{ij} = n_{ij} / n_{.j}$$

em que  $P_{ij}$  = freqüência do alelo  $i$  na população  $j$ ;  $n_{ij}$  = número de ocorrência do alelo  $i$  na população  $j$ ;  $n_{.j}$  = número total de alelos amostrados na população  $j$ , com o uso do programa FSTAT (GOUDET, 1995). Com uso dessas informações, obteve-se a quantidade de alelos com freqüência inferior a 0,05 e a 0,10 nas três populações antes e depois da exploração para avaliar o impacto da redução no número de árvores sobre a diversidade alélica.

A diversidade genética das populações foi analisada pela heterozigosidade esperada pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $\hat{H}_e$ ) número médio de alelos por loco ( $\hat{A}$ ) e índice de fixação de Wright ( $\hat{f}$ ) que é o valor individualizado por população, e mede o desvio da proporção de heterozigotos esperado segundo o Equilíbrio de Hardy Weinberg (EHW) dentro da população, ou pode-se dizer que é o índice de fixação de alelos dentro da população. O valor desse índice varia entre -1 e 1, sendo zero o valor encontrado para uma população em EHW. Essas estimativas foram

obtidas a partir do programa GDA (LEWIS; ZAYKIN, 2002). Esses estimadores foram calculados considerando as árvores presentes antes e depois da exploração.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 ÁREA BASAL E DENSIDADE DE INDIVÍDUOS

A densidade de indivíduos foi variável entre as populações. O mapeamento de novas árvores de jatobá, além do realizado para o manejo florestal, possibilitou a inclusão de dois novos indivíduos (DAP > 45 cm) na fazenda de Capixaba e Lábrea, e a verificação de que, em Porto Acre, foram mapeados 13 indivíduos como jatobá, mas que eram de outra espécie.

Nos inventários para planos de manejo, ainda é comum o erro na identificação das espécies, mascarando o verdadeiro potencial da floresta e também aumentando o risco de impacto negativo nas populações. Na Amazônia ocorrem duas espécies do gênero *Hymenaea* bastante semelhantes que, na maioria das vezes causa confusão para os manejadores. Trata-se do jutaí ou jutaí mirim e do jatobá. A imprecisão na identificação das espécies pode trazer danos genéticos, reprodutivos e na densidade populacional. Alguns indivíduos, por exemplo, podem ser tratados como porta sementes de uma espécie podendo ser de outra espécie.

Em florestas da Região do Vale do Rio Acre, as densidades de jatobá são muito variáveis. Na RESEX Chico Mendes, há relatos de 0,05 ind.ha<sup>-1</sup> (CTA, 1999); no PAE Santa Quitéria, de 0,25 ind.ha<sup>-1</sup> (FUNTAC, 1996) e na Floresta Estadual do Antimary, 0,68 ind.ha<sup>-1</sup> (FUNTAC, 1990).

TABELA 7 - Estimativas do número de indivíduos, densidade, diâmetro médio e porcentagem de indivíduos explorados para *Hymenaea courbaril* nas três populações estudadas

Populações	Nº árvores	árvores DAP>45cm (%)	Densidade (ha <sup>-1</sup> )	Diâmetro (médio)	indivíduos explorados (%)*
Lábrea	34	64,7	0,079	78,95 (24,0)	23,5
Capixaba	44	95,4	0,044	87,57 (25,2)	36,3
Porto Acre	82	100	0,25	79,36 (15,9)	48,7

Valores entre ( ) equivalem ao desvio padrão; \* porcentagem calculada a partir do número total de árvores

As densidades encontradas neste estudo também mostram-se baixas para o jatobá (TABELA 7 ; FIGURA 10). Após o corte seletivo, os valores da densidade caíram para todas as populações, porém, para a Porto Acre foi elevada em virtude do número de indivíduos explorados.

Esses estudos revelam que mesmo em diferentes populações, a espécie é de baixa densidade, daí a necessidade de se fazer uma exploração sustentável e com precisão taxonômica, para que não haja excesso da exploração madeireira que pode levar a espécie ao desaparecimento pela retirada de indivíduos que completariam o ciclo reprodutivo (ALVINO et al., 2005). Mudanças na densidade de indivíduos adultos nas áreas manejadas, podem alterar o movimento de pólen e outras funções reprodutivas entre os indivíduos residuais (LOVELESS; HAMRICK, 1984.; ROSSETTO et al., 2004)

Como esperado, as maiores áreas basais foram observadas nas populações com maior número de indivíduos. Ao considerar a área basal por árvore, entretanto, esse valor foi superior em Capixaba (43,37 m<sup>2</sup>), seguido de Porto Acre (32,12 m<sup>2</sup>). Em Lábrea, a área basal por indivíduo foi de 25,84 m<sup>2</sup>. A população de Lábrea, mesmo tendo apenas dez indivíduos a menos que Capixaba, apresentou uma área basal bem menor que a dessa. Explicando porque em Lábrea existem menos árvores de grande porte que em Capixaba.

O número de remanescentes após o primeiro ciclo de corte da exploração madeireira foi de 76,5% para a população de Lábrea, 63,7% para Capixaba e de 51,3% em Porto Acre. Esses valores foram diferentes em virtude do número de indivíduos com DAP > 45 cm e pela densidade por hectare de cada população. A população de Porto Acre foi a mais explorada por possuir maior número de indivíduos com diâmetro para corte e maior densidade (TABELA 8). Houve uma redução de 32,4% na área basal na população de Lábrea, 42,5% na área basal da população de Capixaba e 52,2% na população de Porto Acre (FIGURA 11).

As dimensões alcançadas (altura e DAP), combinadas com as boas características físicas da madeira, fazem do jatobá uma das mais valiosas e mais intensamente exploradas espécies madeireiras da Amazônia brasileira (LACERDA et al., 2008b).

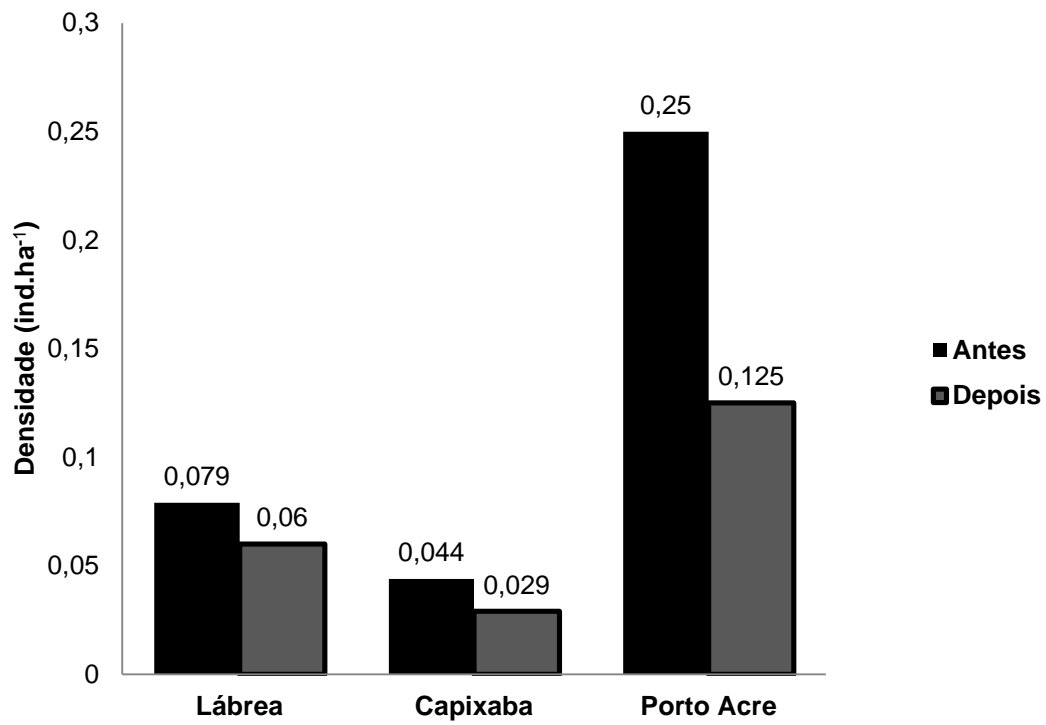


FIGURA 10 – Densidade de indivíduos antes e depois do manejo florestal para as populações de jatobá

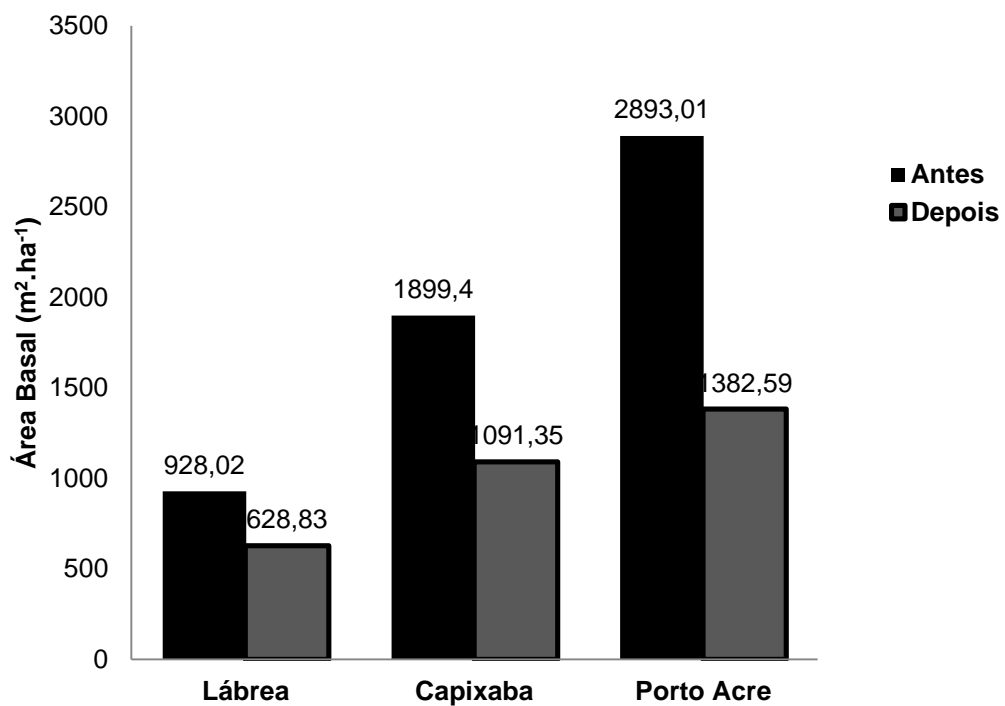


FIGURA 11 – Média da área basal dos indivíduos antes e depois do manejo florestal para as populações de jatobá

O manejo florestal está baseado no volume de madeira explorado, não necessariamente pretende-se explorar indivíduos da mesma espécie em ciclos consecutivos, porém quando isso acontece há uma perda brusca de grande volume da área basal e no número de indivíduos.

Estudos com modelos de simulação de exploração florestal realizados por Sebbenn et al. (2007), na Floresta Nacional do Tapajós –PA , revelaram que a exploração de indivíduos de jatobá com DAP superior a 45 cm, após seis ciclos de corte com intervalos de 30 anos, resultou numa perda significativa da área basal, chegando a 70% em relação ao volume da população inicial.

Simulações feitas com maçaranduba (*Manilkara huberi*) na Floresta Nacional do Tapajós – PA, que consideraram os parâmetros nacionais (ciclo de corte de 30 anos e limite de corte de DAP >45 cm), mostraram que após 305 anos há uma perda de 34,7% das árvores e 80,6% da área basal (AZEVEDO, 2007). Em simulações feitas com Ipê roxo (*Tabebuia impetiginosa*) também no estado do Pará, foi visto que após o primeiro corte, todas as árvores sobreviventes na época do segundo corte, deveriam ser poupadas, como potenciais fontes de sementes por não terem atingindo o DAP mínimo de corte (SCHULZE et al., 2005).

Esses estudos mostram que é improvável que alguma espécie proporcione uma colheita de 90% de árvores adultas com ciclos de corte a cada 30 anos. Dependendo da espécie, a partir do segundo ciclo de corte, o custo da exploração padrão não é mais vantajoso, uma vez que pouco ou nada poderá ser retirado da floresta. É desvantajoso no sentido de que haverá pouca madeira disponível para o grande investimento do setor madeireiro (AZEVEDO, 2007).

Um sistema silvicultural que mantém a estrutura da floresta, mas reduz o número de espécies madeireiras nobres, é preferível à exploração predatória, mas não constitui manejo florestal sustentável (SCHULZE et al., 2005).

Esses estudos revelaram a necessidade de rodízios exploratórios que visem a busca por novas espécies que também possuam características madeireiras semelhantes a dessas espécies intensamente exploradas. Novas espécies já estão sendo manejadas e aceitas no setor madeireiro.

### 3.2 DIVERSIDADE GENÉTICA

Houve uma diminuição no número total de alelos para todas as populações após o manejo, sendo mais acentuado na população de Porto Acre, que foi a população mais intensamente explorada (TABELA 9). A maior porcentagem de alelos perdidos foi na frequência 0,05 (FIGURA 12). Por apresentarem uma baixa frequência são mais facilmente perdidos numa população que sofreu redução no número de indivíduos.

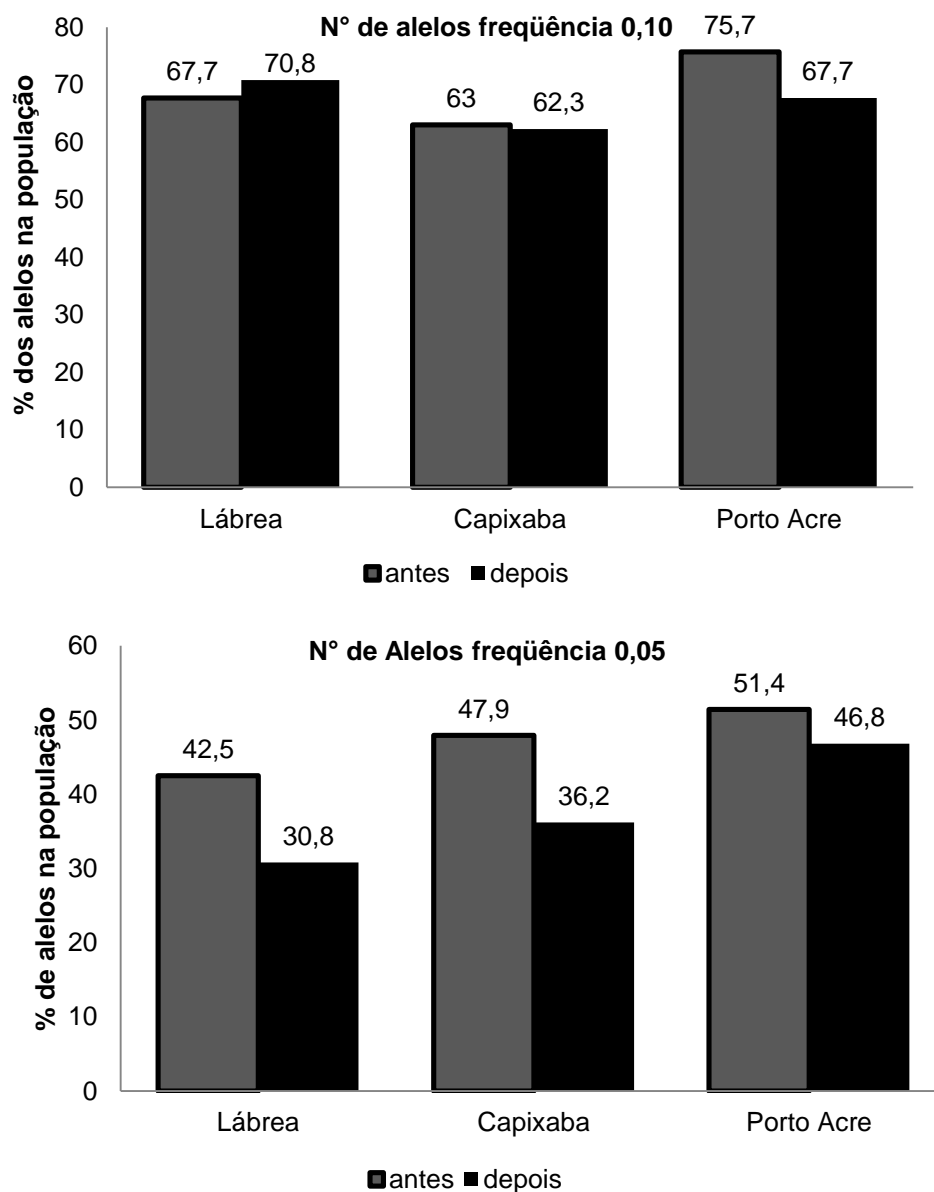


FIGURA 12 - Alteração na porcentagem de alelos raros para as populações de Lábrea, Capixaba e Porto Acre antes e após a exploração madeireira

TABELA 8 – Número de indivíduos e alelos antes e depois exploração madeireira para três populações de *Hymenaea courbaril*

População	Lábrea		Capixaba		Porto Acre	
	Antes	Depois	Antes	Depois	Antes	Depois
Nº de indivíduos	34	26	44	29	82	41
Nº total de alelos	73	65	73	69	74	62
Nº médio de alelos (erro padrão)	9,13 (1,47)	8,50 (1,36)	9,10 (1,60)	8,75 (1,46)	9,25 (2,39)	8,00 (2,06)

Valores entre parênteses equivalem a porcentagem do nº de alelos

A heterozigidade continuou com os mesmos valores após o manejo florestal para todas as populações estudadas, sugerindo que a retirada de indivíduos dessas áreas não afeta diversidade gênica (TABELA 8). Isso pode ter ocorrido em virtude da perda de alelos raros, que possuem baixa frequência e não tem contribuição significativa na estimativa da diversidade gênica.

O índice de fixação manteve-se elevado e significativo para as populações de Lábrea e Capixaba após o manejo, indicando um excesso de homozigotos nas populações. Na população de Porto Acre, o  $\hat{f}$  manteve-se não significativo (TABELA 9).

TABELA 9 – Diversidade genética e coeficiente de endogamia para três populações de *Hymenaea courbaril* antes e depois da exploração madeireira

População	Lábrea		Capixaba		Porto Acre	
	Antes	Depois	Antes	Depois	Antes	Depois
Exploração						
$\hat{H}_e$ (EP)	0,713 (0,130)	0,709 (0,104)	0,728 (0,080)	0,743 (0,074)	0,651 (0,080)	0,645 (0,085)
$\hat{f}$	0,143*	0,130**	0,171*	0,158**	0,003 <sup>ns</sup>	0,003 <sup>ns</sup>

$\hat{H}_e$  = Heterozigidade esperada ou diversidade gênica (EP= erro padrão);  $\hat{f}$  = índice de fixação; \* Significativo a  $p < 0,05$ ; \*\* Significativo a  $p < 0,02$

Dependendo da intensidade da exploração madeireira e da densidade de indivíduos explorados, o número de indivíduos reprodutivos pode ser reduzido, aumentando o risco de erosão genética, especialmente pela perda de alelos raros (WHITE et al., 2002; DEGEN, et al., 2006).

A exploração florestal reduz o número médio de indivíduos na população residual, tornando-se reprodutivamente isolada, aumentando a endogamia e diminuindo a produção de sementes (DEGEN et al., 2006).

Diversos trabalhos detectaram o efeito negativo da exploração madeireira na diversidade genética das espécies. Em estudos com *Tabebuia cassinoides* foi observado perda de alelos e redução das heterozigosidades esperadas e observadas, e conseqüente aumento do índice de fixação com a exploração madeireira em populações naturais (SEBBENN et al., 2000). Na Floresta Nacional do Tapajós/PA, para uma população de *Hymenaea courbaril*, foi verificado que existem diferenças genéticas entre as diferentes fases ontogenéticas da população. Além disso, os resultados mostram que a exploração de impacto reduzido afeta os níveis de diversidade genética e estrutura genética espacial da população (LACERDA, et al., 2008).

Simulações feitas com as espécies *Docorynia guianensis*, *Sextoxia rubra*, *Symphonia globulifera*, *Vouacapoua americana* na Guiana Francesa após o período final de ciclos de exploração (ciclos de 65 anos) demonstraram diminuição no número de genótipos e perda de alelos para três das quatro espécies. Porém, a diversidade gênica ( $\hat{H}_e$ ), o índice de fixação ( $\hat{f}$ ) e o número médio de alelos não apresentou diferença significativa após os ciclos de corte (DEGEN et al., 2006). Os mesmo resultados foram obtidos pelo presente trabalho, como exceção do número médio de alelos, que não foi calculado.



## 4 CONCLUSÕES

Concluiu-se para o presente trabalho que:

- ✓ As maiores áreas basais foram encontradas nas fazendas de Capixaba e Porto Acre;
- ✓ Houve uma diminuição na densidade de indivíduos e na área basal da espécie após o corte seletivo, principalmente para a população de Porto Acre;
- ✓ O corte seletivo causou perda de alelos, principalmente nos de baixa frequência;
- ✓ A espécie mostrou-se resiliente para o manejo de baixo impacto aplicado nas populações estudadas, por manter os mesmos níveis de diversidade gênica e do índice de fixação após a exploração madeireira.

## REFERÊNCIAS

- ALVINO, P. de O.; SILVA, M. F. F. da; RAYOL, B. P. Potencial de uso das espécies arbóreas de uma floresta secundária, na Zona de Bragantina, Pará, Brasil. **Acta Amazônica**, Manaus, v. 35, n.4, p. 413-420, 2005.
- AZEVEDO, V. C. R. **Desenvolvimento e aplicações de microssatélites, análise de cpDNA e modelagem computacional para estudos da estrutura e dinâmica genética de maçaranduba – *Manilkara huberi* (Ducke) chev.** Sapotacea. 215f. 2007. Tese (doutorado em Biologia Molecular) – Universidade de Brasília, Brasília, 2007.
- BAWA, K. S. Breeding systems of tree species of a lowland tropical community. **Evolution**, Lancaster, v. 28, p. 85-92, 1974.
- CENTRO DOS TRABALHADORES DA AMAZÔNIA-CTA. **Manejo Florestal Comunitário em Regime de Rendimento Sustentável, no Projeto de Assentamento Agroextrativista Chico Mendes. V.I I. Xapuri/AC**, 1999.
- CIAMPI, A. Y.; AZEVEDO, V. C. R.; RAMOS, A. C. S; LOVATO, M. B.; Isolation and characterization of microssatellite loco for *Hymenaea courbaril* and transferability to *Hymenaea stignocarpa*, two tropical species. **Journal compilation**, Jan. 2008.
- CRESTE, S. TULMANN NETTO, A. FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide. Gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, p. 299-306, 2001
- DEGEN, B.; BLANC, L.; CARON, H.; MAGGIA, L.; KREMER, A.; GOURLET-FLEURY, S. Impact of selective logging on genetic composition and demographic structure of four tropical tree species , **Biological Conservation**, v. 131, p. 386-401, 2006.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Rockville, v. 12, n. 1, p. 13-15, jan. 1987.
- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** 3ed, Brasília: Embrapa – Cenargen, p. 220, 1998.
- FUNDAÇÃO DE TECNOLOGIA DO ESTADO DO ACRE-FUNTAC. **Diagnóstico da Regeneração Natural da Floresta Estadual do Antimari, Rio Branco/AC.** 175p. 1990.
- FUNDAÇÃO DE TECNOLOGIA DO ESTADO DO ACRE-FUNTAC. **Inventário florestal do Projeto de Assentamento Extrativista Santa Quitéria.** Rio Branco/AC. 76p. 1996.

GOUDET, J. F<sub>star</sub> Version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, 485-486, 1995.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS. **Instrução normativa, Lei nº 11.284/2006**. Disponível em:<http://www.ibama.gov.br/recursos-florestais/wp-content/files/038-IN0002-100806.pdf>. Acesso em julho de 2010.

LACERDA, A. E. B. de.; KANASHIRO, M.; SEBBEN, A. M. Effects of reduced impact logging on genetic diversity and spatial genetic structure of a *Hymenaea courbaril* population in the Brazilian Amazon Forest. **Forest Ecology and Management**, v.255, p.1034-1043, 2008a.

LACERDA. A. B.; SEBBENN, A. M.; KANASHIRO, M . Long-pollen movement and deviation of random mating in a lowdensity continuous population of *Hymenaea courbaril* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, v. 40, p. 462–470, 2008b.

LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. **Genetic Data Analysis**: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d 15). Free program distributed by the authors over the internet from de GDA homepage at [http:// alleun.eeb.uconn.edu/gda/2002](http://alleun.eeb.uconn.edu/gda/2002).

LOVELESS, M. D., HAMRICK, J. L.,. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics** v.15, p.65–95, 1984.

ROSSETTO, M., JONES, R., HUNTER, J. Genetic effects of rainforest fragmentation in an early successional tree (*Elaeocarpus grandis*). **Heredity** v.93, p.610–618, 2004.

SCHULZE, M.; VIDAL, E.; GROGAN, J.; ZEWEDE, J.; ZARIM, D. Madeiras nobres em perigo: As melhores práticas de manejo atuais não sustentarão a produção de madeiras nas florestas da Amazônia, **Ciência Hoje**, v.214, n. 36, p. 66-69, 2005.

SCOLFORO, F. R. S.; PULZ, F. A.; MELLO, J de M.; OLIVEIRA FILHO, A. T. **Modelo de produção para floresta nativa como base para o manejo sustentado**. Lavras, MG: Universidade de Lavras, 2009. 16p. Disponível em:<[http://www.dcf.ufla.br/cerne/artigos/16-02\\_20096047v2-n1\\_artigo%2010.pdf](http://www.dcf.ufla.br/cerne/artigos/16-02_20096047v2-n1_artigo%2010.pdf)>. Acesso em 29 março 2010.

SEBBENN, A. M.; SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Efeitos do manejo na estrutura genética de populações de caixate (*Tabebuia cassinoides*), **Scientia Florestalis**, v. 58, p. 127-143, 2000.

SEBBENN, A. M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, M. B.; LACERDA, A. E. B. de.; CIAMPI, A. Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F.da. S.; THOMPSON,I.; LOVELESS, M. D. Modelling the long-term impacts of slective logging on genetic diversity and demografic structure of four tropical tree species in the Amazon forest, **Forest Ecology e Manegement**, p. 1-16, 2007.

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**, v. 99, p.2038–2042, 2002.

## 5 CAPITULO III

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA A CONSERVAÇÃO DO JATOBÁ NA  
AMAZÔNIA SUL-OCIDENTAL

## RESUMO

Discussões governamentais e não governamentais têm sido realizadas para avaliar a perda da diversidade em regiões tropicais, causada principalmente pela fragmentação e destruição de ecossistemas. O jatobá (*Hymenaea courbaril*) é uma espécie de baixa densidade intensamente explorada para produção de madeira e por isso com forte pressão sobre sua diversidade. Este trabalho teve como objetivo definir e avaliar parâmetros genéticos para a conservação de populações de jatobá na região Sul-ocidental da Amazônia. O estudo foi realizado em três áreas de florestas preparadas para a exploração madeireira segundo plano de manejo sustentável. Calculou-se, por meio de marcadores microssatélites, a diversidade genética intra-populacional e estimadores para a conservação da espécie em estudo, além da detecção de gargalo genético. Para as três populações a diversidade gênica foi superior a 65%, o índice de fixação foi elevado para duas populações (Lábrea e Capixaba) e, mesmo assim, não houve gargalo genético para nenhuma população. A área do talhão de exploração, para todas as fazendas, foi insuficiente para a manutenção da população, possivelmente devido à baixa densidade de indivíduos nas áreas estudadas. Verificou-se que para a manutenção da diversidade genética do jatobá em longo prazo são necessárias extensas áreas de floresta, principalmente quando se pratica manejo florestal.

**Palavras-chave:** conservação genética, diversidade genética, estratégias para conservação, *Hymenaea courbaril*

## ABSTRACT

Governmental and non-governmental discussions has been conducted to evaluate the loss of diversity in tropical regions, mainly caused by the fragmentation and destruction of ecosystems. The jatoba (*Hymenaea courbaril*) is a species of low density heavily exploited for timber production and therefore with a strong pressure on its diversity. This study aimed to define and evaluate the genetic parameters for the conservation of populations of jatoba in south-western Amazon. The study was conducted in three forest areas prepared for logging the background of sustainable management. It was calculated by means of microsatellite markers, genetic diversity and intra-population estimators for the conservation of this species, besides the detection of genetic bottleneck. For the three populations to gene diversity was higher than 65%, the fixation index was high for both populations ( Labrea and Capixaba) and yet there was no genetic bottleneck for any population. The area of the field of exploration for all farms, was insufficient to maintain the population, possibly due to the low density of individuals in the areas studied. It was found that the maintenance of genetic diversity of jatoba in the long run it is necessary to forested areas, especially when practicing forest management.

**Keywords:** Genetic Conservation, Genetic Diversity, Strategies For Conservation, *Hymenaea courbaril*

## 1 INTRODUÇÃO

A biodiversidade é representada pela variedade de ecossistemas, espécies, populações dentro de espécies, bem como a diversidade genética existente dentro e entre populações (FRANKHAM et al., 2008).

A maior diversidade de espécies é encontrada nas florestas tropicais. Embora essas ocupem apenas 7% da extensão da terra, estima-se que contenham mais de 50% do total de espécies (PRIMACK; RODRIGUES, 2001). As florestas são grandes reservatórios de biodiversidade, possuindo uma grande variedade de vida (WORLD COMMISSION ON FOREST AND SUSTAINABLE DEVELOPMENT, 1999). Por isso, conservar ecossistemas florestais é uma importante tarefa (HUNTER, 1999; PUTZ et al., 2000).

A diversidade biológica está sendo rapidamente reduzida e a degradação dos diversos ecossistemas vem preocupando cada vez mais a sociedade. Discussões e estudos voltados para essa área têm mobilizado instituições governamentais e comunidades científicas (TELLES, 2000; FRANKHAM et al., 2008). Várias são as discussões sobre a perda da diversidade nas regiões tropicais, causada pela fragmentação e destruição de seus habitats naturais, porém pouco se sabe sobre a perda da diversidade genética das populações viventes (RAJORA et al., 2000).

A conservação de recursos genéticos *in situ* tem sido considerada a forma mais efetiva, por abranger todas as comunidades de espécies, não apenas as de valor comercial, assim como seus polinizadores, dispersores de sementes e predadores.

Muitos programas conservacionistas têm sugerido a criação de áreas protegidas, porém não basta mantê-las intocadas em áreas de conservação, é importante também que se conheçam geneticamente as espécies (KAGEYAMA, 2002). Outro fator importante para a conservação de espécies arbóreas é a manutenção e conectividade de reservas ou fragmentos florestais em que as espécies ocorrem, para que assim se assegure a sobrevivência dessas, pois sozinhas são insuficientes para manter a biodiversidade florestal (DAILY et al., 2001; LINDENMAYER; FRANKLIN, 2002; LINDENMAYER, et al., 2006).



Diversos trabalhos têm sido realizados com o intuito de conhecer a diversidade genética e definir parâmetros para conservação de espécies arbóreas florestais (SEBBENN, et al., 2003a; AZEVEDO, 2007; SANTANA et al., 2008; MARTINS et al., 2008). Para espécie *Hymenaea courbaril* foi verificado em algumas populações estudadas, que as ações antrópicas (fragmentação de hábitat e exploração madeireira) têm causado diminuição do número de genótipos, gárgalo genético e perda da diversidade genética (CASTELLENN, 2005; TOLEDO, 2005, LACERDA et al., 2008).

Este trabalho teve como objetivo definir parâmetros genéticos para a conservação de *Hymenaea courbaril* em populações localizadas na Amazônia Sul-Occidental.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 ÁREAS DE ESTUDO E AMOSTRAGEM**

O estudo foi realizado no período de 2008 a 2009 na região Sul-Occidental da Amazônia brasileira, em três propriedades particulares localizadas nos municípios de Lábrea (AM), Capixaba (AC) e Porto Acre (AC) (FIGURA 13).

Nos municípios de Lábrea (AM) e Capixaba (AC), as coletas foram realizadas nos meses de janeiro e março de 2008 e em Porto Acre (AC) no mês de março de 2009. Os dados foram coletados em talhões de exploração florestal antes da extração madeireira e o sistema de manejo florestal adotado nestas áreas segue as diretrizes da lei nº11284 art.3/2006 (IBAMA, 2006).

A região em que as fazendas de Lábrea (coord. UTM 19L 8961878/819218) e Capixaba (coord. UTM 19L 0610821/8835940) estão inseridas apresentam vegetação primária equatorial úmida, com várias espécies de dossel e presença de palmeiras e bambu. As fazendas estão inseridas em áreas contínuas de florestas com a presença de pastagem e fazem divisa com outras propriedades semelhantes, sendo que a fazenda de Lábrea apresenta em um dos seus lados uma terra indígena.

A fazenda de Porto Acre (coord. UTM 19L 8942848/651134) também apresenta vegetação primária equatorial úmida do tipo floresta aberta com palmeiras e regiões de baixio (área alagada), com presença de igapós. Também está inserida num mosaico de floresta contínua com áreas de pastagem.

A Tabela 10 apresenta a área total das fazendas e os respectivos talhões onde foram feitas as coletas.

TABELA 10 – Área total das fazendas e os respectivos talhões de coleta

Área de estudo	Município	Área total da fazenda	Talhão de coleta (ha)
		(ha)	
Lábrea	Lábrea/AM	8000	428
Capixaba	Capixaba/AC	2200	1000
Porto Acre	Porto Acre/AC	1500	328

Os talhões foram definidos pela equipe do manejo florestal de cada fazenda e os dados do inventário para exploração florestal foram utilizados para localização das árvores de jatobá (*Hymenaea courbaril*) para a coleta de câmbio. Durante a coleta do câmbio identificou-se árvores inventariadas como jatobá mas que na realidade eram de outra espécie. Nesse caso, as árvores foram eliminadas do estudo.

Foram amostrada 160 árvores com diâmetro (DAP) maior que 30 cm, dos quais foi coletado uma amostra de câmbio caulinar com o auxílio de um formão e uma pinça de aço inox. Imediatamente após a coleta dos câmbios, estes foram imersos em microtubos contendo 1,0 ml de tampão de transporte (30% de tampão de extração CTAB a 2% e 70% de Etanol absoluto) e levados para o Laboratório de Morfogênese e Biologia Molecular (LABMOL) da Embrapa Acre (Rio Branco-AC) onde foram armazenadas a - 20°C para posterior extração de DNA. Tanto a coleta como o transporte foram feitos em recipiente térmico com gelo.



FIGURA 13 – Mapa geral mostrando os municípios (Lábrea – AM, Capixaba – AC e Porto Acre – AC) e a posição relativa das populações estudadas

## 2. 2 ANÁLISES GENÉTICAS LABORATORIAIS

A extração do DNA genômico foi realizada no Laboratório de Morfogênese e Biologia Molecular da Embrapa-Acre, em Rio Branco, AC. Para a extração do DNA utilizou-se o protocolo CTAB 2% (DOYLE; DOYLE, 1987) adaptado por Ferreira e Grattapaglia (1998) sendo que o tecido caulinar foi macerado por um macerador automático de tecidos (Tissue Lyser ® Qiagen) por 1min 30s e frequência de 30 Hertz.

Depois de extraído, o DNA genômico foi quantificado em eletroforese submarina em gel de agarose (1%) por 20 min (sob 77 V e 45 mA) (FIGURA 13), por meio da análise comparativa de cada amostra com o DNA padrão fago  $\lambda$  de peso molecular conhecido (10 a 200 ng). Após a quantificação, o DNA foi diluído em água MiliQ para 2,5 ng/ $\mu$ L, para posterior análise dos marcadores microssatélites,

em eletroforese vertical em gel de poliacrilamida e coloração das bandas com nitrato de prata.

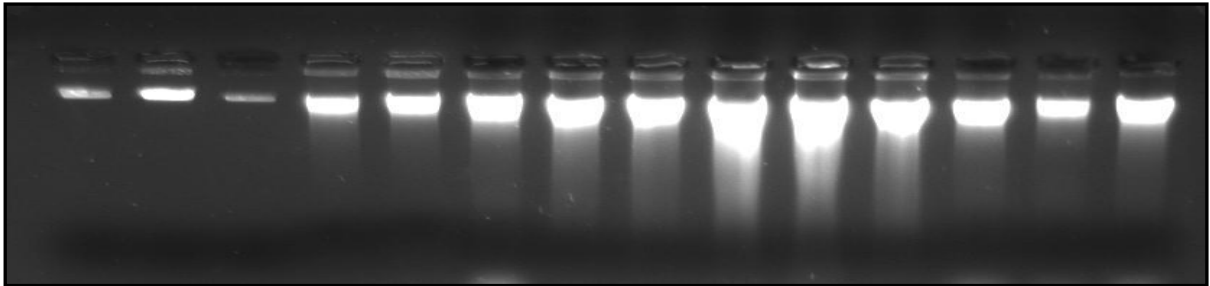


FIGURA 14 – Quantificação de DNA extraído de câmbio caulinar de *Hymenaea courbaril*, em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídeo. As duas bandas da esquerda equivalem aos marcadores de peso molecular  $\lambda$  de 50 e 100 ng/uL.

Para as análises genéticas foram utilizados oito pares de iniciadores SSR, sendo seis desenvolvidos para *Hymenaea courbaril* (Ciampi et al., 2008), e outros dois ainda não publicados desenvolvidos pela Embrapa - CENARGEN (TABELA 11).

TABELA 11 - Locus Microssatélites (SSR) com repetição em série, as seqüências dos iniciadores e as amplitudes alélicas

Locos	Repetição em série	T <sub>a</sub> * °C	Seqüência de Primer ( 5'-3')
Hc12	(TC) <sub>21</sub>	58	F: TGTTC AATTTATGTCCATGGTT R: TGGATGGTTGTGAAGAAAAGG
Hc14	(TC) <sub>17</sub>	56	F: CATTCTGCCATCGGTAGGTT R: TCACCCAAACAGGAGTGAA
Hc25	(TC) <sub>26</sub>	54	F: TGCAATTCGACTTCTTGTT R: GGTCAAAGAAAATGCTGGCT
Hc 33	(AG) <sub>16</sub>	56	F: GAACAAATCAACTTTCTTTGAAGC R: TTGACGCTTATTTTGCACCA
Hc40	(AG) <sub>26</sub>	56	F: CCTCTCTCCCAAATTCACGA R: TGCAATAGAATTTCCGAGGC
Hc 42	(CA)5T(AG)19	56	F: TGGCTAAAAGTTGGGAGGGT R: TTCCCCCTTTTCATGTTGTC
Hc 35 <sup>1</sup>	-	56	F: CTTGCACCTTTCACCCATTT R: CTCTTTGCTTCCCTCTCCCT
Hc 49 <sup>1</sup>	-	54	F: CCACCTCTCTCCACCCAATA R: TCCGGGAAGCTGCTTAATTTG

1- não publicado; \* Temperaturas de anelamento definidas por este estudo

As reações de amplificação dos fragmentos de DNA foram feitas por reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando volume final de 13 µl em termociclador MJ Research 96+. O protocolo de amplificação foi de: 94°C por 5 minutos, 30 ciclos de 94°C por 1 minuto, temperatura de hibridação específica de cada par de iniciadores por 1 minuto, 72°C por 1 minuto, terminando com 72°C por 5 minutos.

Após a reação de PCR, os fragmentos amplificados foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida a 5%, em cuba vertical contendo tampão TBE 1X sob 1600 volts e 40 mili-Amperes, por uma hora. Após a eletroforese, os fragmentos observados na forma de bandas, foram corados com nitrato de prata, segundo o protocolo desenvolvido por Creste et al. (2001). A interpretação dos fragmentos amplificados foi realizada visualmente por meio de comparação com marcador de peso molecular padrão (10-pb “Ladder” Invitrogen ®). Os fragmentos que apresentaram diferentes pesos moleculares foram considerados alelos diferentes.

### 2.3 DIVERSIDADE GENÉTICA INTRAPOPOPULACIONAL

A diversidade genética das populações foi analisada pela heterozigidade observada ( $\hat{H}_o$ ), heterozigidade esperada pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $\hat{H}_e$ ), número médio de alelos por loco ( $\hat{A}$ ) e índice de fixação de Wright, que é o valor individualizado por população, e mede o desvio da proporção de heterozigotos esperado segundo o Equilíbrio de Hardy Weinberg (EHW) dentro da população, ou pode-se dizer que é o índice de fixação de alelos dentro da população. O valor desse índice varia entre -1 e 1, sendo zero o valor encontrado para uma população em EHW. Estimativas essas obtidas a partir do programa GDA (LEWIS; ZAYKIN, 2001). A Riqueza Alélica ( $R_s$ ), proposta por El Mousadik e Petit (1996), que mede o número médio de alelos independente do tamanho amostral, foi calculada com o uso do programa FSTAT (GOUDET, 1995). O número efetivo de alelos ( $\hat{A}_e$ ) foi calculado a partir de:

$$\hat{A}_e = 1 / (1 - \hat{H}_e)$$

Os intervalos de confiança ao nível de 95% de probabilidade para  $\hat{f}$  foram obtidos com o procedimento de 10.000 reamostragens do tipo “brootstrap” sobre os locos utilizando o programa GDA (LEWIS; ZAYKIN, 2001). A significância estatística

dos valores de  $\hat{f}$  foi testada pelo Teste G com 1.000 permutações, utilizando uma correção de Bonferroni (95%,  $\alpha = 0,05$ ) com o uso do FSTAT (GOUDET, 1995). Foi avaliado se há excesso de homozigotos em cada loco por meio da comparação entre freqüências observadas de homozigotos para os diferentes alelos de cada loco nas três populações e as freqüências esperadas, obtidas por um procedimento de aleatorização. Finalmente, o teste de probabilidade combinada de Fisher foi utilizado para testar se há excesso de homozigotos em um número significativo de locos.

Quando há excesso de homozigotos e esses estão distribuídos homogeneamente em todas as classes de homozigotos (para todos os alelos), a presença de alelos nulos é confirmada. Para esses casos, a freqüência de alelos nulos ( $r$ ) foi calculada usando o estimador nº 2 de Brookfield (1996). As análises foram realizadas com o programa Micro Checker versão 2.2.3 (OOSTERHOUT et al., 2004).

#### 2.4 ESTIMADORES PARA ESTRATÉGIAS DE CONSERVAÇÃO

O tamanho efetivo populacional ( $\hat{N}_e$ ) foi obtido com base no valor de  $\hat{f}$  e na existência de coancestria entre indivíduos ( $\hat{\theta}_{xy}$ ) dentro das populações, segundo Sebbenn e Soane (2005):

$$\hat{N}_e = \frac{0,5 n^2}{(1 + \hat{f})(0,5n + \sum_{x=1}^n \sum_{y \neq 1}^n \hat{\theta}_{xy})}$$

Em que,  $\sum_{x=1}^n \sum_{y \neq 1}^n \hat{\theta}_{xy}$  corresponde à soma de todas as estimativas de coancestrias entre os pares de indivíduos de uma população,  $n$  o tamanho amostral e  $\hat{f}$  a estimativa do índice de fixação da população.

O tamanho efetivo populacional ( $\hat{N}_e$ ), o tamanho efetivo de referência ( $\hat{N}_{e(ref)}$ ), a densidade populacional ( $d$ ) e o número amostral ( $n$ ) foram considerados para cálculo da Área Mínima Viável (AMV) para conservação genética *in situ* das três populações naturais. Utilizou-se a expressão apresentada por Sebbenn, 2003b.

$$AMV = \frac{n \hat{N}_{e(ref)}}{d \hat{N}_e}$$

Considerou-se o valor de 1.000 para tamanho efetivo de referência ( $\hat{N}_{e(ref)}$ ), apresentado na equação. De acordo com Lynch (1996), a variância genética média

(decorrente da deriva genética) torna-se independente do tamanho populacional quando o tamanho efetivo excede 1000 indivíduos, sendo esse limite o mais adequado para a conservação em longo prazo.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 DIVERSIDADE GENÉTICA INTRAPOPULACIONAL

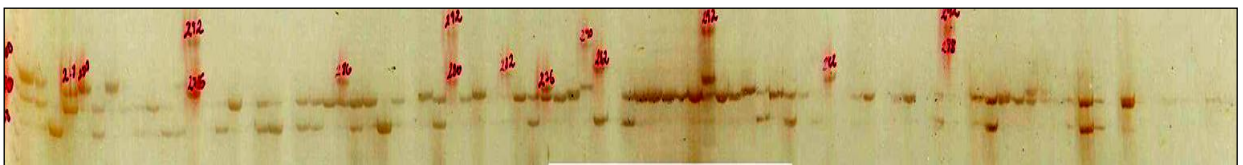


FIGURA 15 – Perfil dos genótipos de microsatélites do Loco Hc 35 nas populações de Lábrea e Capixaba para *H. Courbaril* em gel de poliacrilamida corado com nitrato de prata

O número total de alelos identificados nos 160 indivíduos de *H. courbaril* das três populações amostradas foi de 107. Todos os locos foram polimórficos (FIGURA 15), com heteroziguidade variando de 0,144 a 0,993 entre os locos. O Número de alelos por loco variou de 6 a 24 com média de 13,4 alelos por loco (TABELA 13).

TABELA 12 - Caracterização dos Locos SSR para as três populações de *Hymenaea courbaril* avaliadas na Amazônia Sul - Ocidental

Locos	N	$\hat{A}$	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{f}$
Hc 33	159	6	0,987	0,651	-0,517
Hc 49	154	13	0,993	0,793	-0,253
Hc 12	137	20	0,890	0,860	-0,035
Hc 14	158	6	0,506	0,731	0,308
Hc 35	160	12	0,350	0,765	0,543
Hc 25	138	6	0,144	0,196	0,263
Hc 42	142	24	0,598	0,922	0,351
Hc 40	122	20	0,540	0,919	0,412

N= Número de indivíduos amostrados;  $\hat{A}$  = número de alelos por loco;  $\hat{H}_o$  = Heteroziguidade Observada;  $\hat{H}_e$ = Heteroziguidade Esperada ;  $\hat{f}$  = índice de fixação;



A diversidade gênica expressa pela heterozigosidade esperada ( $\hat{H}_e$ ) foi alta para a maioria dos locos (TABELA 13), sendo a média para a espécie, nos locais desse estudo, de 0,730 que pode ser considerada uma alta diversidade.

O índice de fixação ( $\hat{f}$ ) foi bastante variável entre locos e observou-se uma tendência de excesso de homozigose nos locos, sendo significativo apenas para os locos Hc 40 e Hc 42 ( $p < 0,01$ ). A frequência de alelos nulos foi elevada (entre 24,5% e 58,7%) em todas as populações, estando de acordo com os valores altos de  $\hat{f}$  para os locos, visto que e locos SSR, além da ocorrência de endogamia, o excesso de homozigotos pode ser resultante da ocorrência de alelos nulos (alelos não vistos na genotipagem em virtude de mutações nas seqüências iniciadoras) pela amplificação preferencial de alelos pequenos e por erros de genotipagem devido a presença de “stutter” (bandas sombras ou resultantes do deslize da DNA polimerase).

TABELA 13 – Estimativas médias ( $\pm$  erro padrão) de diversidade genética das populações Lábrea, Capixaba e Porto Acre de *Hymenaea courbaril*

Populações	N	$\hat{A}$	$\hat{A}_e$	$\hat{R}_S$	$\hat{H}_o$	$\hat{H}_e$	$\hat{f}$ (IC <sub>95%</sub> )
Lábrea	31,6 $\pm$ 1,2	9,12 $\pm$ 1,47	6,43 $\pm$ 1,54	8,72 $\pm$ 1,47	0,624 $\pm$ 0,130	0,710 $\pm$ 0,09	0,132 (0,377 e - 0,141)*
Capixaba	40,6 $\pm$ 2,0	9,10 $\pm$ 1,60	5,60 $\pm$ 1,19	8,46 $\pm$ 1,44	0,581 $\pm$ 0,120	0,728 $\pm$ 0,08	0,203 (0,466 e - 0,074)*
Porto Acre	74,0 $\pm$ 3,1	9,25 $\pm$ 2,36	5,10 $\pm$ 1,67	7,49 $\pm$ 1,92	0,654 $\pm$ 0,130	0,651 $\pm$ 0,08	0,004 (0,357 e - 0,331) <sup>ns</sup>

N= Número médio de indivíduos amostrados;  $\hat{A}$ = número médio de alelos por loco;  $\hat{A}_e$ = número efetivo de alelos;  $\hat{R}_S$  = riqueza alélica;  $\hat{H}_o$ = heterozigosidade observada;  $\hat{H}_e$ = heterozigosidade esperada;  $\hat{f}$  = Índice de fixação. (IC<sub>95%</sub>) intervalo de confiança a 95% de probabilidade usando 10.000 reamostragens “bootstrap” sobre locos; \*  $p = 0,05$ ; <sup>ns</sup> = não significativo.

Analisando as populações separadamente, observa-se que o número médio de alelos por loco ( $\hat{A}$ ) foi semelhante entre as três populações e relativamente elevado. Estudos com outras espécies arbóreas tropicais apresentam valores de número efetivo de alelos por loco de 6,79, 4,86 e 3,80 para as espécies de *Shorea curtisii*, *Shorea leprosula* e *Shorea macroptera*, respectivamente (SIONG et al., 2006); de 2,49, 3,59, 6,43 e 9,61 para *Bagassa guianensis*, *Hymenaea coubaril*, *Manilkara huberi* e *Sinfonia globulifera*, respectivamente (SEBBENN et al., 2007).



Os valores de Riqueza Alélica ( $\hat{R}_S$ ), que é uma medida independente do tamanho amostral, mostram que a população de Porto Acre está com uma riqueza alélica relativamente menor em relação às outras populações, o que indica uma menor quantidade de alelos nessa população conforme pode-se observar no valor de  $\hat{A}_e$  (TABELA 13).

A heterozigosidade esperada ( $\hat{H}_e$ ) foi maior para as populações de Lábrea e Capixaba, confirmando a menor diversidade genética da população de Porto Acre.

TABELA 14 – Estimativas da  $\hat{H}_e$  (heterozigosidade esperada) e  $\hat{f}$  (índice de fixação) estudos realizados com diferentes populações de *Hymenaea courbaril*

<b>Autor</b>	<b>Espécie</b>	<b><math>\hat{f}</math></b>	<b><math>\hat{H}_e</math></b>
Castellen (2005)	<i>Hymenaea courbaril</i>	0,123	0,510
Toledo (2005)	<i>Hymenaea courbaril</i>	0,145	0,740
Lacerda et al (2008)	<i>Hymenaea courbaril</i>	0,149	0,700

Apesar da ampla variação entre os locos, o índice de fixação ( $\hat{f}$ ) foi elevado e significativo para Lábrea e Capixaba (TABELA 13). Valores similares de  $\hat{f}$  para essas populações foram encontrados em outros trabalhos com a mesma espécie, porém realizados em outras regiões do país (CASTELLEN, 2005; TOLEDO, 2005 e LACERDA et al., 2008), indicando que, provavelmente, a endogamia seja comum na espécie (TABELA 14). Por outro lado, a população de Porto Acre não apresentou essa característica embora tenha sido a população com menor diversidade genética. A população de Porto Acre apresentou uma densidade de indivíduos muito superior às demais ( $0,25 \text{ ind. ha}^{-1}$ , enquanto que Lábrea e Capixaba tiveram 0,079 e 0,044, respectivamente) com uma alta concentração de indivíduos grandes e talvez a dinâmica populacional seja um fator que determinou essa diferença nas características genéticas.

### 3.2 ESTIMATIVAS PARA ESTRATÉGIAS DE CONSERVAÇÃO

Devido ao valor elevado de  $\hat{f}$  nas populações de Lábrea e Capixaba observou-se um número efetivo ( $\hat{N}_e$ ) de indivíduos dessas populações menor do que o amostrado (35,29% e 13,64%, respectivamente) o que não aconteceu com a população de Porto Acre.

Com base nos resultados obtidos de  $\hat{N}_e$  e considerando que todas as fazendas estão inseridas numa paisagem de florestas contínuas estimou-se a Área Mínima Viável (*AMV*) para conservação *in situ* de cada população, utilizando-se 1.000 como valor de referência do tamanho efetivo populacional (LYNCH, 1996). A *AMV*<sub>1.000</sub> para a população de Porto Acre foi muito inferior que para as demais (TABELA 15).

As diferenças observadas nas *AMVs* das três populações se devem especialmente á endogamia e densidade de árvores, onde Porto Acre foi totalmente diferente das demais populações. Embora a área necessária para conservação considerando 1.000 como limite de referência tenha sido maior do que a área das três fazendas estudadas, os valores estimados estão perfeitamente dentro da realidade local. A estimativa de *AMV* considerando 500 como o limite de referência (valor também considerado confiável por alguns autores) indica um tamanho de área mínima que está compatível com o limite das propriedades estudadas (TABELAS 15 e 10) exceto para Capixaba.

TABELA 15 - Estimativas de parâmetros de conservação genética das populações de *Hymenaea courbaril* avaliadas na Amazônia Sul – Ocidental

Populações	<i>N</i>	$\hat{N}_e$	<i>d</i>	AE	<i>AMV</i> <sub>1000</sub> (ha)	<i>AMV</i> <sub>500</sub> (ha)
Lábrea	34	22	0,079	428	19.562	9.781
Capixaba	44	38	0,044	1000	25.963	12.976
Porto Acre	82	92	0,25	328	3.565	1.782

*N* = Tamanho amostral;  $\hat{N}_e$  = Tamanho Efetivo Populacional de acordo com Sebbenn e Seoane (2005); *d* = densidade populacional; AE = Área de cada população (talhão) em ha; *AMV*<sub>1000</sub> (ha) = área necessária para reter  $\hat{N}_e$  (ref) = 1000 indivíduos; *AMV*<sub>500</sub> (ha) = área necessária para reter  $\hat{N}_e$  (ref) = 500 indivíduos de acordo com Sebbenn (2003b).

## 4 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste trabalho permitem concluir que:

- ✓ Este estudo mostrou que nos locais de estudo a espécie *Hymenaea coubaril* apresenta elevada diversidade genética, porém com excesso de homozigotos nas populações de Lábrea e Capixaba;
- ✓ As populações de Lábrea e Capixaba apresentaram endogamia, no entanto Porto Acre não apresentou essa característica talvez pela elevada densidade de indivíduos, o que não é comum para esta espécie;
- ✓ A Área Mínima Viável (AMV) para conservação da espécie foi compatível com a realidade do local de estudo, com uma ressalva para Capixaba onde há necessidade de uma área muito maior em relação aos.

## REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, V. C. R. **Desenvolvimento e aplicações de microssatélites, análise de cpDNA e modelagem computacional para estudos da estrutura e dinâmica genética de maçaranduba – *Manilkara huberi* (Ducke) chev.** Sapotacea. 215f. 2007. Tese (doutorado em Biologia Molecular) – Universidade de Brasília, Brasília, 2007.
- BROOKFIELD, J. F.Y. A simple new method for estimating null allele frequency from heterozygote deficiency. **Molecular Ecology**. v. 5, p. 453 – 455, 1996.
- CASTELLEN, M. da S. **Avaliação do estado de conservação de populações naturais de Jatobá (*Hymenaea courbaril*. L) por meio de análise de estrutura genética e correlação espacial.** 104f. 2005. Tese (doutorado em ecologia) - Escolar Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.
- CIAMPI, A. Y.; AZEVEDO, V. C. R.; RAMOS, A. C. S; LOVATO, M. B.; Isolation and characterization of microssatellite loco for *Hymenaea courbaril* and transferability to *Hymenaea stignocarpa*, two tropical species. **Journal compilation**, Jan. 2008.
- CRESTE, S. TULMANN NETTO, A. FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide. Gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, p. 299-306, 2001
- DAILY, G. C.; EHRLICH, P. R.; SANCHEZ-AZOFEIFA, G. A. Countryside biogeography: Use of human-dominated habitats by the avifauna of southern Costa Rica. **Ecological Applications**, v. 11, p.1-13, 2001.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue, **Focus**, Rockville, v. 12, n. 1, p. 13-15, jan. 1987.
- EL MOUSADICK, A.; PETIT, E. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree (*Argania spinosa*) (L) endemic to morocco. **Ther. Appl. Genetic**, v, 92, p. 832-839, 1996.
- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** 3ed, Brasília: Embrapa – Cenargen, p. 220, 1998.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos de Genética da Conservação**, Ribeirão Preto, SP: SBG (Sociedade Brasileira de Genética), 280p. 2008.
- GOUDET, J.  $F_{star}$  Version 1.2: a computer program to calcule Fstatistics. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, 485-486, 1995.
- HUBBELL, S. P.; FOSTER, R. B. Commonness and rarity in a Neotropical forest: implications for tropical tree conservation. In: SOULÉ, M. E. (ed) **Conservation**

**biology: the science of scarcity and diversity.** Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, USA, p. 205-232, 1986.

HUNTER. M. L. **Managing biodiversity in forest ecosystems.** Cambridge University Press, London, 1999.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS. **Instrução normativa, Lei nº 11.284/2006.** Disponível em:<http://www.ibama.gov.br/recursos-florestais/wp-content/files/038-IN0002-100806.pdf>. Acesso em julho de 2010.

KAGEYAMA, P.; GANDARA, F. B.; VENCOVSKY, R. **Conservação in situ de espécies tropicais.** In: Recursos genéticos e melhoramento – plantas, Rondonópolis: Fundação MT, 1183 p. 2002.

LACERDA, A. E. B. de.; KANASHIRO, M.; SEBBEN, A. M. Effects of reduced impact logging on genetic diversity and spatial genetic structure of a *Hymenaea courbaril* population in the Brazilian Amazon Forest. **Forest Ecology and Management**, v.255, p.1034-1043, 2008.

LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. **Genetic Data Analysis:** Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d 15). Free program distributed by the authors over the internet from de GDA homepage at [http:// alleun.eeb.uconn.edu/gda/2002](http://alleun.eeb.uconn.edu/gda/2002).

LINDENMAYER, D. H.; FRANKLIN, J. F. **Conserving Forest Biodiversity:** A comprehensive multiscaled approach. Island Press, Washington, 351p, 2002.

LINDENMAYER, D. H.; FRANKLIN, J. F.; FISHER, J. General management principles and a checklist of strategies to guide forest biodiversity conservation. **Biological conservation**, v. 131, p. 433-445, 2006.

LYNCH, M. A quantitative-genetic perspective on conservation issues. In: AVISE, J; HAMRICK, J. (Ed.). **Conservation Genetics:** Case Histories from Nature. New York: Chapman e Hall, p. 471-501, 1996.

MARTINS, K.; RIBAS, L. A.; MORENO, M. A.; WADT, L. H. O. Conseqüências genéticas da regeneração natural de espécies arbóreas em área antrópica, AC, Brasil. **Acta Bot. Bras.**, v.22, n.8, p.897-904, 2008.

OOSTERHOUT, C. V .; HUTCHINSON, W. F.; WILLS, D. P. M.; SHIPLEY, P. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Molecular Ecology**. v.4, p. 535-538, 2004.

PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E. **Biologia da conservação.** Londrina: planta, 2001. 327p.

PUTZ, F. E.; REDFORD, K. H.; ROBINSON, J. G.; FIMBER, R.; BLATE, G. M. Biodiversity conservation in the context of tropical Forest Management. **Biodiversity Series – Impact Studies**. World Bank Environment Department Papers n°, 75, 2000.

RAJORA, O. P.; RAHMAN, M. H.; BUCHERT, G. P.; DANCİK, B. P. Microsatellite DNA analysis of genetic effects of harvesting in old-growth eastern white pine (*Pinus strobus*) in Ontario, Canada. **Molecular Ecology**, v. 9, p. 339-348, 2000.

SANTANA, G da C.; MANN, R. S.; FERREIRA, R. A.; GOIS, I. B.; OLIVEIRA, A dos S.; BOARI, A de J.; CARVALHO, S. V. A. Diversidade genética de *Enterolobium contortisiliquum* (Vell) Morang. no baixo rio São Francisco, por meio de marcadores RAPD. **Revista Árvore**, v. 22, n. 3, p. 427-433, 2008.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P.; VENCOSKY, R. Conservação genética *in situ* e número de matrizes para a coleta de sementes em populações de *Genipa americana* L. **Scientia Florestalis**, n. 63, p. 13-22, 2003a.

SEBBENN, A. M. Tamanho efetivo para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**. v. 15, n. 2, p. 147-162, 2003b.

SEBBENN, A. M.; SEOANE, C.E .S. Estimativa do tamanho efetivo de endogamia por marcadores moleculares genéticos. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 29, n.1, p.1-7, 2005.

SEBBENN, A. M. *et al.* Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest, **Forest Ecology e Management**, p. 1-16, 2007.

SIONG, K. K.; LEE, S. L.; SAW, L. G.; PLOTKIN, J. B.; KOH, C. L . Spatial structure and genetic diversity of three tropical tree species with different habitat preferences within a natural forest. **Tree Genetics & Genomes**, v. 2, p. 121-131, March, 2006.

TELLES, M. P. C. **Diversidade genética e estrutura populacional de Cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC.) do sudoeste de Goiás**. 63f. 2000. Tese (doutorado) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2000.

TOLEDO, R. M de. **Modelagem espacial do fluxo gênico de sementes de Jatobá (*Hymenaea courbaril*), através de marcadores moleculares, na paisagem fragmentada do Pontal do Paranapanema, SP**. 73f. 2005. Dissertação (dissertação em ecologia de agroecossistemas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, São Paulo, Piracicaba, 2005.

WORLD COMMISSION ON FORESTS AND SUSTAINABLE DEVELOPMENT. Our forest our future. Report of world commission on forest and sustainable development, **Cambridge University Press**, Cambridge, England, 1999.

## 6 CONCLUSÕES GERAIS

Baseado nas informações geradas neste estudo é possível concluir que:

A estrutura populacional dos indivíduos para as três populações estudadas é do tipo J invertido, a espécie demonstrou baixa densidade de indivíduos para todas as classes diamétricas e distribuição uniforme. Há uma elevada divergência genética entre as três populações, para a população de Porto Acre a espécie apresentou uma forte estruturação genética espacial de até 1050 m.

Este estudo mostrou que nos locais de estudo a espécie *Hymenaea coubaril* apresenta elevada diversidade genética, porém com excesso de homozigotos nas populações de Lábrea e Capixaba. O número de alelos efetivos em todas as populações foi semelhante a outros estudos dessa mesma espécie.

As populações de Lábrea e Capixaba apresentaram endogamia como também verificado em outros estudos, no entanto Porto Acre não apresentou essa característica talvez pela elevada densidade de indivíduos, o que não é comum para esta espécie.

A Área Mínima Viável (AMV) para conservação da espécie foi compatível com a realidade do local de estudo, com uma ressalva para Capixaba onde há necessidade de uma área muito maior em relação aos demais.

Com a exploração madeireira houve uma perda brusca da densidade e área basal após o corte seletivo, principalmente para a população de Porto Acre. Para todas as populações houve uma diminuição no número de alelos, principalmente nos de baixa frequência.

O jatobá mostrou-se resiliente após a exploração florestal pois a sua diversidade genética e índice de fixação não demonstraram diminuição nos seus valores. Porém, algumas espécies florestas comercialmente exploradas (como o jatobá) podem ter sua sustentabilidade e potencial evolutivo ameaçados pela manejo por ainda existirem falhas nesse método de exploração.

## REFERÊNCIAS GERAIS

- ALDRICH, P. R.; HAMRICK, J. L.; CHAVARRIAGA, P.; KOCHERT, G.; Microsatellite of demographic genetic structure in fragmented populations of the tropical tree *Symphonia globulifera*. **Molecular Ecology**, v. 7, p. 933-944, 1998.
- ALVINO, P. de. O.; SILVA, M. F. F. da.; RAYOL, B. P. Potencial de uso das espécies arbóreas de uma floresta secundária, na Zona de Bragantina, Pará, Brasil, **Acta Amazônica**, Manaus, v. 35, n.4, p. 413-420, 2005.
- ASNER, G. P.; KNAPP, D. E.; BROADBENT, E. N.; OLIVEIRA, P. J. C.; KELLER, M.; SILVA, J. N. Selective logging in the Brazilian Amazon. **Science**, v. 310, p. 480-482, 2005.
- AB'SABER, A. N. Os domínios morfoclimáticos da América do Sul. **Geomorfologia**, v. 52, p. 1-21, 1977.
- ASQUITH, N. M.; TERBORGH, J.; ARNOLD, E. A.; MAILÉN RIVEROS, C. The fruits the agouti ate: *Hymenaea courbaril* seed fate when its disperser is absent. **Journal of tropical Ecology**, Cambridge, v. 15, p. 229-235, 1999.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE FLORESTAS PLANTADAS. **Florestas plantadas e sustentabilidade: 100 anos de florestas plantadas**. Brasília:2005. Disponível em: <[http://www.abraflor.org.br/documentos/100anos/palestra-jose\\_carlos\\_carvalho.pdf](http://www.abraflor.org.br/documentos/100anos/palestra-jose_carlos_carvalho.pdf)>. Acesso em 29 março 2010.
- AZEVEDO, C. P de. SANQUETTA, C. R.; SILVA, J. N. M.; MACHADO, S. A.; SOUZA, C. R de.; OLIVEIRA, M. M de. Predição da distribuição diamétrica de uma floresta manejada experimentalmente através de um sistema de equações diferenciais. **Acta Amazônica**, v. 37, n. 4, p. 521-532, 2007a.
- AZEVEDO, V. C. R. **Desenvolvimento e aplicações de microssatélites, análise de cpDNA e modelagem computacional para estudos da estrutura e dinâmica genética de maçaranduba – *Manilkara huberi* (Ducke) chev.** Sapotacea. 215f. 2007. Tese (doutorado em Biologia Molecular) – Universidade de Brasília, Brasília, 2007b.
- AZEVEDO, V. C. R.; MILTON, K.; CIAMPI, A. Y.; GRATTAPAGLIA, D. Genetic structure and mating system of *Manilkara huberi* (Ducke). A. Chev., a heavily logged Amazonian timber species. **Journal of Heredity**, v. 98, n. 7, p. 646-654, 2007c.
- BIZOUX, J. P.; DAÏNOU, N.; BOURLAND, N.; HARDY, O. J.; HEUERTZ, M.; MAHY, G.; DOUCET, J. L. Spatial genetic structure in *Milicia excelsa* (Moraceae) indicates extensive gene dispersal in a low-density wind-pollinated tropical tree, **Molecular Ecology**, v.18, p.4398-4408, 2009.



BRAGA, P. I. S. Subdivisão fitogeográfica, tipos de vegetação, conservação e inventário florístico Floresta Amazônica, **Acta Amazônica**, v. 9, n. 4, p. 53-80, 1979.

BROOKFIELD, J. F.Y. A simple new method for estimating null allele frequency from heterozygote deficiency. **Molecular Ecology**. v. 5, p. 453 – 455, 1996.

CASTELLEN, M. da S. **Avaliação do estado de conservação de populações naturais de Jatobá (*Hymenaea courbaril*. L) por meio de análise de estrutura genética e correlação espacial**. 104f. 2005. Tese (doutorado em ecologia) - Escolar Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

CENTRO DOS TRABALHADORES DA AMAZÔNIA-CTA. **Manejo Florestal Comunitário em Regime de Rendimento Sustentável, no Projeto de Assentamento Agroextrativista Chico Mendes. V.I I. Xapuri/AC**, 1999.

CIAMPI, A. Y.; BRONDANI, R. P. V.; GRATTAPAGLIA, D. Desenvolvimento de marcadores microssatélites para *Copaifera longsdorffii* Desf. (Copaíba) – Leguminosae – Caesalpinioideae e otimização de sistemas fluorescentes de genotipagem multiloco. **Boletim de Pesquisa** **16**, Embrapa Cenargen, Brasília DF, 40 p. 2000.

CIAMPI, A. Y.; AZEVEDO, V. C. R.; RAMOS, A. C. S; LOVATO, M. B.; Isolation and characterization of microssatellite loco for *Hymenaea courbaril* and transferability to *Hymenaea stignocarpa*, two tropical species. **Journal compilation**, Jan. 2008.

CHAPUIS, M-P.; ESTOUP, A. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. **Molecular Biology and Evolution**, v. 24, n.3, p. 621-631, 2007.

CLARK, D. B.; CLARK, D, A. Abundance, growth and mortality of very large trees in neotropical low land rain forest. **For. Ecol. Management**, v.80, p. 235-244, 1996.

CLARK, P. F.; EVANS, F. C. Distance to neighbor as a measure of spatial relationships in populations. **Ecology**, n. 35, p. 445-453, 1954.

CONDIT, R.; ASHTON, P. S.; BAKER, P.; BUNYAVEJCHEWIN, S.; GUNATILLEKE, S.; GUNATILLEKE, N.; HUBELL, S. P.; FOSTER, R. B.; ITOH, A.; LAFRANKIE, J. V.; LEE, H. S.; LOSOS, E.; MANOKARAN, N.; SUKUMAR, R.; YAMAKURA, T. Spatial patterns in the distribution of tropical tree species. **Science**, v. 288, p. 1414, 2000.

CRESTE, S. TULMANN NETTO, A. FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide. Gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, 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.

DAILY, G. C.; EHRLICH, P. R.; SANCHEZ-AZOFEIFA, G. A. Countryside biogeography: Use of human-dominated habitats by the avifauna of southern Costa Rica. **Ecological Applications**, v. 11, p.1-13, 2001.

DEGEN, B.; BLANC, L.; CARON, H.; MAGGIA, L.; KREMER, A.; GOURLET-FLEURY, S. Impact of selective logging on genetic composition and demographic structure of four tropical tree species, **Biological Conservation**, v. 131, p. 386-401, 2006.

DENDROGENE. **Jatobá, / *Hymenaea courbaril* L.** Belém, PA: Embrapa Amazônia Ocidental: Projeto Dendrogene, 2004.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue, **Focus**, Rockville, v. 12, n. 1, p. 13-15, jan. 1987.

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, july. 1997.

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

EL MOUSADICK, A.; PETIT, E. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree (*Argania spinosa*) (L) endemic to morocco. **Ther. Appl. Genetic**, v, 92, p. 832-839, 1996.

FERRAZ, I. D. K.; LEAL, N.; IMAKAWA, A. M.; VARELA, V. P.; PIÑA-RODRIGUES, F. C. M. Características básicas para um agrupamento ecológico preliminar de espécies madeireiras da floresta de terra firme da Amazônia Central, **Acta Amazônica**, v. 34, n.4, p. 621- 633, 2004.

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

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO. **Conservation de los recursos genéticos en la ordenación de los bosques tropicales: Principios y conceptos**, Montes: FAO, 106p, 1995.

FRANKLIN, I.R. Evolutionary changes in small population. In Soulé, M.E.; Wilcox, B. A. (Eds) **Conservation Biology: an evolutionary – ecological perspective**. Sunderland: Sinauer, p. 135-149. 1980.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos de Genética da Conservação**, Ribeirão Preto, SP: SBG (Sociedade Brasileira de Genética), 2008. 280p.

FRAZER, D.J.; BERNATCHEZ, L. Adaptive evolutionary conservation: towards a unified concept for defining conservation units. **Molecular Ecology**, Oxford, n.10, p, 2741-2752, 2001.

FUNDAÇÃO DE TECNOLOGIA DO ESTADO DO ACRE-FUNTAC. **Diagnóstico da Regeneração Natural da Floresta Estadual do Antimari, Rio Branco/AC**. 175p. 1990.

FUNDAÇÃO DE TECNOLOGIA DO ESTADO DO ACRE-FUNTAC. **Inventário florestal do Projeto de Assentamento Extrativista Santa Quitéria**. Rio Branco/AC. 76p. 1996.

FUTUYMA, D. J. **Biologia evolutiva**. 2 ed. Ribeirão Preto: SBG, 631p. 1992.

GIBBS, P. E.; OLIVEIRA, P. E.; BIANCHI, M. B. Postzygotic control of selfing in *Hymenaea stigocarpa* (Leguminosae – Caesalpinaideae) a bat pollinated tree of the brazilian cerrados. **International Journal of Plants Sciences**, Chicago, v. 160, p. 72, 1999.

GOODMAN, S.J. R<sub>ST</sub>Calc: a collection of computer programs for calculating estimates of genetic differentiation from microsatellite data and determining their significance. **Molecular Ecology**, v.6, n.9, p.881-885, 1997.

GONZALES, E.; HAMRICK, J. L. Distribution of genetic among disjunct populations of the rare forest understory herb, *Trilium reliquum*, **Heredity**, orford, v. 95, n.4, p. 306-314, Dec, 2005.

GOUDET, J. F<sub>star</sub> Version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, 485-486, 1995.

GREGORIUS, H.R. **Gene conservation and the preservation of adaptability**. In: Seitz, A., Loeschcke, V. (Eds.), *Species*, 1991.

HALL, P.; BAWA, K. Methods to Assess the Impact on Extraction of non-timber Tropical Forest products on Plant Population. **Economic Botany**, New York, v.47, n.3, p.234-247, 1993.

HALLWACHS, W. Agoutis (*Dasyprocta punctata*): The inheritors of guapinol (*Hymenaea courbaril*: Leguminosae) In: ESTRADA, A.; FLEMING, T. H.(Eds) **Frugivores and seed dispersal**. Dordrecht: W, Junk Publishers, p. 285-304, 1986.

HAMRICK, J. L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, v. 69, n. 10, p. 1685-1693, 1982.

HAMRICK, J.L.; LOVELESS, M. D. The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of plant populations. In: ESTRADA, A.; FLEMING, T. H (Eds). **Frugivores and seed dispersal**. Dordrecht: Junk Publishers, chap.17, p. 211-223, 1986.

HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. The genetics structure of tropical tree populations: Associations with reproductive biology, In: BOCK, J. H.; LINHART, Y. B (Ed), **plant evolutionary ecology**, Boulder colo: Westview press, p. 131-146, 1989.  
 HAMRICK, J.L.; GODT, M.J.W. **Allozyme diversity in plant species**. In: Brown, A.H.D., Clegg, M.T., Kahler, A.L., Weir, B.S.(Eds.), *Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources*, Sinauer Associates, Sunderland, MA, p. 43–63, 1990.

HARDY, O.J.; VEKEMANS, X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.

HAWLEY, G. J.; SCHABERG, P. G.; DEHAYES, D. A.;BRISSETTE, J. C.; Silviculture alters the genetic structure of on eastern hemlock forest in Maine, USA, **Can.J. For. Res**, v. 35, p. 143-150, 2005.

HEDRICK, P. W. A standardized genetic differentiation measure. **Evolution**, Lancaster, v. 59, n. 8, p. 1633-1638, 2005.

HUBBELL, S. P. Tree dispersion, abundance, and diversity in a tropical dry forest. **Science**, v. 203, p. 1299-1309, march 1979.

HUBBELL, S. P.; FOSTER, R. B. Commonness and rarity in a Neotropical forest: implications for tropical tree conservation. In: SOULÉ, M. E. (ed) **Conservation biology: the science of scarcity and diversity**. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, USA, p. 205-232, 1986.

HUNTER. M. L. **Managing biodiversity in forest ecosystems**. Cambridge University Press, London, 1999.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS. **Instrução normativa, Lei nº 11.284/2006**. Disponível em:<http://www.ibama.gov.br/recursos-florestais/wp-content/files/038-IN0002-100806.pdf>. Acesso em julho de 2010.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISA DA AMAZÔNIA, ***Hymenaea courbaril* L.(LeguminosaeCaesalpinoideae)**.2008.Disponívelem:<[http://www.inpa.gov.br/madeiras/tipos\\_madeira/consulta.php?id=23](http://www.inpa.gov.br/madeiras/tipos_madeira/consulta.php?id=23)>. Acesso em: 12 jul. d 2008.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISA DA AMAZÔNIA, **Dados sobre a Amazônia**, disponível em:<<http://www.inpa.gov.br>>. Acesso em abril 2010.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS, **Monitoramento da floresta Amazônica Brasileira por Satélite**, 2001. Disponível em: <http://www.mtc-m18.sid.inpe.br/col/dpi.inpe.br/lise>>. Acesso em abril 2010.

JANSEN, D. H. Behavior of *Hymenaea courbaril* when its presipersal agent is absent. **Science**, Washington, v. 189, p.145-147, 1975.

JANSEN, D. H. **Costa rican natural history**. Chicago, University of Chicago Press, 253p, 1983.

JONES, T. H.; VAILLANCOURT, R. E.; POTTS, B. M. Detection and visualization spatial genetic structure in continuous *Eucalyptus globulus* forest, **Molecular Ecology**, v.16, p.697-707, 2007.

KAGEYAMA, P.; GANDARA, F. B.; VENCOVSKY, R. **Conservação in situ de espécies tropicais**. In: Recursos genéticos e melhoramento – plantas, Rondonópolis: Fundação MT, 1183 p. 2002.

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

KANASHIRO, M.; THOMPSON, I. S.; YARED, J. A. G.; LOVELESS, M. D.; CONENTRY, P.; MARTINS-DA-SILVA, R. C. V.; DEGEN, B.; AMARAL, W. A. Improving conservation values of managed forest: the Dendrogene Project in the Brazilian Amazon, **Unasylva**, n. 209, p. 26-33, 2002.

LACERDA, A. E. B. de.; KANASHIRO, M.; SEBBEN, A. M. Effects of reduced impact logging on genetic diversity and spatial genetic structure of a *Hymenaea courbaril* population in the Brazilian Amazon Forest. **Forest Ecology and Management**, v.255, p.1034-1043, 2008a.

LACERDA, A. B.; SEBBENN, A. M.; KANASHIRO, M. Long-pollen movement and deviation of random mating in a lowdensity continuous population of *Hymenaea courbaril* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, v. 40, p. 462–470, 2008b.

LAMPRECHT, H. Forest Ecosystems and respective arboreal species: possibilities use methods. **GTZ**, Eschborn, p. 343,1990.

LEDIG, F. T. Human impacts on genetic diversity in forest ecosystems. **Oikos**, v. 63, p. 87-108, 1992.

LEE, Y.; LANGENHEIM, J. H. **Systematics of the genus *Hymenaea* L. (Leguminosae, Caesalpinioidea, Detoriceae)**. Dodrecht: W. Junk, Publishers, p. 285-304, 1975.

LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. **Genetic Data Analysis**: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d 15). Free program distributed by the authors over the internet from de GDA homepage at [http:// alleun.eeb.uconn.edu/gda/2002](http://alleun.eeb.uconn.edu/gda/2002).

LIMA, J. G. B. **Ecologia populacional de sete espécies madeireiras ocorrentes no Sudoeste da Amazônia**. 117f. 2008. Dissertação (Mestrado em Ecologia e Manejo de Recursos Naturais) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, 2008.

LINDENMAYER, D. H.; FRANKLIN, J. F. **Conserving Forest Biodiversity: A comprehensive multiscaled approach**. Island Press, Washington, 351p, 2002.

LINDENMAYER, D. H.; FRANKLIN, J. F.; FISHER, J. General management principles and a checklist of strategies to guide forest biodiversity conservation. **Biological conservation**, v. 131, p. 433-445, 2006.

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**, St. Louis, v. 82, n. 11, p. 1420-1425, 1995.

LOVELESS, M. D., HAMRICK, J. L.,. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics** v.15, p.65–95, 1984.

LYNCH, M. A quantitative-genetic perspective on conservation issues. In: AVISE, J.; HAMRICK, J. (Ed.). **Conservation Genetics: Case Histories from Nature**. New York: Chapman e Hall, p. 471-501, 1996.

LYNCH, M.; RITLAND, K. Estimation of pairwise relatedness with molecular markers, **Genetics**. v. 152, n. 4, p. 1753 – 1766, 1999.

MARTINS, K.; CHAVES, L. Y.; BUSSO, G. S. C; KAGEYAMA, P. Y. Mating systems 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, K.; RIBAS, L. A.; MORENO, M. A.; WADT, L. H. O. Conseqüências genéticas da regeneração natural de espécies arbóreas em área antrópica, AC, Brasil. **Acta Bot. Bras.**, v.22, n.8, p.897-904, 2008.

MATOS, D. M. S.; WATKINSON, A. R. The fecundity, seed seedling ecology of edible palm *Euterpe edulis* in southeaten Brazil. **Biotropica**, v. 30, n. 4, p. 595-603, 1999.

MORENO, M. A. **Estrutura genética e diversidade clonal de Jatobá-do-Cerrado (Hymenaea stiginicarpa Mart. ex Hayne) em duas populações no Cerrado do Estado de São Paulo**. 115f. 2009. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MOSSELER, A.; MAJOR, J. E.; RAJORA, O. P. Old-growth red spruce forest as reservoirs of genetic diversity and reproductive fitness, **Theor. Appl. Genet**, v. 106, p. 931-937, 2003.

MAUÉS, M. M. **Estratégias para o manejo e conservação florestal: Floresta Nacional do Tapajós** (Belterra - PA). 218f. 2006. Tese (Doutorado em Ecologia) Universidade de Brasília, Brasília, 2006.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1979.

NOVAES, W. **A década do impasse: Da Rio-92 à Rio +10**. São Paulo: estação liberdade, 382p, 2002.

NYBOM, H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants, **Molecular Ecology**, v.13, p.1143–1155. 2004.

OOSTERHOUT, C. V. ; HUTCHINSON, W. F.; WILLS, D. P. M.; SHIPLEY, P. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Molecular Ecology**. v.4, p. 535-538, 2004.

PASBOLL, P. J.; BÉRUBÉ, M.; ALLENDORF, F. W. Identification of management units using population genetic data. **Trends in Ecology e Evolution**, Amsterdam, v. 22, n.1, p. 11-16, 2007.

PETERS, C. M. **Aprovechamiento sostenible de recursos no maderables en bosque húmedo tropical: un manual ecológico**. Washinton : Serie General del Programa de Apoyo a la Biodiversidad, nº 2. Biodiversity Support Program Corporate Press, Landdover, M.D., 1996.

PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E. **Biologia da conservação**. Londrina: planta, 327p.2001.

PUTZ, F. E.; REDFORD, K. H.; ROBINSON, J. G.; FIMBER, R.; BLATE, G. M. Biodiversity conservation in the context of tropical Forest Management. **Biodiversity Series – Impact Studies**. Worl’s Bank Environment Department Papers nº, 75, 2000.

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

RAFALSKI, J. A.; MORGANTE, M.; POWELL, W.; VOGEL, J. M.; TINGEY, S. V. Generating and using DNA markers in plants. In: BIRREN, B. & LAI, E. (edes) Analysis of non mammalian genomes – a practical guide. A cademis Press, New York, p. 75-134.1996.

RAJORA, O. P.; RAHMAN, M. H.; BUCHERT, G. P.; DANCİK, B. P. Microsatellite DNA analysis of genetic effectis of harvesting in old-growth eastern white pine (*Pines strobus*) in Ontario, Canada. **Molecular Ecology**, v. 9, p. 339-348, 2000.

RAJORA, O. P.; PLUHAR, S. A. Genetic diversity impact of forest fire, forest harvesting and alternative refloretation proctives in black spruce (*Picea mariana*) **Theoritcal and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, p . 1203-1212. 2003.

RAMALHO, R. Uma floresta gigantesca. **Ciência Hoje**, 2001, disponível em:<<http://www.cienciahoje.uol.com.br>>. Acesso abril 2010.

RAPOSO, A. **Estrutura genética e fluxo gênico de populações naturais de andiroba (Crapa guianensis Aubl., Meliaceae) visando o manejo e a conservação da espécie**. 2007. 152f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “ Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

REIS, M. S.; GUERRA, M. P.; NORDARI, R. O. Management of natural populations and maintenance of genetic diversity of *Euterpe edulis*, the heart-of-palm tree. In: **Recent advances in biotechnology for conservation and management**, Florianópolis, p.145-156, 1997.

REIS, M.S.; FANTINI, A.C.; NODARI, R.O.; REIS, A.; GUERRA, M.P.; MANTOVANI, A. Management and conservation of natural populations in Atlantic Rain Forest: the case study of palm heart (*Euterpe edulis* Martius). **Biotropica**, Washington, v.32, n.4b, p.894-902, 2000.

RIBEIRO, J. E. L. S.; HOPKINS, M. J. G.; VICENTINI, A.; SOTHERS, C. A.; COSTA, M. A. S.; BRITO, J. M.; SOUZA, M. A. D.; MARTINS, L. H. P.; LOHMANN, L. G.; ASSUNÇÃO, P. A. C. L.; PEREIRA, E. C.; SILVA, C. F.; MESQUITA, M. R.; PROCÓPIO, L. C. **Flora da Reserva Ducke. Guia de identificação das plantas vasculares de uma floresta de terra-firme na Amazônia Central**, Manaus: INPA, 816 p. 1999.

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. **Heredity**, v, 47, p. 32-52, 1981.

RIZZINI, C. T. **Plantas do Brasil – árvores e madeiras úteis do Brasil**: Manual de dendrologia brasileira. São Paulo: Edgard Blücher, 296p, 1971.

ROSSETTO, M., JONES, R., HUNTER, J.,. Genetic effects of rainforest fragmentation in an early successional tree (*Elaeocarpus grandis*). **Heredity** v.93, p.610–618, 2004.

SAMPAIO, P. T. B.; VENTURI, G. A. Variação genética entre e dentro de progênie de quatro espécies de leguminosa: *Copaifera multijuga*, *Hymenaea courbaril*, *Apuleia leiocarpa* e *Hymenolobium* In: Congresso Florestal Brasileiro, 6, Campos do Jordão, 1990. **Anais**. São Paulo: SBS/SBEF, v. 3, p. 633-635, 1990.

SANTOS, J. D. **Ecologia e genética numa paisagem fragmentada visando sua conectividade no Pontal do Paranapanema**. 2002, 101f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Escolar Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piraciaba, 2002.

SANTANA, G da C.; MANN, R. S.; FERREIRA, R. A.; GOIS, I. B.; OLIVEIRA, A dos S.; BOARI, A de J.; CARVALHO, S. V. A. Diversidade genética de *Enterolobium contortisiliquum* (Vell) Morang. no baixo rio São Francisco, por meio de marcadores RAPD. **Revista Árvore**, v. 22, n. 3, p. 427-433, 2008.

SASSAGAWA, H. S. Y. E.; BROWN, I. F. Desflorestamento e queimadas no Acre: Análise das tendências recentes. In: Acre, Governo do Estado do Acre. Programa Estadual de Zoneamento Ecológico-Econômico do Estado do Acre. **Zoneamento ecológico-econômico**: Recursos naturais e meio ambiente documento final. Rio Branco: SECTMA, pp. 152-162, 2002.



SCHULZE, M.; VIDAL, E.; GROGAN, J.; ZEWEDE, J.; ZARIM, D. Madeiras nobres em perigo: As melhores práticas de manejo atuais não sustentarão a produção de madeiras nas florestas da Amazônia, **Ciência Hoje**, v.214, n. 36, p. 66-69, 2005.

SCOLFORO, F. R. S.; PULZ, F. A.; MELLO, J de M.; OLIVEIRA FILHO, A. T. **Modelo de produção para floresta nativa como base para o manejo sustentado**. Lavras, MG: Universidade de Lavras, 2009. 16p. Disponível em:<[http://www.dcf.ufla.br/cerne/artigos/16-02\\_20096047v2-n1\\_artigo%2010.pdf](http://www.dcf.ufla.br/cerne/artigos/16-02_20096047v2-n1_artigo%2010.pdf)>. Acesso em 29 março 2010.

SEBBENN, A. M.; SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Efeitos do manejo na estrutura genética de populações de caixeta (*Tabebuia cassinoides*). **Scientia Florestalis**, v. 58, p. 127-147, 2000.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P.; VENCOVSKY, R. Conservação genética *in situ* e número de matrizes para a coleta de sementes em populações de *Genipa americana* L. **Scientia Florestalis**, n. 63, p. 13-22, 2003.

SEBBENN, A. M. Tamanho efetivo para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**. v. 15, n. 2, p. 147-162, 2003.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Conservação genética “in situ” e número de matrizes para coleta de sementes em populações de *Genipa americana* L, **Scientia forestalis**, v. 63, n.1, p. 63-69, 2004.

SEBBENN, A. M.; SEOANE, C.E .S. Estimativa do tamanho efetivo de endogamia por marcadores moleculares genéticos. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 29, n.1, p.1-7, 2005.

SEBBENN, A. M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, M. B.; LACERDA, A. E. B. de.; CIAMPI, A. Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F.da. S.; THOMPSON,I.; LOVELESS, M. D. Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest, **Forest Ecology e Manegement**, p. 1-16, 2007.

SIONG, K. K.; LEE, S. L.; SAW, L. G.; PLOTKIN, J. B.; KOH, C. L . Spatial structure and genetic diversity of three tropical tree species with different habitat preferences within a natural forest. **Tree Genetics & Genomes**, v. 2, p. 121-131, March, 2006.

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

STATISTICAL PACKAGE FOR THE SOCIAL SCIENCES. **SPSS Studente**: Version1.6 for Windows, jan, 2008.

TELLES, M. P. C. **Diversidade genética e estrutura populacional de Cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC.) do sudoeste de Goiás**. 63f. 2000. Tese (doutorado) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2000.

TOLEDO, R. M de. **Modelagem espacial do fluxo gênico de sementes de Jatobá (*Hymenaea courbaril*), através de marcadores moleculares, na paisagem fragmentada do Pontal do Paranapanema, SP.** 73f. 2005. Dissertação (dissertação em ecologia de agroecossistemas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, São Paulo, Piracicaba. 2005.

TREMBLAY, R. Distribution patterns of individuals in nine species of *Leponthes* (Orchidaceae), **Biotropica**, v. 29, p. 38-45, 1997.

VERRÍSSIMO, A.; UHL, C.; MATTOS, M.; BRANDINO, S.; VIEIRA, I. Impactos sociais, econômicos e ecológicos da exploração seletiva de madeiras numa região de fronteira na Amazônia Oriental: o caso de Tailândia, 09-46. In: A expansão da atividade madeireira na Amazônia: impactos e perspectivas para o desenvolvimento de setor florestal n Pará. **IMAZON**. Belém, PA, 186 p. 1996.

WADT, L. H. O.; KAINER, K. A.; GOMES-SILVA, D. A. P. Population structure and nut yield of a *Bertholletia excelsa* stand in Southwestern Amazonia. **Forest Ecology and Management**, v. 211, p. 371-384, 2005.

WEIR, B. S. **Genetic data analysis II**. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 445p. 1996.

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**, v. 99, p. 2038–2042, 2002.

WRIGHT, J. W. Evolution in mendelian populations. **Genetics**, v. 16, p. 97-159, 1931.

WORLD COMMISSION ON FORESTS AND SUSTAINABLE DEVELOPMENT. Our forest our future. Report of world commission on forest and sustainable development, **Cambridge University Press**, Cambridge, England, 1999.

YER, F. C. H, Isozyme analysis for revealing population structure for use in breeding strategies, In: GIBSON, G. I.; GRIFFIN, A. R.; MATHESON, A. C. (Ed) **Proceedings of the conference on breeding tropical trees: Population Structure and genetic improvement strategies in clonal and seedling forestry**, Oxford: Oxford forestry institute, p. 119-131, 1989.

YOUNG, A. G.; BOYLE, T. J.; Forest fragmentation. In: YOUNG, A. G.; BOSHIER, D.; BOYLET, J. (Eds.), **Forest conservation genetics: Principles and practice**, **CSIRO Publishing**, Melbourne, p. 123-134, 2000.

ZUCCHI, M. I. **Análise da estrutura genética de *Eugenia dysenterica* utilizando marcadores RAPD E SSR.** 2002. 148 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.