

## Diversidade e estrutura genética em populações de *Caesalpinia echinata* (Lam.) na Estação Ecológica do Tapacurá, PE

Diversity and genetic structure in populations of *Caesalpinia echinata* (Lam.) in the Ecological Station of Tapacurá, Pernambuco, Brazil

<sup>1</sup>Cassia Alzira Mendes de Oliveira; <sup>2</sup>Edson Ferreira da Silva; <sup>3</sup>Silmar Gonzaga Molica; <sup>3</sup>Rinaldo Luiz Caraciolo Ferreira; <sup>4</sup>Deyve André S. de Lira e <sup>4</sup>José Ageu Brito de Barros Júnior

### Resumo

Estudos sobre os efeitos da fragmentação na estrutura genética de espécies florestais são essenciais para o planejamento de estratégias de conservação da diversidade. Este trabalho teve por objetivo estudar a diversidade e estrutura genética de duas populações naturais e uma de reflorestamento de *Caesalpinia echinata* Lam. (pau-brasil) na Estação Ecológica do Tapacurá no município de São Lourenço da Mata, PE. As populações foram identificadas como: Mata do Camucim (CAM), Mata do Toró (TOR) e reflorestamento (REF). Tecidos foliares de indivíduos das três populações foram analisados pela técnica de eletroforese de isoenzimas horizontal em meio suporte de gel de amido. Foram avaliados os seguintes parâmetros populacionais: frequência alélica, heterozigosidade, índice de fixação de Wright e divergência genética dentro e entre as populações. As frequências alélicas variaram de 0,05 a 1,00 entre as populações, sendo que o número médio de alelos por loco variou de 2,0 a 2,6. A população CAM apresentou maior heterozigosidade e a população REF apresentou a maior homozigosidade. Os índices médios de fixação alélicas foram baixo para CAM (-0,015), intermediário para TOR (0,468) e alto e REF (0,746). A similaridade genética foi de 0,751 entre CAM e TOR, 0,858 entre CAM e REF e de 0,836 entre TOR e REF. Para representar a variabilidade existente nas populações de *C. echinata* em programas de produção de mudas, deve-se coletar sementes nas duas populações naturais, já que há 28% de divergência genética entre as mesmas.

**Palavras-chave:** Pau-brasil, Índice de diversidade genética, Eletroforese de isoenzimas

### Abstract

Studies on the effect of forest fragmentation in the genetic structure of species are essential for the planning of biodiversity conservation strategies. The present research aims to study the diversity and genetic structure of three populations of *Caesalpinia echinata* Lam. (brazilwood) two naturally-occurring and one from a reforested area, in the Ecological Station of Tapacurá, in the district of São Lourenço da Mata, Pernambuco, Brazil. The populations were identified as Camucim Woods (CAM); Toró Woods (TOR) and the reforestation population (REF). Leaf tissues of individuals from three populations were analyzed in allozymes horizontal electrophoresis in com starch gel support. The following parameters were assessed: allelic frequency, heterozygosity, Wright's fixation index and genetic divergence within and between populations. Allelic frequencies varied from 0.50 to 1.00 between populations, and the average allele number per loci varied from 2.0 to 2.6. The population CAM presented higher heterozygosity, while REF presented higher homozygosity. The allelic fixation indices were low for CAM (-0.015), intermediate for TOR (0.468) and high for REF (0.746). CAM and REF were more genetically similar (0.858) than CAM and TOR (0.751). To represent the existing variability in these populations in a seedling production program, the seeds must be collected in the two naturally-occurring populations, since there is a 28% of genetic divergence between them.

**Keywords:** Brazilwood, Genetic diversity indices, Isozyme gel electrophoresis

<sup>1</sup>Mestre em Ciências Florestais pela Universidade Federal Rural de Pernambuco - E-mail: [cassiaalzira@yahoo.com.br](mailto:cassiaalzira@yahoo.com.br)

<sup>2</sup>Professor Adjunto do Departamento de Biologia - Universidade Federal Rural de Pernambuco - Av. Dom Manoel de Medeiros s/n - Dois Irmãos - Recife, PE - 52171-900 - E-mail: [edson@ufrpe.br](mailto:edson@ufrpe.br)

<sup>3</sup>Professor Adjunto do Departamento de Ciência Florestal - Universidade Federal Rural de Pernambuco - Av. Dom Manoel de Medeiros s/n - Dois Irmãos - Recife, PE - 52171-900 - E-mail: [molicasilmar@hotmail.com](mailto:molicasilmar@hotmail.com); E-mail: [rinaldof@ufrpe.br](mailto:rinaldof@ufrpe.br)

<sup>4</sup>Acadêmico do Curso de Engenharia Florestal - Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) - E-mail: [deyve\\_lira@yahoo.com.br](mailto:deyve_lira@yahoo.com.br); E-mail: [j\\_ageu@hotmail.com](mailto:j_ageu@hotmail.com)

## INTRODUÇÃO

*Caesalpinia echinata* Lam. (Leguminosae) é uma espécie perenifólia de ocorrência em florestas de mata atlântica litorânea primária (LORENZI, 1992). Esta espécie é basicamente de ocorrência litorânea nos estados de RN, PB, PE, AL, SE, BA, ES, MG, RJ. Porém, devido à drástica redução das populações pela exploração predatória em toda extensão de ocorrência natural, atualmente existem poucas populações remanescentes, as quais requerem cuidados para que sejam preservadas e possam ter manejos adequados. Atualmente há um grande interesse em relação à conservação e repovoamento desta espécie, seja por motivo cultural ou para a fabricação de instrumentos de cordas de alta qualidade, como o violino (CARVALHO, 1994; RONDON *et al.*, 2003).

Na estratégia de conservação de *C. echinata*, é importante dispor de informações sobre a estrutura genética populacional dos remanescentes protegidos, especialmente quanto à diversidade genética, pois atualmente, as poucas reservas existentes são áreas limitadas e com pequeno número de indivíduos. Segundo Melo *et al.* (2003), esta condição é desfavorável à manutenção da variabilidade das espécies, sejam alógamas, autógamas ou de reprodução assexual.

A conservação de uma espécie e a sua utilização no melhoramento depende da máxima conservação da quantidade de germoplasma, tornando-se essencial a avaliação dos recursos genéticos disponíveis (BROWN e MORAN, 1981; MORAN e HOPPER, 1987).

Na avaliação de tais recursos enfatizam-se a quantidade e a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações, bem como entre espécies (HAMRICK, 1983).

Dentre as técnicas disponíveis para se determinar os padrões da variabilidade genética, através de marcadores bioquímicos, destaca-se a eletroforese de isoenzimas. As isoenzimas têm sido utilizadas com êxito para a quantificação da diversidade genética, para caracterizar o sistema de cruzamento e a taxa de endogamia em populações de diferentes espécies (HAMRICK e LOVELESS, 1986; O'MALEY e BAWA, 1987).

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a diversidade genética de duas populações naturais e de um reflorestamento de *C. echinata* na Estação Ecológica do Tapacurá, PE, mediante a análise eletroforética de isoenzimas.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Local de ocorrência das populações

As três populações de *C. echinata* estudadas

localizam-se na Estação Ecológica do Tapacurá (EET), no município de São Lourenço da Mata, PE. A EET é um dos Campi pertencentes à Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), ocupa uma área de aproximadamente 776 hectares e situa-se nas coordenadas geográficas: 08° 04' S e 35° 12' W, a 150 m altitude.

A vegetação é exuberante e encontra-se adequadamente protegida, apesar do intenso monocultivo da cana-de-açúcar nas áreas do entorno da estação. Os dois remanescentes naturais encontram-se nas áreas denominadas Mata do Camucim (CAM) e Mata do Toró (TOR) que são separadas entre si por uma distância aproximada de 6 km, havendo um lago entre elas. Tais fragmentos apresentam cobertura vegetal constituída pela floresta ombrófila densa onde se encontram árvores de *C. echinata* com diâmetro de até 55,06 cm. A população de reflorestamento (REF) localiza-se aproximadamente a 1 km da população CAM e, segundo relatos de funcionários que trabalham há mais de 30 anos na EET, as sementes que deram origem a esta população foram coletadas na população CAM.

### Amostragem

A amostragem nas populações naturais foi realizada de maneira aleatória em árvores jovens e adultas, que apresentaram diâmetro a 1,30 m do solo (DAP), superior a 2,50 cm. Nas árvores amostradas na Mata do Camucim o DAP variou de 3,82 a 40,4 cm e para a Mata do Toró, o DAP variou de 2,90 a 55,06 cm. A amostragem no bosque de reflorestamento foi feita também ao acaso, procurando-se obter representatividade da distribuição espacial dos indivíduos. No entanto, não foram tomados dados de DAP, já que as árvores têm a mesma idade.

Para análise das populações foram amostrados tecidos foliares em 20 indivíduos de cada população, totalizando 60 amostras.

As coletas das amostras foliares foram realizadas no período da manhã, visando uma melhor preservação das mesmas, já que neste período do dia a temperatura e a umidade relativa do ar contribui para manter a qualidade do material vegetal. As amostras foram embaladas em papel alumínio e identificadas para em seguida, serem inseridas em caixa de isopor com gelo, onde permaneceram por no máximo oito horas, período este gasto do início da coleta até a chegada ao laboratório. No Laboratório de Genética da UFRPE, as amostras foram transferidas para o ultra-freezer (-80°C) e mantidas até a ocasião da realização da extração enzimática.

### Eletroforese de isoenzimas

Para a extração das enzimas utilizou-se aproximadamente 0,5 g de tecido foliar para 1,5 ml de solução extratora (ALFENAS *et al.*, 1991). A solução extraída foi absorvida em pedaços de papel de filtro (Whatman nº 3), os quais foram aplicados no gel para, posteriormente ser iniciada a eletroforese. O meio suporte foi amido de milho (penetrose 30) a 13%, fabricado pela CornProducts do Brasil, utilizando-se os seguintes sistemas tampões gel-eletródo: Tris citrato (TC), Tris citrato borato (TCB) e Lítio borato (LB).

As corridas eletroforéticas foram realizadas em refrigerador com temperatura de 4°C e o protocolo de revelação das isoenzimas foi determinado de acordo com Alfenas *et al.*, (1991) e Oliveira (1999). Os sistemas isoenzimáticos utilizados foram: Peroxidase (PO - EC 1.11.1.7), Xiquimato desidrogenase (SKDH-EC 3.1.1.1), Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT-EC 2.6.1.1), Alfa-esterase (Alfa-EST-EC 3.1.1.1), Glucose desidrogenase (GLUDH-EC 1.1.1.47), Fosfatase ácida (ACP-EC 3.1.3.2), Isocitrato desidrogenase (IDH-EC 1.1.1.42), Álcool desidrogenase (IDH-EC 1.1.1.1) e Catalase (CAT-EC 1.11.1.6) (ALFENAS *et al.*, 1991 e OLIVEIRA, 1999).

### Análise dos dados

A interpretação dos zimogramas permitiu a determinação das frequências alélicas e os índices de diversidade genética como heterozigidade observada ( $\hat{H}_o$ , em que,  $P_{ii}$  é a frequência de genótipos homozigotos), diversidade gênica esperada não viesada em equilíbrio de Hardy-Weinberg,  $\hat{H}_e = 2n/(2n-1)(1-\sum P_{ii}^2)$  (NEI, 1978), número médio de alelos por loco ( $\hat{A}$ ), percentagem de locos polimórficos a 95% de probabilidade ( $\hat{P}$ ) e índices de fixação de Wright ( $\hat{f}$ ). Também foi estudada a divergência genética entre populações, a partir das estatísticas F. Para estas estimativas, foi empregado o programa BIOSYS 1 (SWOFFORD e SELANDER, 1989). Com os dados estimados, pelo programa BIOSYS 1, foi montada uma matriz de distâncias/similaridades genéticas não-enviesadas, conforme Nei (1978).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os nove sistemas enzimáticos estudados revelaram 12 locos: Po - 2 locos, Skdh - 1 loco, Got - 1 loco,  $\infty$ -Est - 1 loco, Gludh - 1 loco, Acp - 2 locos, Idh - 1 loco, Adh - 1 loco e Cat - 2 locos.

As frequências alélicas variaram desde a completa fixação, como no caso do alelo A do sistema Got nas populações REF e TOR, até

frequências muito baixas (0,05), como para o alelo B do sistema Po-1 na população do TOR (Tabela 1).

**Tabela 1.** Frequências alélicas e tamanho da amostra (n) em populações de *C. echinata*, para 12 locos isoenzimáticos. (Allele frequency and sample size in populations of *C. echinata*, in 12 loci).

Loco	Populações		
	CAM	REF	TOR
<b>Po-1</b>			
(N)	20	19	20
A	0,375	0,895	0,950
B	0,225	0,105	0,050
C	0,400	0,000	0,000
<b>Po-2</b>			
(N)	20	7	20
A	0,225	0,143	0,750
B	0,650	0,714	0,150
C	0,125	0,143	0,100
<b>Skdh</b>			
(N)	20	14	17
A	0,425	0,714	0,118
B	0,150	0,286	0,765
C	0,425	0,000	0,118
<b>Got</b>			
(N)	18	13	17
A	0,833	1,000	1,000
B	0,167	0,000	0,000
<b>Est</b>			
(N)	20	15	19
A	0,625	0,800	0,579
B	0,275	0,100	0,421
C	0,100	0,100	0,000
<b>Gludh</b>			
(N)	20	10	17
A	0,425	0,600	0,059
B	0,275	0,400	0,941
C	0,300	0,000	0,000
<b>Acp-1</b>			
(N)	19	9	17
A	1,000	0,944	0,912
B	0,000	0,056	0,088
<b>Acp-2</b>			
(N)	20	10	13
A	0,000	0,000	0,462
B	1,000	1,000	0,538
<b>Idh</b>			
(N)	20	19	17
A	0,550	0,842	1,000
B	0,300	0,158	0,000
C	0,150	0,000	0,000
<b>Adh</b>			
(N)	20	18	20
A	0,400	0,028	0,475
B	0,075	0,944	0,525
C	0,525	0,028	0,000
<b>Cat-1</b>			
(N)	20	20	20
A	0,175	0,375	0,100
B	0,600	0,625	0,900
C	0,225	0,000	0,000
<b>Cat-2</b>			
(N)	20	7	7
A	0,100	0,429	0,571
B	0,600	0,571	0,429
C	0,300	0,000	0,000

Quanto aos índices de diversidade, o número médio de alelos por loco foi alto, variando de 2,0 a 2,6 entre as três populações. Valores próximos a este têm sido encontrados em outras espécies arbóreas. Souza *et al.*, (2004) encontrou valor de 2,3 alelos por locos em *Chorisia speciosa* St. Hil, enquanto Hamrick e Godt (1990) encontraram número médio de alelos por locos de 2,1 para a média de 110 espécies arbóreas.

A porcentagem de locos polimórficos foi igualmente alta de 83,3% para as populações estudadas. Esta porcentagem de locos polimórficos estimada para o conjunto das populações foi maior que os valores obtidos por Hamrick e Godt (1990) e Souza *et al.*, (2004) que foram de 64,7% e 75%, respectivamente. Este resultado apresentou um alto polimorfismo isoenzimático para *C. echinata*.

Os valores de heterozigidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) para as populações de *C. echinata* variaram de 0,073 a 0,475 e 0,286 a 0,468, respectivamente (Tabela 2). Apenas a população REF apresentou baixo nível de heterozigidade observada ( $<0,10$ ). As populações CAM e TOR apresentaram nível de heterozigidade observada alta ( $>0,15$ ). A baixa heterozigidade em REF pode ser explicada pelo fato que na ocasião da coleta de sementes para formação de mudas que originaram REF tenha sido feita em poucas árvores, não tendo representatividade da variabilidade total da população original CAM. Ainda é possível que, muitas das sementes tenham sido originadas de autofecundação ou cruzamento entre parentes.

Hamrick e Godt (1990) fizeram uma revisão em 653 trabalhos na qual foi estudada a diversidade genética por isoenzimas envolvendo 449 espécies de plantas. Neste estudo, os autores encontraram diversidade genética média em nível populacional de 0,160 para gimnospermas, 0,149 para espécies arbóreas, 0,159 para espécies de ampla distribuição, 0,109 para espécies tropicais, 0,124 para espécies polinizadas por animais e 0,123 para espécies com dispersão pelo vento. Pode-se observar que a diversidade genética da população CAM (0,475) foi superior às médias de todos estes casos citados, o que indica que esta população apresenta nível alto de diversidade genética (Tabela 2).

Valores próximos a este têm sido encontrados em populações naturais de outras espécies. Santos (1994) encontrou o valor de 0,451 para heterozigidade em população natural de *Bauhinia forficata* Link. Estudando *Stemonoporus*

*oblongifolius*, Murawski e Bawa (1994) encontraram heterozigidade média de 0,282 por população. Em *Eschweilera ovata* (Cambess.) Miers., Gusson (2003) encontrou valor de 0,431 para heterozigidade esperada e valor de 0,371 para heterozigidade observada. Moraes (1997) estudando *Cryptocarya moschata* Nees, encontrou valor de 0,336 para heterozigidade esperada e 0,330 para heterozigidade observada. Lacerda (1997), encontrou valor de heterozigidade média de 0,121 em *Myracrodruon urundeuwa* (Fr. Allem.) e Moraes (1992) estudando a mesma espécie encontrou valores de 0,110 e 0,160 na região de Bauru, SP e Selvíria, MS, respectivamente. Portanto, os valores de heterozigose encontrados neste trabalho para *C. echinata* são semelhantes aos encontrados na literatura para outras espécies arbóreas tropicais em condições naturais. Altos níveis de diversidade genética são esperados em espécies de ampla distribuição geográfica como *C. echinata* e alta diversidade populacional. Portanto, a ampla distribuição geográfica da espécie explica os altos níveis de diversidade genética observados.

Com relação aos índices de fixação alélica por população obteve-se baixo índice para CAM (-0,015), índice alto para TOR (0,468) e muito alto para REF (0,746) (Tabela 2). Tais índices, observados na população TOR podem ser, provavelmente, atribuídos à ocorrência da deriva genética por efeito de gargalo, devido à redução aleatória no tamanho da população, associado ao aumento intenso do parentesco na mesma. Outra causa pode ser o efeito de fundação ocorrido na ocasião de povoamento da área. A fundação da população a partir de poucos indivíduos provoca aumento no índice de fixação. Em relação a REF, o alto índice de fixação observado deve estar relacionado ao efeito de fundação devido à coleta de sementes de uma ou poucas árvores. Isto reforça os indícios de que a coleta de sementes para produção de mudas e posterior implantação do bosque tenha sido feita em poucas matrizes, as quais por estarem distantes umas das outras produziram muitas sementes por autofecundação, conseqüentemente, gerando endogamia.

Em relação às estimativas de  $f$  (índice de fixação) para os locos polimórficos das populações estudadas de *C. echinata*. Na população CAM os locos Po-1, Skdh, Gludh, Idh e Adh, o  $f$  tiveram valores negativos, indicando excesso de heterozigotos. Para os demais locos, os valores de  $f$  foram altos e positivos, mostrando exces-

so de homozigotos, que pode ser decorrente de endogamia advinda de autofecundação e cruzamento entre parentes. Nas demais populações o índice de fixação variou desde valores negativos até positivos. Na população REF ( $f = -0,176$  a  $f = 1,000$ ) e população TOR ( $f = -0,905$  a  $f = 1,000$ ) (Tabela 3). A grande variação no índice entre locos e populações também pode ter sido causado pelo efeito de amostragem.

Foram estimados os valores médios do índice de fixação dentro das populações ( $F_{IS}$ ), divergência genética entre populações ( $F_{ST}$ ) e índice de fixação para o conjunto das populações ( $F_{IT}$ ) conforme Nei (1977). Observa-se que a fixação de alelos dentro de populações para os locos estudados variou de -0,728 para o loco Adh a 1,000 para o loco Got, tendo média de 0,305. O índice de fixação total variou de -0,098 para o loco Adh a 1,000 para o loco Got, tendo média de 0,453 e a divergência genética entre as populações variou de 0,029 para o alelo Acp-1 a 0,364 para o alelo Adh, tendo média geral de 0,212 (Tabela 4).

Os valores médios obtidos para estes índices mostram que a maior parte da diversidade genética encontra-se dentro das populações (0,788), embora exista grande variação entre as populações ( $F_{ST}=0,212$ ). Tais índices revelam que as populações podem estar isoladas. Já a diversidade observada dentro das populações pode ser considerada alta ( $0,788=1 - F_{ST}$ ). A diversidade genética mantida dentro e entre populações ocorre em função de eventos históricos e processos evolutivos recentes (LEE *et al.*, 2002). Segundo Loveless e Hamrick (1984), as espécies tipicamente alógamas apresentam alta variação genética dentro e pequena entre populações, no entanto, a divergência é reduzida de acordo com o aumento do fluxo gênico.

Com relação à similaridade entre as populações estudadas, verifica-se que CAM e REF são as mais similares com 0,858. Este valor concorda com o histórico das duas populações, já que CAM por ser mais próximo da sede da EET foi

utilizada para coletar sementes para produção de mudas, que deram origem aos bosques de reflorestamento (REF) no início década de 1970 (Tabela 5).

**Tabela 3.** Índice de fixação ( $f$ ) locos polimórficos em três populações de *C. echinata*. (Fixation index for polymorphic loci in three populations of *C. echinata*).

Loco	Populações		
	CAM	REF	TOR
Po-1	-0,387	1,000	1,000
Po-2	0,609	1,000	1,000
Skdh	-0,542	1,000	0,696
Est	1,000	-0,176	1,000
Gludh	0,236	0,583	-0,062
Acp-1	-0,300	-0,059	-0,097
Acp-2	-0,453	1,000	0,071
Adh	-0,700	-0,043	-0,905
Cat-1	0,195	0,893	1,000
Cat-2	0,722	1,000	1,000

**Tabela 4.** Estimativa das estatísticas de F de Wright ( $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$ ,  $F_{IT}$ ). (Estimate of the Wright's F - statistics ( $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$ ,  $F_{IT}$ )).

Loco	$F_{IS}$	$F_{ST}$	$F_{IT}$
Po-1	0,034 <sup>ns</sup>	0,258**	0,283**
Po-2	0,854**	0,230**	0,887**
Skdh	0,244 <sup>ns</sup>	0,255**	0,437**
Got	1,000**	0,118 <sup>ns</sup>	1,000**
Est	0,408 <sup>ns</sup>	0,060 <sup>ns</sup>	0,443**
Gludh	0,062 <sup>ns</sup>	0,271**	0,316**
Acp-1	-0,082 <sup>ns</sup>	0,029 <sup>ns</sup>	-0,050 <sup>ns</sup>
Acp-2	0,071 <sup>ns</sup>	0,364**	0,409**
Idh	0,001 <sup>ns</sup>	0,162**	0,163 <sup>ns</sup>
Adh	-0,728**	0,364**	-0,098 <sup>ns</sup>
Cat-1	0,586**	0,097**	0,626**
Cat-2	0,901**	0,113**	0,912**
Média	0,305	0,212	0,453

\*\*P < 0,05; ns = não significativo.

**Tabela 5.** Matriz de similaridade genética não enviesada. (Not obliqued matrix of similarity genetic).

Populações	1 - CAM	2 - REF	3 - TOR
1 - CAM	****	0,858	0,751
2 - REF		****	0,836
3 - TOR			****

**Tabela 2.** Índices de diversidade intrapopulacionais em populações de *C. echinata*. (Intrapopulation diversity index in populations of *C. echinata*).

População	Tamanho médio da amostra por locos	Número médio de alelos/loco	Porcentagem locos polimórficos	Heterozigosidade média		Índice de fixação ( $f$ )
				Observado	Esperada (HW)*	
CAM	19,8 (0,2)	2,6 (0,3)	83,3	0,475 (0,116)	0,468 (0,069)	-0,015
REF	13,4 (1,4)	2,1 (0,2)	83,3	0,073 (0,035)	0,288 (0,058)	0,746
TOR	17,0 (1,1)	2,0 (0,2)	83,3	0,152 (0,082)	0,286 (0,061)	0,416

A população CAM e TOR apresenta 0,75 de similaridade, este valor pode ser considerado baixo em se tratando de populações, de uma mesma espécie. Portanto, a distância genética de 0,25 entre as duas populações mostra a necessidade de conservação de ambas já que as mesmas apresentam grande diferenciação nas frequências alélicas (Tabela 5).

A alta divergência entre as duas populações naturais também sugere que ambas tenham passado pelo efeito de deriva genética, seja na fundação ou pelo efeito de estrangulamento também denominado efeito do gargalo de garrafa. Tais eventos podem ter gerado a estrutura genética observada.

## CONCLUSÕES

Existem altos níveis de variabilidade genética tanto nas duas populações naturais (CAM e TOR), como na população de reflorestamento (REF).

Das três populações de *C. echinata* existente na EET com potencial para coleta de sementes visando à produção de mudas (CAM, TOR e REF), REF é a menos indicada por apresentar maior taxa de homozigose.

Para representar a variabilidade existente nas populações em programa de produção de mudas deve-se coletar sementes nas duas populações naturais, já que há divergência genética alta entre elas (28%).

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à CAPES pela concessão da bolsa de estudos para realização do curso de mestrado do primeiro autor, à UFRPE e aos funcionários da Estação Ecológica do Tapacurá, PE, pelo acesso ao local e contribuições. À Empresa CornProducts do Brasil (unidade de Pernambuco), por ter cedido amido de milho (penetrose) utilizado no preparo dos géis para eletroforese. Ao pesquisador da EMBRAPA / CPATSA Visêdo Ribeiro de Oliveira pela revisão do manuscrito.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALFENAS, A.C.; PETERS, I.; BRUNE, W.; PASSADOR, G.C. Eletroforese de proteínas e isoenzimas de fungos e essências florestais. Viçosa: SIF, 1991. 242p.

BROWN, A.H.D.; MORAN, G.F. Isozymes and the genetic resources of forest trees. In: CONCKLE, M.T. Isozymes of North American forest insects. Berkeley: US Department of Agriculture, 1981. p.1-10.

CARVALHO, P.E.R. Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira. Brasília: Empresa Brasileira de Pesquisas Agropecuárias / Centro Nacional de Pesquisas Florestais, 1994. 640p.

GUSSON, E. Uso e diversidade genética em populações naturais de biriba (*Eschweilera ovata* [Cambess.] Miers): subsídios ao manejo e conservação da espécie. 2003. 107p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

HAMRICK, J.L. The distribution of genetic variation within and among natural plant populations. In: SCHONEWALD-COX, C.M.; MACBRIDE, B.; THOMAS, L. (Ed.). Genetics and conservation. Menlo Park: The Benjamin / Cummings Publishing Company, 1983. p.335-348.

HAMRICK, J.L.; GODT, M.J.W. Allozymediversity in plant species. In: BROWN, A.H.D.; CLEGG, M.T.; KAHLER, A.L. (Ed.). Plant population genetics, breeding and genetic resources. Sunderland: Sinauer Associates, 1990. p.145-162.

HAMRICK, J.L.; LOVELESS, M.D. Isosyme variation in tropical trees: procedures and preliminary results. *Biotropica*, Lawrence, v.18, p.201-207, 1986.

LACERDA, C.M.B. Diversidade genética por isoenzimas em populações naturais de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Freire F.; M. F. Allemão) Anacardiaceae no semi-árido. 1997. 96p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

LEE, S.L.; NG, K.K.S.; NORWATI, A.; SALWANA, M.H.S.; LEE, C.T.; NORWATI, M. Population genetics of *Intsia palembanica* (Leguminosae) and genetic conservation of Virgin Jungle Reserves in Peninsular Malaysia. *American Journal of botany*, St. Louis, v.89, p.447-459, 2002.

LORENZI, H. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Plantarum, 1992. 368p.

LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Annual review of ecology and systematics*, Palo Alto, v.15, p. 65-95, 1984.

- MELO, S.C.O.; CUPERTINO, F.B.; CORRÊA, R.X. Variação genética e conservação de pau-brasil com base em marcadores moleculares. In: SIMPÓSIO DO PAU-BRASIL. Disponível em: [http://www.botanicasp.org.br/pau\\_brasil/palestras/03.htm](http://www.botanicasp.org.br/pau_brasil/palestras/03.htm). Acesso em: 28 ago. 2003.
- MORAES, M.L.T. Variabilidade genética por isoenzimas e caracteres quantitativos em duas populações naturais de aroeira *Myracrodruon urundeuva* F. F.; M.F. Allemão – Anacardiaceae (Syn: *Astronium urundeuva* (Fr. Allemão) Engler. 1992. 139p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.
- MORAES, P.L.R. Estrutura genética de populações de *Cryptocarya moschata* Nees e Martius Ex Ness (Lauraceae). 1997. 197p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, 1997.
- MORAN, G.F.; HOPPER, S.D. Conservation of the genetic resources of rare and widespread Eucalyptus in remnant vegetation. In: SAUNDERS, D.A.; ARNOLD, G.W.; BURBRIDGE, A.A.; HOPKINS, A.J.M. (Ed.). *Nature conservation: the role of remnants of native vegetation*. Surrey: Beaty and Sons, 1987. 410p.
- MURAWSKI, D.A.; BAWA, K.S. Genetic structure and mating system of *Stemonoporus oblongifolius* (Dipterocarpaceae) in Srilank. *American Journal of Botany*, St. Louis, v.81, n.2, p.155-160, 1994.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, Bethesda, v.89, n.3, p.583-590, 1978.
- NEI, M. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of Human Genetics*, London, v.41, p.225-233, 1977.
- OLIVEIRA, V.R. Diversidade genética em populações de algaroba (*Prosopis juliflora* (SW) DC.) na região semi-árida do Nordeste Brasileiro. 1999. 194p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.
- O'MALEY, D.M.; BAWA, K.S. Mating system of a tropical rain forest tree species. *American Journal of Botany*, St. Louis, v.74, n.8, p.1143-49, 1987.
- RONDON, J.; FIGUEIREDO, R.R.C.L.; ZAIDAN, L.B.P. Efeito do fotoperíodo no desenvolvimento de *Caesalpinia echinata* LAM. (Pau-brasil) Leguminosae. In: SIMPÓSIO DO PAU-BRASIL. Disponível em: [http://www.botanicasp.org.br/pau\\_brasil/palestras/03.htm](http://www.botanicasp.org.br/pau_brasil/palestras/03.htm). Acesso em: 28 ago. 2003.
- SANTOS, E.M.G. Ecologia de polinização, fluxo de pólen e taxa de cruzamento em *Bauhinia forficata* Link. (Caesalpinaceae). 1994. 114p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.
- SOUZA, L.M.F.I.; KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M. Estrutura genética em populações fragmentadas de *Chorisia speciosa* St. Hil (Bombacaceae). *Scientia Forestalis*, Piracicaba, n.65, p.70-79, 2004.
- SWOFFORD, D.L.; SELANDER, R.B. *Biosys-1: a computer program analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics, release 1.7*. Chicago: Illinois Natural History Survey, 1989. 43p.

Recebido em 14/04/2005

Aceito para publicação em 23/02/2006

