



ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *SCHINUS TEREBINTHIFOLIUS* RADDI. NA REGIÃO BAIXO SÃO FRANCISCO

Sheila Valéria Álvares Carvalho

Marília Freitas de Vasconcelos Melo; Renata Silva - Mann; Glauber Santos Pereira; Danilla Cristina Lemos de Souza; Thalyta dos Santos Almeida

Sheila Valéria Álvares Carvalho - Programa de Pós - Graduação em Engenharia Florestal da Universidade Federal de Lavras. Lavras MG. Sheilaalvares@yahoo.com.br

Marília Freitas de Vasconcelos Melo Programa de Pós - Graduação em Biotecnologia em Recursos Naturais da Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão SE

Renata Silva - Mann - Departamento de Engenharia Agrônômica da Universidade Federal de Sergipe

Danilla Cristina Lemos de Souza - Departamento de Engenharia Florestal da Universidade Federal de Sergipe São Cristóvão SE

Glauber Santos Pereira - Departamento de Engenharia Florestal da Universidade Federal de Sergipe São Cristóvão SE

Thalyta dos Santos Almeida - Departamento de Engenharia Florestal da Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão SE

INTRODUÇÃO

Dentre as formações florestais mais impactadas pelas atividades humanas, encontram-se as matas ciliares, que são as principais responsáveis pela estabilidade marginal dos cursos de água, manutenção do regime hídrico e formação de corredores genéticos entre as poucas florestas primárias existentes nas margens dos rios, que favorecem o fluxo gênico, a intensa circulação de animais e a dispersão vegetal. Dependendo do manejo dado pelas atividades humanas, esta pode confluir com uma redução na diversidade genética podendo predispor as espécies a doenças, endogamia e culminar com a redução na produtividade e manutenção da paisagem. Além de ser essencial para sobrevivência e adaptação a possíveis mudanças do ambiente, a diversidade genética é a base para programas de conservação genética. No Estado de Sergipe, a espécie *Schinus terebinthifolius* Raddi tem servido para aumento da renda de populações tradicionais ribeirinhas, que coletam os frutos de forma extrativista, sem estratégias de manejo sustentável. O extrativismo desordenado pode estar ocasionando alterações na estrutura genética das populações, portanto, o conhecimento da diversidade genética nesses fragmentos é importante para o estabe-

lecimento de estratégias de conservação, orientar programas de coleta de material para banco de germoplasmas e produção de mudas para os programas de reflorestamento (BOTREL *et al.*, 006).

OBJETIVOS

Este trabalho teve como objetivo avaliar parâmetros genéticos dentro e entre fragmentos de *S. terebinthifolius* Raddi, visando à conservação e manutenção da diversidade *in situ* nesta espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostragens foram realizadas em cinco fragmentos (Frag) localizadas nas margens esquerda e direita em trecho do rio São Francisco, e em ilhas localizadas entre estas margens, considerando o trecho entre os municípios de Neópolis e Santana do São Francisco no Estado de Sergipe.

Quinze indivíduos por fragmentos foram georeferenciados, avaliados quanto altura(m), DAP (Diâmetro a Altura do Peito m), área de copa (m²) e em seguida brotações foram coletadas para a extração de DNA, se-

guindo o protocolo descrito por Nienhuis *et al.*, (1995), com modificações. As reações de RAPD foram baseadas no método descrito por Williams *et al.*, (1990). O produto da amplificação foi separado por eletroforese em gel de agarose 1% em tampão TBE 0,5X, corados com brometo de etídio.

A análise da estrutura genética populacional foi realizada com o auxílio do programa computacional Popgene 1.31 (YEH *et al.*, 1997) e NTSYS 2.0, utilizando o Coeficiente de Jaccard (ROHLF, 2001).

RESULTADOS

A média da altura para as fragmentos foi 5,26 a 6,67m para as fragmentos 1 e 2, respectivamente. Para o DAP e área de copa, os indivíduos do fragmento 5 observou-se valores médios elevados, sendo 0,75 e 73,44 m, respectivamente. A média de altura e DAP dos fragmentos estão dentro dos valores médios descritos para a espécie segundo Lorenzi (1998).

As amplificações para o estudo de similaridade genética entre os fragmentos geraram 146 linhas de bandas, destes 54 (36,98%) apresentaram-se polimórficos, onde obteve a similaridade genética média de 40,50%, variando de 71 (±0,05) a 20% (±0,05). O par de fragmentos que apresentou índice menor de similaridade genética ocorreu entre fragmentação 2 e 3, e o maior índice de similaridade genética foi encontrado entre o par constituído pelos fragmentos 4 e 5. O fragmento 2 apresentou menor número de alelos observados (1,99) e menor número de alelos efetivos (1,66), tendo a diversidade genética de Nei (*H_e*) um índice de 0,37.

O índice de Shannon médio obtido no conjunto dos fragmentos foi 0,55, tendo uma variação dentro de cada fragmento de 0,16 (Frag2) a 0,28 (Frag5). De acordo com Estopa *et al.* (2006) o valor de Shannon superior a 0,50 apresenta uma tendência satisfatória na diversidade, uma vez que o referido índice varia de 0 a 1, quanto mais próximo de um, mais alta é a diversidade genética. O que permite inferir sobre baixa diversidade genética dentro de cada fragmento analisado, contudo, na análise dos 75 indivíduos esse índice apresenta acréscimo significativo.

A estimativa média de fluxo gênico nos fragmentos analisados apresentou valor baixo (0,28), condizente com a alta diferenciação genética entre os fragmentos G_{ST} (0,636), onde uma estimativa de G_{ST} de 0,151 a 0,250 representa um alto nível de diferenciação para espécies pioneiras (YEH, 2000).

CONCLUSÃO

Os fragmentos de *S. terebinthifolius* encontram-se isoladas geneticamente, o que pode contribuir para a perda de alelos e, consequentemente endogamia.

Os parâmetros genéticos populacionais sugerem a necessidade emergente de um manejo sustentável para os fragmentos analisados visando à conservação da espécie na região, uma vez que o extrativismo sem um manejo adequado tende ao declínio genético dos fragmentos remanescentes.

REFERÊNCIAS

- BOTREL, M. C. G.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D.; PINTO, S. I. C. MOURA, M. C. O.; ESTOPA, R. A. Caracterização genética de *Calophyllum brasiliense* Camb. em duas fragmentos de mata ciliar. Revista Árvore, Viçosa - MG, v.30, n.5, p.821 - 827, 2006.
- ESTOPA, R. A.; SOUZA, M. S.; MOURA, M. C. O.; BOTREL, M. C. G.; MENDONÇA, E. G.; CARVALHO, D. Diversidade genética em população natural de candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC) MacLeish). Scientia Florestalis. n.70, p.97 - 106, abril 2006.
- LORENZI, H. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. v. 1, 2 ed., Nova Odessa: Ed. Plantarum, 1998, 177 p.
- NIENHUIS, J, SKROCH J. T. and P. Genetic relationships among cultivars and lines of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, v. 120, n. 2, p. 300 - 306, 1995.
- ROHLF, F.J. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. New York. V 2.1. 2001.
- WILLIAMS, J. G.K.; KUBELIK A. R., LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J.; TINGEY, S. V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research, vol. 18, No. 22, 1990.
- YEH, R.C; YANG, R. C; BOYLE, T. POPGENE. Version 1.21: Software Microsoft Window - based freeware for population genetic analysis. Edmonton: University of Alberta, 1997.
- YEH, F.C. Population genetics. In: Forest conservation genetics: principles and practice. A.Young, D. Boshier & T.Boyle (eds.). pp. 21 - 37. Collingwood: CSIRO Publishing 2000.