

Avaliação da Diversidade Genética de uma População Natural de Tatajuba (*Bagassa guianensis* Aubl. (Moraceae)), uma Espécie Madeireira Tropical

Marivana Borges Silva¹

Vânia Rennó Azevedo²

Valci P. Silva³

Milton Kanashiro⁴

Ana Yamaguishi Ciampi⁵



Introdução

A vegetação amazônica abriga uma inestimável riqueza de essências florestais de látex, castanhas, fibras, corantes, frutas, medicamentos, óleos, além de suas propriedades madeireiras. *Bagassa guianensis* Aubl. (Moraceae) é uma arbórea conhecida popularmente como tatajuba, de ocorrência na região norte da Bacia Amazônica até as florestas tropicais das Guianas (Vega, 1976). Atualmente, suas populações naturais estão sob intensa exploração

pelo setor madeireiro devido às propriedades de alta durabilidade e resistência de sua madeira (Tomazello Filho *et al.*, 1983). As árvores dessa espécie atingem até 30 metros e ocorrem de forma descontínua e irregular nas matas altas de terra firme e vem sendo intensamente explorada pelas suas propriedades madeireiras e seus derivados.

O manejo de florestas naturais constitui-se em um importante sistema de produção no processo de desenvolvimento na Amazônia. No entanto, a possível sustentabilidade em áreas manejadas é bastante questionável, quando se consideram as variáveis de ecologia e da genética, como densidade populacional, distribuição espacial, sistema de reprodução e dispersão de sementes. Neste sentido, determinar estas variáveis e os processos é fundamental para estimar os impactos causados pela atividade de exploração.

Os marcadores moleculares constituem-se em importante ferramenta para estes estudos, podendo se destacar os microssatélites ou seqüências simples repetidas (SSR-Simple Sequence Repeats). Esses marcadores são abundantes e uniformemente distribuídos no genoma de

¹ Mestranda, Universidade Federal do Pará – Bragança (PA); Estagiária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

² Estagiária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³ Estagiária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴ Pesquisador, Embrapa Amazônia Oriental, Belém-Pa

⁵ Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF. E-mail : aciampi@cenargen.embrapa.br

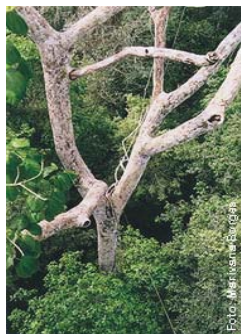
eucariotos, codominantes e altamente multi-alelicos, apresentando o maior conteúdo informativo por loco gênico entre todas as classes de marcadores moleculares. Assim, são essenciais no estudo de relação de parentesco, fluxo gênico e diversidade genética. Os locos SSRs desenvolvidos na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, vem sendo utilizados nos estudos genéticos das populações, para avaliar os impactos da exploração madeireira, em 500 hectares de floresta, sob monitoramento, em Santarém-PA.

O sistema reprodutivo de *B. guianensis* é o dioicismo, *i.e.* apresenta estruturas reprodutivas masculinas e femininas em indivíduos separados o que faz da espécie um sistema interessante de estudo devido à possibilidade de se avaliar as possíveis implicações de sua estrutura populacional e de seu sistema reprodutivo nos planos de manejo florestal (Van Uden *et al.*, 1998).

Objetivos

Determinar a diversidade genética *Bagassa guianensis* utilizando 12 locos SSR Identificação dos possíveis pais em duas famílias de *B. guianensis*.

Materiais e Métodos



Coleta de Material e Área de Estudo

Amostras caulinares (da região do câmbio) foram coletadas de todas as árvores de *B. guianensis* que apresentavam diâmetro a altura do peito (DAP) superiores a 20 cm, ocorrentes em 500 hectares de área manejada na Floresta Nacional do

Tapajós (FLONA), município de Belterra, estado do Pará. O transporte dos câmbios foi feito em tampão de transporte (CTAB, etanol e ácido ascórbico) de acordo com Ciampi 2002;

Amostras de folhas foram coletadas dos descendentes, que se constituíam de plântulas germinadas em casa de vegetação.

A amostra total constituiu-se de 37 machos, 29 fêmeas, 30 juvenis e a descendência de 27 dessas fêmeas; Dos quais 27 machos e 2 fêmeas com seus descendentes (20 e 25 indivíduos) foram analisados em gel de poliacrilamida com resolução em nitrato de prata.

Extração, Quantificação e Diluição do DNA

A extração do DNA das amostras de folha e câmbio foi feita seguindo o protocolo CTAB 2% (Ferreira e Grattapaglia, 1995), adaptado com o auxílio da máquina Fastprep – BIO 101 SAVANT, que realiza a trituração das amostras. A quantificação do DNA foi feita em gel de agarose 1% corado com brometo de etídio, usando 1 DNA como padrão de concentrações conhecidas de 20, 50, 100 e 200 ng. O DNA foi diluído para 0,5 a 1,0 ng/ul.



Fot. Marivana Borges

Resultados

A genotipagem com 12 locos SSRs em gel de poliacrilamida com resolução em prata evidenciou uma média de 5.6 alelos/locos e diversidade genética de 60% entre os 29 indivíduos reprodutivos avaliados. Esta relativa alta heterozigosidade evidencia o potencial destes SSR para análise genômica, principalmente para fluxo gênico e paternidade.

Os resultados da análise dos 45 descendentes, indivíduos de uma outra geração, não mostraram diferenças significativas quanto à diversidade genética. Para os 45 descendentes avaliados, 11 % da descendência teve a possível paternidade identificada. Essa percentagem aumenta para 46% ao considerarmos a possibilidade de mutação em um dos 12 locos avaliados.

Discussão

A manutenção da alta heterozigosidade populacional apesar do baixo número encontrado de alelos/loco, ao longo das gerações, surge como uma visão preliminar da estratégia de manutenção da diversidade genética presente na população de *Bagassa guianensis* estudada. O impacto biológico da perda de indivíduos de *Bagassa guianensis*, em populações sob exploração madeireira será observado após a genotipagem de todos os indivíduos amostrados nos 500 hectares, a qual vem sendo feita em um Sequenciador Automático.

A árvores genitoras fêmeas avaliadas nesse estudo localizam-se próximo à borda dos 500 hectares estudado. Isto pode ser um dos fatores preponderantes na identificação da paternidade de apenas 11% dos descendentes. Ou seja, o pólen recebido por elas está vindo de indivíduos masculinos não amostrados em nossa avaliação preliminar. Isto dificulta uma avaliação mais conclusiva das distâncias médias percorridas pelos grãos de pólen (alcance do fluxo gênico).

Referências Bibliográficas

Ferreira, M.E. & Grattapaglia, D. Introdução ao Uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética. 3ª edição, EMBRAPA-CENARGEN, Brasília-DF. 220p, 1998.

Tomazello Filho, M.; Couto, H.T.Z.; Chimelo, J.P. & Garcia, P.V. Madeiras de Espécies Florestais do Estado do Maranhão: I - Identificação e Aplicações. Piracicaba(SP), *IPEF* 23: 21-28. 1983

Van Uden, S.; Stewart, G.H. & Duncan, R.P.. Implications of Dioecy for Sustainable Forest Management. *N.Z. Forestry* 2: 39-42, 1998

Vega, L. *Bagassa guianensis* Aubl. Una especie forestal de rapido crecimiento del tropico americano. Boletín del Instituto Forestal Latino-Americano de Investigación y Capacitación. Mérida. 50: 3-28, 1976.

**Comunicado
Técnico, 105**

Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na:
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Serviço de Atendimento ao Cidadão
Parque Estação Biológica, Av. W/5 Norte (Final) -
Brasília, DF. CEP 70.770-900 - Caixa Postal 02372
PABX: (61) 448-4600 Fax: (61) 340-3624
<http://www.cenargen.embrapa.br>
e.mail:sac@cenargen.embrapa.br

1ª edição

1ª impressão (2003): 150 unidades

**Comitê de
publicações****Expediente**

Presidente: *Luzemar Alves Duprat*
Secretário-Executivo: *Maria José de Oliveira Duarte*
Membros: *Maurício Machaim Franco*
Regina Maria Dechechi G. Carneiro
Luciano Lourenço Nass
Sueli Correa Marques de Mello
Vera Tavares Campos Carneiro
Supervisor editorial: *Maria José de Oliveira Duarte*
Normalização Bibliográfica: *Maria Alice Bianchi*
Editoração eletrônica: *Giscard Matos de Queiroz*