



Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Inventário de Recursos Genéticos



Atena
Editora
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Inventário de Recursos Genéticos

Atena Editora
2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Prof^a Dr^a Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Natália Sandrini
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof^a Dr^a Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Prof^a Dr^a Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Prof^a Dr^a Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Prof^a Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof^a Dr^a Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof^a Dr^a Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof^a Dr^a Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof^a Dr^a Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.^a Dr.^a Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
162	<p>Inventário de recursos genéticos [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-486-3 DOI 10.22533/at.ed.863191807</p> <p>1. Evolução humana. 2. Genética da população humana. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 575.1</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

O termo “genética” nos últimos anos ganhou uma conotação cada vez mais importante e acessível à população. Podemos dizer que a genética saiu da rotina laboratorial e da sala de aula para adentrar as casas da população, seja por informação ou na forma de produto. Isso porque a revolução tecnológica contribuiu grandemente com o avanço no campo da pesquisa básica e aplicada à genética, e as descobertas propiciadas por tecnologias mais apuradas possibilitaram um entendimento mais amplo desta importante área.

A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos. O acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação.

O livro “Inventários e Recursos Genéticos” aqui apresentado, aborda assuntos relativos aos avanços e dados científicos publicados de cunho voltado para a utilização dos recursos genéticos disponíveis na área ambiental, microbiológica dentre outras diversas que cientistas tem gastado esforços para compreender. Assim, são diversas as possibilidades de aplicações genéticas em diversos campos, neste livro tentaremos otimizar os conceitos dos recursos genéticos abordando plantas medicinais, segurança alimentar, sanidade animal, microrganismos patogênicos, identificação molecular, caracterização morfoagronômica, Banco de DNA, metabólitos secundários, melhoramento genético, análise multivariada, bioinformática, expressão de genes, viabilidade polínica, Germoplasma, recursos genéticos, cultivares, Qualidade de sementes; seleção de plantas; melhoramento genético da mamoneira, simulações em Easypop, fluxo gênico, fragmentação florestal, análise de diversidade genética de Nei, Coeficientes de endogamia, demonstrando ferramentas genéticas e moleculares usadas em diferentes estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Desejamos que este material possa somar de maneira significativa aos novos conceitos aplicados à genética. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

Benedito Rodrigues da Silva Neto

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA EM GENÓTIPOS DE TRIGO: PRESENÇA DE MICRONÚCLEOS E VIABILIDADE POLÍNICA	
Sandra Patussi Brammer Patrícia Frizon Elizandra Andréia Urio	
DOI 10.22533/at.ed.8631918071	
CAPÍTULO 2	13
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DA PARTE AÉREA DE ACESSOS DE <i>Psychotria ipecacuanha</i> (IPECA)	
Raphael Lobato Prado Neves Osmar Alves Lameira Ana Paula Ribeiro Medeiros Helaine Cristine Gonçalves Pires Mariana Gomes de Oliveira Carolina Mesquita Germano Fábio Miranda Leão	
DOI 10.22533/at.ed.8631918072	
CAPÍTULO 3	25
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE <i>Staphylococcus aureus</i> E <i>Escherichia coli</i> ISOLADOS EM MEIOS CROMOGÊNICOS ORIUNDOS DE LEITE DE VACAS COM MASTITE SUBCLÍNICA	
Clarissa Varajão Cardoso Eunice Ventura Barbosa Alcir das Graças Paes Ribeiro Rossiane de Moura Souza Helena Magalhães Helena Carla Castro Maíra Halfen Teixeira Liberal	
DOI 10.22533/at.ed.8631918073	
CAPÍTULO 4	38
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE MICRORGANISMOS ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE COMPOSTOS VOLÁTEIS	
Mariely Cristine dos Santos Juliana Vitória Messias Bittencourt Mariana Machado Fidelis Nascimento Luciano Medina-Macedo	
DOI 10.22533/at.ed.8631918074	
CAPÍTULO 5	47
CARACTERIZAÇÃO PRELIMINAR DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Physalis angulata</i> L. EM TERESINA-PI VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES	
Hortência Kardec da Silva	
DOI 10.22533/at.ed.8631918075	

CAPÍTULO 6 53

COLEÇÕES DE PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS NA UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA

Thiago Serravalle de Sá
Carolina Santos Pinho
Maíra Miele Oliveira Rodrigues de Souza
Suzelir Souza Nascimento
Adrielle Matos de Jesus
Izabela Santos Dias de Jesus
Jozimare dos Santos Pereira
Maria Luiza Silveira de Carvalho
Alessandra Selbach Schnadelbach
José Geraldo de Aquino Assis

DOI 10.22533/at.ed.8631918076

CAPÍTULO 7 66

COMPARAÇÃO DE TEMPO E CUSTOS DE PROTOCOLOS DE EXTRAÇÃO DE DNA DE PLANTAS DO CERRADO: SUBSÍDIO PARA CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE DO BIOMA

Diego Cerveira de Souza
Terezinha Aparecida Teixeira
Carla Ferreira de Lima
Vanessa Aparecida Caetano Alves

DOI 10.22533/at.ed.8631918077

CAPÍTULO 8 76

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES VEGETATIVOS E REPRODUTIVOS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)

Joanderson Marques Silva
Allana Tereza Mesquita de Lima
Alaide Silva de castro
Ivanayra da Silva Mendes
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Raquel Sobral da Silva
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.8631918078

CAPÍTULO 9 84

DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA PRODUTIVIDADE

Sebastião Soares de Oliveira Neto
Odila Friss Ebertz
Maria Márcia Pereira Sartori
Maurício Dutra Zanotto

DOI 10.22533/at.ed.8631918079

CAPÍTULO 10 93

DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE SUBAMOSTRAS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)
CONSERVADAS EX SITU NO MARANHÃO

Joanderson Marques Silva
Ivanayra da Silva Mendes
Gabriela Nunes da Piedade
Raquel Sobral da Silva
Alaide Silva de Castro
Allana Tereza Mesquita de Lima
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.86319180710

CAPÍTULO 11 106

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MACIEIRA DA
EPAGRI

Filipe Schmidt Schuh
Pedro Soares Vidigal Filho
Marcus Vinicius Kvistchal
Gentil Carneiro Gabardo
Danielle Caroline Manenti
Giseli Valentini

DOI 10.22533/at.ed.86319180711

CAPÍTULO 12 118

DOF: FATOR DE TRANSCRIÇÃO IMPORTANTE EM PLANTAS DE INTERESSE AGRONÔMICO

Tiago Benedito dos Santos
Sílvia Graciele Hulse de Souza

DOI 10.22533/at.ed.86319180712

CAPÍTULO 13 130

FENOLOGIA REPRODUTIVA DE *Quassia amara* L. (SIMAROUBACEAE)

Ana Paula Ribeiro Medeiros
Osmar Alves Lameira
Raphael Lobato Prado Neves
Carolina Mesquita Germano
Helaine Cristine Gonçalves Pires
Fábio Miranda Leão
Mariana Gomes de Oliveira

DOI 10.22533/at.ed.86319180713

CAPÍTULO 14 138

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO RHINELLA (BUFONIDAE) DE
OCORRÊNCIA NOS BIOMAS DO MEIO NORTE DO BRASIL

Sulamita Pereira Guimarães
Aryel Moraes de Queiroz
Elmary da Costa Fraga
Maria Claudene Barros

DOI 10.22533/at.ed.86319180714

CAPÍTULO 15 148

INCIDÊNCIA DE ESPINHA BÍFIDA NO ESTADO DO MARANHÃO, PRÉ- E PÓS-FORTIFICAÇÃO DE FARINHAS COM ÁCIDO FÓLICO

Rômulo Cesar Rezzo Pires
Vanalda Costa Silva
Beatriz Fernanda Santos da Silva

DOI 10.22533/at.ed.86319180715

CAPÍTULO 16 155

MARCADORES MOLECULARES CONFIRMAM A OCORRÊNCIA DA OSTRA *Crassostrea rhizophorae* (GUILDING, 1828) NO LITORAL MARANHENSE

Rodolf Gabriel Prazeres Silva Lopes
Ícaro Gomes Antônio
Lígia Tchaika
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.86319180716

CAPÍTULO 17 167

PADRÕES PARA O CULTIVO DE HORTALIÇAS EM ESPAÇOS RESIDENCIAIS NO INTERIOR DO MARANHÃO

Alaide Silva de castro
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Allana Tereza Mesquita de Lima
Ivanayra da Silva Mendes
Gabriela Nunes da Piedade
Joanderson Marques Silva
Raquel Sobral da Silva
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.86319180717

CAPÍTULO 18 174

RECEPTIVIDADE ESTIGMÁTICA, VIABILIDADE E GERMINAÇÃO *IN VITRO* DO PÓLEN DA ESPÉCIE *Delonix regia* (Bojerex Hook.) Raf. NA UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA – UEFS

Hortência Kardec da Silva
Jéssica Barros Andrade
Joseane Inácio da Silva Moraes
Katiane Oliveira Porto

DOI 10.22533/at.ed.86319180718

CAPÍTULO 19 185

RECURSOS GENÉTICOS DE VIDEIRA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia Coelho de Souza Leão

DOI 10.22533/at.ed.86319180719

CAPÍTULO 20	194
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Larissa Chamma	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
DOI 10.22533/at.ed.86319180720	
CAPÍTULO 21	204
USO DE DADOS DE MARCADORES MOLECULARES EM SIMULAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO DE FRAGMENTOS DE LUEHEA DIVARICATA MART. & ZUCC. NO BIOMA PAMPA	
Caetano Miguel Lemos Serrote	
Lia Rejane Silveira Reiniger	
Valdir Marcos Stefenon	
Aline Ritter Curti	
Leonardo Severo Da Costa	
Aline Ferreira Paim	
DOI 10.22533/at.ed.86319180721	
CAPÍTULO 22	226
USO DE DADOS GENÔMICOS COMO INDICADORES DE IDENTIDADE E QUALIDADE NA GESTÃO DE COLEÇÕES MICROBIOLÓGICAS	
Luciana de Almeida	
Mariely Cristine dos Santos	
Mariana Machado Fidelis Nascimento	
Luciano Medina-Macedo	
Juliana Vitória Messias Bittencourt	
DOI 10.22533/at.ed.86319180722	
CAPÍTULO 23	233
VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS ESPONTÂNEOS DE MAMONEIRA COLETADOS EM DIFERENTES REGIÕES BRASILEIRAS	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
DOI 10.22533/at.ed.86319180723	
SOBRE O ORGANIZADOR	244
ÍNDICE REMISSIVO	245

USO DE DADOS DE MARCADORES MOLECULARES EM SIMULAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO DE FRAGMENTOS DE *LUEHEA DIVARICATA* MART. & ZUCC. NO BIOMA PAMPA

Caetano Miguel Lemos Serrote

Departamento de Silvicultura e Manejo Florestal,
Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade
Lúrio, Campus Universitário, Unango,
Mozambique

Núcleo de Biotecnologia e Melhoramento,
Universidade Federal de Santa Maria, Campus
Sede, Santa Maria, RS, Brasil

Lia Rejane Silveira Reiniger

Núcleo de Biotecnologia e Melhoramento,
Universidade Federal de Santa Maria, Campus
Sede, Santa Maria, RS, Brasil

Valdir Marcos Stefenon

Núcleo de Genômica e Ecologia Molecular,
Universidade Federal do Pampa, Campus São
Gabriel, São Gabriel, RS, Brasil

Aline Ritter Curti

Departamento de Fitotecnia, Faculdade de
Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal
de Pelotas, Campus Universitário, Capão do
Leão, RS, Brasil

Leonardo Severo Da Costa

Núcleo de Biotecnologia e Melhoramento,
Universidade Federal de Santa Maria, Campus
Sede, Santa Maria, RS, Brasil

Aline Ferreira Paim

Núcleo de Biotecnologia e Melhoramento,
Universidade Federal de Santa Maria, Campus
Sede, Santa Maria, RS, Brasil

constituem de uma importante ferramenta para o desenvolvimento de estratégias de conservação de espécies florestais. No presente trabalho foram utilizadas simulações para estudar padrões genéticos, ecológicos e reprodutivos relacionados à estrutura genética de cinco fragmentos da espécie arbórea florestal *Luehea divaricata* Mart. & Zucc, em desenvolvimento em área brasileira do bioma Pampa. Com recurso ao programa *Easypop* foram determinadas as taxas de autofecundação e de migração equivalentes aos dados da estrutura genética avaliada mediante o uso de marcadores microsstélites (com base nos parâmetros heterozigosidade observada e heterozigosidade esperada). O resultado da simulação sugere a classificação da população, quanto ao modo reprodutivo, como mista com predominância de cruzamentos (taxa = 0,7). Esse dado é consistente com o sistema de autoincompatibilidade existente nessa espécie, o qual reduz, mas não impede a autofecundação. A taxa de migração simulada foi de 0,02 a qual sugere que os fragmentos estavam isolados por distância, o que resultou no aumento dos coeficientes de endogamia. Com base na análise dos índices de diversidade genética de Nei, 94% da variabilidade genética está distribuída dentro dos fragmentos e apenas 6% da variabilidade genética foi causada por diferenças entre esses fragmentos. Ademais,

RESUMO: Simulações computacionais

os parâmetros para conservação genética (população mínima viável e área mínima viável), determinados para conservação em curto e longo prazo, sugerem que somente o fragmento da Fazenda Inhatinhum apresentou potencial para persistência em curto prazo. Porém, em longo prazo nenhum dos fragmentos se mostrou viável, necessitando assim de uma intervenção urgente para evitar o seu declínio. A criação de corredores ecológicos seria uma alternativa útil para conectar os fragmentos florestais entre si via fluxo gênico.

PALAVRAS-CHAVE: Simulações em Easypop; Fluxo gênico; Fragmentação florestal; Análise de diversidade genética de Nei; Coeficientes de endogamia

INTRODUÇÃO

A fragmentação que os diversos ecossistemas vêm sofrendo, pela ação do homem, representa uma ameaça para a manutenção e viabilidade das populações naturais. Espécies tropicais são particularmente muito vulneráveis aos efeitos da degradação do habitat devido às suas características demográficas e reprodutivas que incluem baixa densidade de ocorrência, sistemas complexos de autoincompatibilidade, altas taxas de cruzamentos e interações íntimas com polinizadores e dispersores de sementes. O isolamento geográfico pode resultar no isolamento reprodutivo na medida em que polinizadores terão seu movimento limitado pela sua distância de voo e densidade de recursos florais, e alguns dispersores de sementes não se moverão entre fragmentos pelo medo de predação, restringindo, assim, a maior parte dos cruzamentos ao interior dos fragmentos e resultando em maior atuação da deriva genética que fixará determinados alelos em detrimento de outros, reduzindo, assim, a variabilidade genética (Lowe et al., 2005; Quesada et al., 2013).

Em curto prazo, populações com variabilidade genética reduzida tem aumentada sua susceptibilidade a doenças e pragas e agentes abióticos como a ocorrência de geadas; além disso, a endogamia forçada pelo aumento nas taxas de cruzamentos biparentais e de autofecundação aumenta a suscetibilidade à depressão por endogamia, pois haverá maior expressão de alelos deletérios mascarados pela dominância em indivíduos heterozigotos. Em longo prazo, a redução da variabilidade genética reduz a flexibilidade evolutiva, isto é, a capacidade das populações em responder a alterações nas pressões de seleção. A variabilidade genética é reconhecida como a componente chave para a sustentabilidade das espécies, pois fornece matéria-prima para a adaptação, evolução e sobrevivência, especialmente sob mudanças ambientais e ataque por pragas e doenças. Consequentemente, é extremamente importante a conservação da variabilidade genética (Lowe et al., 2005; Vinson et al., 2015).

A integração de informações sobre processos históricos populacionais, incluindo a distribuição de alelos e genótipos, permite a seleção de áreas prioritárias para conservação (Moritz e Faith, 1998). O fluxo gênico é um fator crítico para a distribuição da variação genética, pois um fluxo gênico alto tende a homogeneizar a estrutura

genética, enquanto que baixo fluxo gênico permite a distribuição não aleatória de alelos e genótipos. Assim, o entendimento da conectividade dos indivíduos dentro e entre as populações é um aspecto primário da ecologia e evolução populacional (Nagel et al. 2015).

Dada a importância do tamanho populacional na preservação da variabilidade genética, esforços para a conservação resultaram no desenvolvimento do conceito de população mínima viável, o tamanho de uma população abaixo do qual os efeitos genéticos são mais severos, tornando o risco de extinção de espécies extremamente elevado. Considerando-se que esse parâmetro é dependente de aspectos reprodutivos, demográficos e genéticos, é fundamental o seu estudo nas populações alvo de conservação (Flather, 2011; Penget al., 2013).

Com os avanços na área da informática, novos métodos e programas de simulação foram desenvolvidos na área da biologia evolutiva para inferir sobre eventos passados a partir de dados atuais, permitindo desvendar as relações evolutivas entre caracteres moleculares simples, genes, genomas e espécies. Além dos programas que fazem a simulação para trás no tempo (coalescência), foram também desenvolvidos programas que realizam simulação para frente no tempo, permitindo prever fenômenos futuros sob cenários genéticos reais (Yuan et al., 2012; Dalquen et al., 2012). No presente trabalho recorreram-se a simulações com o programa EASYPOP (Balloux, 2001) a partir de dados de marcadores microssatélites obtidos em cinco fragmentos da espécie arbórea florestal *Luehea divaricata* Mart. & Zucc, em desenvolvimento em área brasileira do bioma Pampa, com o objetivo de estudar os padrões genéticos, ecológicos e reprodutivos que melhor explicam a sua estrutura genética e, deste modo, entender a história evolutiva e fornecer subsídios para o planejamento da sua conservação. Mais especificamente, focamos nas seguintes questões de pesquisa: 1) quais taxas de autofecundação e de migração correspondem melhor às informações derivadas de dados de microssatélites para *L. divaricata* ?; e 2) com base nesses resultados, quais dos cinco fragmentos florestais possuem populações viáveis de *L. divaricata* a curto e longo prazo?

MATERIAL E MÉTODOS

Área de estudo

Os cinco fragmentos florestais estudados estão localizados no Estado do Rio Grande do Sul (Figura 1A e B). Mais especificamente, são: Camboazinho (100 indivíduos de *L. divaricata* estimados no fragmento), Canas (100 indivíduos), Inhatinhum (300 indivíduos), Cacequi (100 indivíduos) e BR290 (50 indivíduos). O número de indivíduos por fragmento foi estimado com base num levantamento fitossociológico realizado em 2013 (Stefenon VM, dados não publicados). Os dados usados para realizar as

simulações genéticas foram obtidos de Nagel et al. (2015). A espécie *L. divaricata* foi usada como modelo para este estudo de simulação, devido à sua importância ecológica e a possibilidade de ameaça local pela expansão da agricultura, pecuária e crescimento urbano no bioma Pampa. Marcadores genéticos microssatélites foram utilizados para avaliar a estrutura genética e o fluxo gênico de *L. divaricata* nos cinco fragmentos florestais.

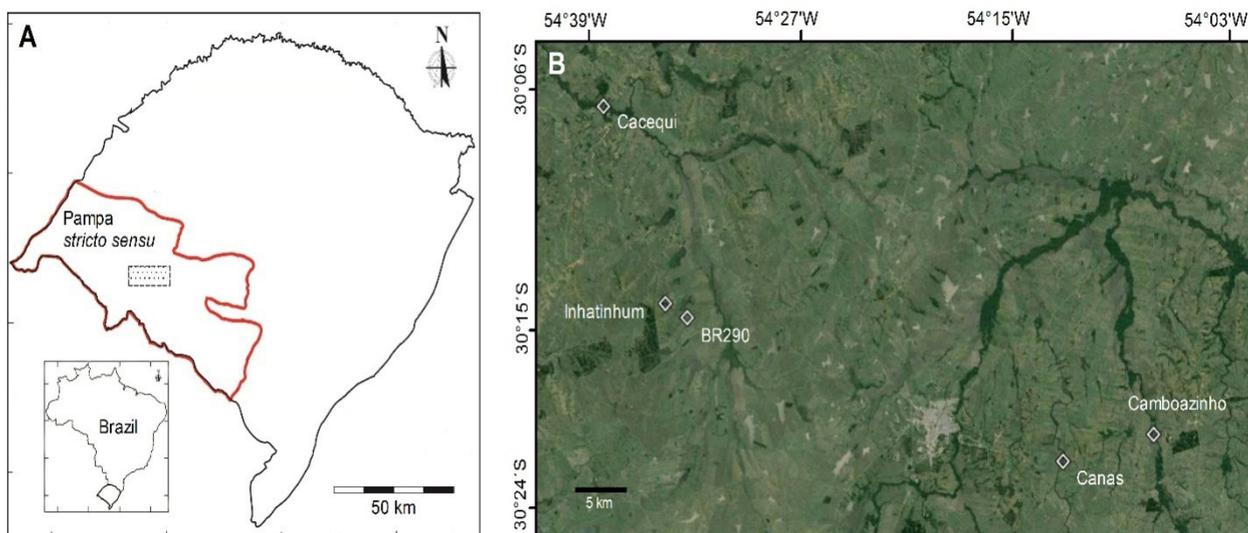


Figura 1. Delimitações do bioma Pampa *stricto sensu* no sul do Brasil, com a área amostral destacada (A). Localização dos cinco fragmentos de *L. divaricata* plotadas nas imagens de satélite do bioma Pampa, usadas na caracterização molecular e simulações do presente estudo (B). Fonte: Nagel et al. (2015).

Definições do modelo e simulações

O programa EASYPOP 2.0.1 (Balloux, 2001) foi usado para determinar as taxas de autofecundação que melhor explicam os parâmetros obtidos mediante o uso de marcadores microssatélites por Nagel et al. (2015). Geralmente, este programa é usado para simular conjuntos de dados genéticos populacionais, incluindo diferentes modelos de migração e de mutação. Em nossas simulações, as taxas de autofecundação variaram de 0,1 a 0,5 com intervalos de 0,1 ao passo que as taxas de migração variaram entre 0,1 e 0,9 com intervalos de 0,1.

O modelo foi simulado para uma espécie diploide, hermafrodita, com cruzamentos não aleatórios e com ausência de reprodução clonal. Conforme a disposição geográfica dos fragmentos foi considerado o modelo de migração espacial, definido por duas dimensões, as quais foram obtidas por meio da alocação de linhas verticais e horizontais tracejadas no mapa, com intervalos de uma unidade, baseado nas coordenadas geográficas reais dos fragmentos (latitude e longitude).

Para as definições de mutação, foram simulados 5 e 10 locos evoluindo de acordo com o modelo de mutação misto *Single Step Mutation* - SSM com uma proporção 0,1 de eventos *K-allele Model* - KAM, sob 45 estados alélicos possíveis, conforme

dados obtidos por Ruas et al. (2009), Conson et al. (2012) e Nagel et al. (2015). Foi considerada uma taxa de mutação de 0,0004 mutações por loco por geração. A variabilidade da população inicial foi considerada máxima, tendo sido simuladas 400 gerações. Para cada combinação de taxa de autofecundação e de migração avaliada foram realizadas 100 repetições.

Análises Fstat

Foram usados os valores de heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) de 0,64 e 0,52 respectivamente, obtidos de Nagel et al. (2015), para selecionar o modelo com os valores mais próximos às observações de campo (Tabelas 1 e 2). Valores de H_o e H_e do modelo selecionado (taxas de autofecundação e de migração) foram comparados com outros por testes t para amostras independentes a 5% de probabilidade de erro.

Os arquivos de saída referentes ao modelo selecionado foram analisados no programa Fstat (Goudet, 1995). Fstat é um pacote estatístico que estima e testa diversidades e estatísticas de diferenciação genéticas. Com o uso desse pacote foram obtidas estatísticas para caracterizar os fragmentos, a saber: a riqueza alélica, a diversidade genética e os índices de diferenciação genética entre populações, segundo as abordagens de Wright (1965), Cockerham (1969) e Nei (1977). Em se tratando de análise de locos microssatélites, os quais evoluem de acordo com o modelo de mutação passo a passo, foi considerada, também, a estatística R_{ST} , que é a mais indicada para a análise da diferenciação genética entre populações. O fluxo gênico foi estimado pelo número médio de migrantes por geração, com base na proporção da variância genética na subpopulação (F_{ST}) e R_{ST} .

O valor do coeficiente de endogamia dentro dos fragmentos (F_{IS}) foi usado para estimar a taxa de cruzamentos aparente (t_a), dada pela equação de Nei e Syakudo (1958):

$$t_a = \frac{1 - F_{IS}}{1 + F_{IS}} \quad (\text{Equação 1})$$

O fluxo gênico foi determinado em termos de número médio de migrantes por geração (Nm) a partir do valor de R_{ST} , conforme a equação (Nagel et al., 2015):

$$Nm = \frac{1}{4} \left(\frac{1}{R_{ST}} - 1 \right) \quad (\text{Equação 2})$$

Foram também estimados os valores de Nm para cada par de fragmentos, baseado nos valores respectivos de F_{ST} par a par.

Parâmetros genéticos para a conservação de populações naturais de *L.*

divaricata

Com base nas estatísticas obtidas, foram determinados os seguintes parâmetros para a conservação: o Tamanho Efetivo Populacional (N_e), a População Mínima Viável (PMV) e a Área Mínima Viável (AMV) para cada fragmento. O N_e determinado foi o de endogamia, o qual correspondeu ao tamanho representativo do fragmento de tamanho n em termos de identidade por descendência de alelos amostrados aleatoriamente, dado o coeficiente de endogamia f , sendo usada a equação de Pollak e Sabran (1992:

$$N_e = \frac{n}{1+f} \quad (\text{Equação 3}).$$

A PMV foi estimada para cada fragmento através da divisão do tamanho efetivo de referência ($N_{e(\text{ref.})}$) pela razão N_e/n , conforme Vieira e Carvalho (2008). A diferença (D) entre o tamanho amostral e o PMV foi calculada da seguinte forma (Vieira e Carvalho, 2008):

$$D = d * A - \frac{N_{e(\text{ref.})}}{N_e/n} \quad (\text{Equação 4}).$$

em que d é a densidade da espécie (foi usado o valor de 26,32 indivíduos ha^{-1} estimado previamente por Figueiredo (2014) para *L. divaricata* no bioma Pampa), A é a área do fragmento (ha), n é o tamanho amostral de cada fragmento e $N_{e(\text{ref.})}$ é o tamanho efetivo de referência adotado para 100 ou 1000, para conservação em curto ou longo prazo, respectivamente, de acordo com Nunney e Campbell (1993). Fragmentos com valores positivos de D foram considerados viáveis para conservação ao passo que aqueles com valores negativos foram classificados como inviáveis. A AMV foi estimada com base na seguinte equação de (Silva et al., 2014):

$$AMV = \frac{n * N_{e(\text{ref.})}}{d * N_e} \quad (\text{Equação 5}).$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Seleção dos parâmetros de modelos

As simulações em Easypop resultaram em valores de heterozigidade (observada e esperada) semelhantes para todas as taxas de autofecundação e de

migração testadas (teste *t* a 5% de probabilidade de erro) (Tabelas 1 e 2). Consoante o comportamento dos dados, foram testadas taxas de migração adicionais na taxa de autofecundação de 0,3. Foi selecionado o modelo com a taxa de autofecundação de 0,3 e taxa de migração de 0,02 (2%) como sendo aquele que melhor se ajusta aos dados obtidos por marcadores microssatélites, com diferença significativa em relação às outras taxas testadas (teste *t* ao nível de 5% de probabilidade de erro).

Taxa de migração	Taxa de autofecundação									
	0,1		0,2		0,3		0,4		0,5	
	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>
0,01					0,510	0,612				
0,02					0,524	0,630				
0,03					0,533	0,646				
0,05					0,536	0,650				
0,1	0,660	0,695	0,601	0,675	0,548	0,667	0,487	0,646	0,417	0,624
0,2	0,666	0,702	0,611	0,685	0,556	0,672	0,502	0,665	0,434	0,649
0,3	0,668	0,705	0,619	0,696	0,566	0,686	0,505	0,673	0,434	0,652
0,4	0,677	0,713	0,626	0,704	0,573	0,692	0,510	0,680	0,448	0,671
0,5	0,688	0,726	0,642	0,720	0,579	0,702	0,517	0,688	0,456	0,680
0,6	0,697	0,734	0,641	0,721	0,583	0,705	0,515	0,690	0,460	0,687
0,7	0,790	0,740	0,655	0,735	0,594	0,721	0,527	0,700	0,459	0,689
0,8	0,695	0,733	0,654	0,734	0,595	0,722	0,526	0,701	0,460	0,690
0,9	0,704	0,742	0,646	0,726	0,594	0,721	0,525	0,702	0,455	0,682

Tabela 1 – Estimativas de heterozigosidade observada (*Ho*) e heterozigosidade esperada (*Hs*) geradas por simulações no programa EASYPOP, em função de diferentes taxas de autofecundação e de migração, para 5 locos e 45 estados alélicos possíveis, de cinco fragmentos de *L. divaricata*.

Caracterização dos fragmentos florestais

Para a caracterização genética dos fragmentos e análises subsequentes foi utilizado o modelo com 10 locos e 45 estados alélicos possíveis (Tabela 2), haja vista que os valores foram semelhantes ao modelo com 5 locos e 45 estados alélicos possíveis. De um modo geral, a população pode ser caracterizada, quanto ao modo de reprodução, como mista com predomínio de cruzamentos, conforme a classificação de Destro e Montalván (1999). A taxa de cruzamentos foi de 0,7, sugerindo a presença de algum sistema de autoincompatibilidade nessa espécie, o qual reduz mas não impede a autofecundação. Segundo Brewbaker (1959) e Bawa (1974), a autoincompatibilidade é um mecanismo muito frequente em angiospermas, com vistas a prevenir os efeitos adversos da endogamia e da perda de variabilidade genética.

Taxa de migração	Taxa de autofecundação									
	0,1		0,2		0,3		0,4		0,5	
	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>	<i>Ho</i>	<i>Hs</i>

0,01					0,510	0,612				
0,01					0,510	0,615				
0,02					0,525	0,636				
0,03					0,535	0,647				
0,05					0,542	0,658				
0,1	0,655	0,690	0,601	0,675	0,543	0,659	0,487	0,646	0,417	0,625
0,2	0,671	0,707	0,611	0,685	0,556	0,672	0,502	0,665	0,434	0,643
0,3	0,668	0,706	0,619	0,696	0,568	0,689	0,505	0,673	0,437	0,653
0,4	0,679	0,715	0,626	0,704	0,567	0,688	0,510	0,680	0,443	0,663
0,5	0,692	0,730	0,642	0,720	0,576	0,698	0,517	0,688	0,452	0,678
0,6	0,697	0,736	0,641	0,721	0,585	0,709	0,515	0,690	0,452	0,678
0,7	0,699	0,736	0,655	0,735	0,589	0,714	0,527	0,700	0,462	0,692
0,8	0,696	0,735	0,654	0,734	0,587	0,713	0,526	0,701	0,458	0,686
0,9	0,701	0,739	0,646	0,726	0,587	0,713	0,525	0,702	0,457	0,687

Tabela 2 – Estimativas de heterozigosidade observada (H_o) e heterozigosidade esperada (H_s) geradas por simulações no programa EASYPOP, em função de diferentes taxas de autofecundação e de migração, para 10 locos e 45 estados alélicos possíveis, de cinco fragmentos de *L. divaricata*.

Taxas de autofecundação e de cruzamentos em espécies com sistema misto de reprodução dependem de fatores ecológicos como densidade populacional, abundância e efetividade de polinizadores (Lobo et al. 2013). Em ambientes fragmentados ou perturbados, as espécies respondem à escassez de polinizadores com um aumento nas taxas de autofecundação de modo a garantir a reprodução. Desse modo, a fragmentação e o conseqüente isolamento reprodutivo de seus fragmentos (o fluxo gênico restrito aos fragmentos próximos) resultaram na redução da taxa de cruzamentos, abaixo inclusive da média registrada em populações naturais de espécies arbóreas folhosas, que é de 0,88 (Sebbenn, 2002; Sobierajskiet al., 2006), sugerindo, também, uma perda de alelos de autoincompatibilidade pela deriva genética, que permitiu os indivíduos de autofecundar com sucesso em taxas maiores. Lobo et al. (2013) estudaram o sistema reprodutivo em uma população perturbada de *Ceiba pentandra* (Malvaceae) em diferentes anos, obtendo como resultado uma taxa de cruzamentos igual a 0,759 (no ano de 2007) e 0,624 (em 2009). Esses valores são próximos aos obtidos no presente trabalho e são provavelmente o resultado da redução no fluxo gênico causada pela fragmentação.

Por outro lado, a presença de sistemas de autoincompatibilidade em espécies hermafroditas e homogâmicas é importante para evitar a depressão por endogamia e permitir o potencial evolutivo. Quesada et al. (2013) observaram durante um período de 4 anos, em *Ceiba aesculifolia* (Malvaceae), taxas de cruzamento próximas a 1,0 em ambientes perturbados e não perturbados, devido à presença, na espécie, de um rigoroso mecanismo de autoincompatibilidade. Já Moraes e Monteiro (2002), estimando as taxas de cruzamento aparente em *Cryptocaryamoschata*, observaram uma vantagem diferencial de indivíduos oriundos de sementes de exocruzamento em relação àqueles de sementes autofecundadas, sugerindo a existência de alguma

seleção contra os indivíduos oriundos de sementes endogâmicas devido à depressão por endogamia.

A taxa de migração de 0,02 subestima a quantidade real de movimento de pólen e sementes, pois considera somente os migrantes bem sucedidos. Nesse contexto, todo o pólen que migra de um fragmento para outro deverá ser viável, pousar sobre o estigma de alguma flor, o qual deverá estar igualmente receptivo, vencer as barreiras de incompatibilidade e formar o tubo polínico, para, na sequência, produzir uma semente viável que irá, posteriormente, em condições ambientais favoráveis, germinar, emergir, crescer e se desenvolver; na maturidade, contribuirá com seus genes para as gerações futuras. Em relação ao fluxo via semente, sua viabilidade seria, também, condição primordial, além da sua obrigatoriedade em pousar em um solo com condições adequadas para sua germinação, crescimento, desenvolvimento, maturação e reprodução.

O isolamento por distância restringe a maior parte dos cruzamentos ao interior dos fragmentos, aumentando a taxa de cruzamentos biparentais e de autofecundação pela limitação do movimento de agentes polinizadores e dispersores de sementes, resultando no aumento do coeficiente de endogamia. A análise da Figura 1 e das distâncias entre os fragmentos, estimados por Nagelet al. (2015) sugerem que a troca de genes ocorre entre Canas e Camboazinho (que distam 8.513 m) e entre Inhatinhum, Cacequi e BR290 (Inhatinhum e BR290 distam 2.200 m, Inhatinhum e Cacequi distam 16.084 m, e Cacequi e BR290 distam 18.063 m). Os demais pares de fragmentos estão separados por distâncias entre 36.224 m (Canas e BR290) e 56.167 (Camboazinho e Cacequi). Essa análise está em concordância com o dendrograma obtido por Nagel et al. (2015) usando estimativas de distância genética obtida a partir de dados de microssatélites.

Por se tratar de dados de microssatélites, o modelo de mutação de único passo SSM (perda ou ganho de uma única repetição por vez) limitado a 45 estados alélicos é adequado, com ocorrência de eventos KAM na proporção de 0,1. Em outras palavras, 90% das mutações resultam em um estado alélico cujo tamanho depende do anterior, sendo que, em 10% dos casos, resulta em um alelo de qualquer um dos estados alélicos possíveis com igual probabilidade. O modelo de variabilidade máxima inicial explica a redução da variabilidade genética ao longo das 400 gerações em função da endogamia e da deriva genética ocasionados pela fragmentação. Apesar das mutações agirem no sentido de aumentar a variabilidade, sua taxa muito baixa não foi suficiente para se contrapor aos efeitos do isolamento e do consequente baixo fluxo de genes entre fragmentos.

Estrutura genética dos fragmentos florestais

Os parâmetros da estrutura genética resumidos na Tabela 2 demonstram que os valores da riqueza alélica e da variabilidade genética aumentam de acordo com o tamanho do fragmento, porém, sem grande diferença entre si, o que é ratificado pelos

respectivos valores da riqueza alélica. Stefenon e Costa (2012) realizaram simulações para analisar o efeito da fragmentação na riqueza alélica e no coeficiente de endogamia ao longo do tempo. Dessas simulações resultou que, com o passar de gerações, as populações de menor tamanho tiveram níveis maiores de redução na riqueza alélica e de aumento no coeficiente de endogamia, comparado às populações mais numerosas. Essa constatação reforça a importância do tamanho da população na preservação da variabilidade genética com vistas a minimizar o seu risco de extinção.

Na Figura 2 está representado o comportamento do número de alelos no decorrer das 400 gerações. Uma acentuada taxa de perda de alelos é observada nas primeiras gerações, com uma relativa estabilidade a partir da geração de número 100, momento em que metade do número inicial de alelos já se teria sido perdida pela endogamia e deriva genética. Ao final de 400 gerações, o número de alelos por loco reduziu-se de 45 para 5.

O fragmento Inhatinhum teve a maior riqueza alélica (5,52; Tabela 3). A reduzida diferenciação genética entre os fragmentos, avaliada pelos índices de diferenciação genética (G_{ST} , F_{ST} e θ ; Tabela 4), indica que há similaridade em suas frequências alélicas. Isso sugere que, apesar do isolamento reprodutivo, existe semelhança nos modelos evolutivos dos fragmentos, a saber, intensidade e direção da deriva genética, da seleção natural, e taxas e modelos de mutação.

	Camboazinho	Canas	Inhatinhum	Cacequi	BR290	Total
N	100	100	300	100	50	650
Na	5	5	6	5	5	5
Ar	5,27	5,31	5,52	5,24	5,18	6,24
Hs	0,637	0,635	0,641	0,637	0,631	0,636
Fis	0,183	0,168	0,180	0,175	0,173	0,176
\hat{t}_a	0,691	0,712	0,694	0,702	0,705	0,701

Tabela 3 – Número de indivíduos no fragmento (N), número de alelos (Na), riqueza alélica (Ar), heterozigosidade esperada (Hs), coeficiente de endogamia dentro do fragmento (Fis) e taxa de cruzamento aparente (\hat{t}_a) por fragmento de *Luehea divaricata*, obtidos a partir de dados microssatélites e análises no programa FSTAT.

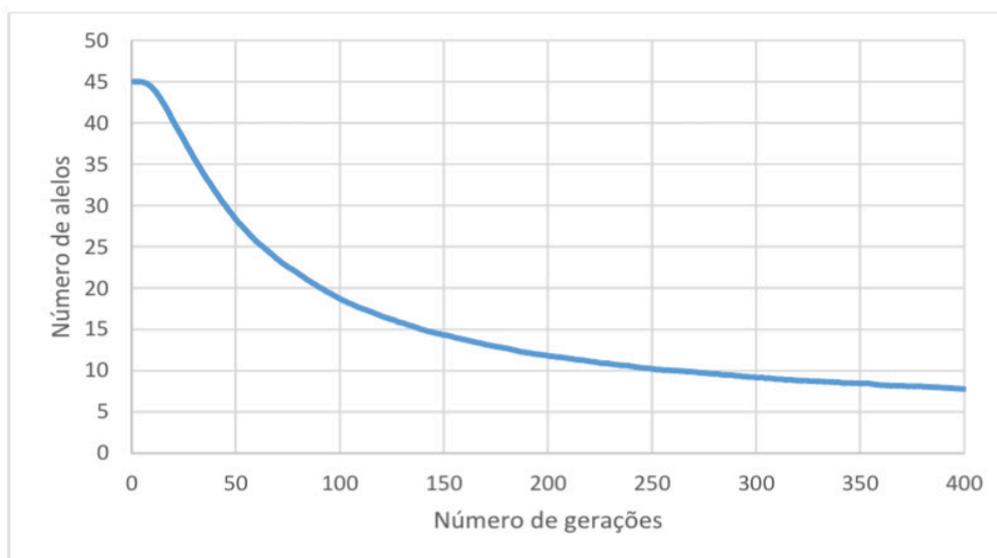


Figura 3 - Evolução do número de alelos com o passar das 400 gerações em cinco fragmentos de *Luehea divaricata*.

Com base nos índices de diversidade genética de Nei (Tabela 5), 94% da variabilidade genética está distribuída dentro dos fragmentos, sendo que apenas 6% se encontra distribuída entre eles. A grande variabilidade observada dentro dos fragmentos resulta da elevada taxa de cruzamento, o que ratifica os resultados anteriores em relação ao modo de reprodução misto com predomínio de cruzamentos. Resultado semelhante foi obtido por Conson (2012) na análise de locos microssatélites de nove populações dessa mesma espécie na Mata Atlântica. Conson observou que 93,16% da variação está distribuída dentro de populações e, apenas 6,84% entre populações.

Estatísticas de Nei	H_o	0,524
	H_s	0,636
	H_T	0,678
	D_{ST}	0,042
	G_{ST}	0,061
	G_{IS}	0,176
Estatísticas de Cockerham	F	0,238
	θ	0,075
	F	0,176
Estatísticas F de Wright	F_{IT}	0,226
	F_{ST}	0,061
	F_{IS}	0,176
Estatística de diferenciação genética adaptada para microssatélites	R_{ST}	0,076
Fluxo gênico	Nm	3,8

Tabela 4 – Estatísticas de estrutura genética sob diversas abordagens, geradas pelo programa FSTAT para cinco fragmentos de *Luehea divaricata*.

H_o : heterozigosidade observada dentro de fragmentos; H_s : heterozigosidade esperada dentro de fragmentos; H_T : heterozigosidade total; D_{ST} : diversidade genética entre fragmentos; G_{ST} : coeficiente de divergência genética entre

populações (diversidade relativa); G_{IS} : diversidade relativa dentro de fragmentos; F : coeficiente de coancestria total; θ : coeficiente de correlação de gametas entre fragmentos; f : coeficiente de coancestria dentro dos fragmentos; F_{IT} : coeficiente de endogamia total; F_{ST} : coeficiente de endogamia entre fragmentos; F_{IS} : coeficiente de endogamia dentro dos fragmentos.

Fonte de Variação	Diversidade absoluta	Diversidade relativa
Entre populações (D_{ST})	0,042	0,06
Dentro de populações (H_S)	0,636	0,94
Total (H_T)	0,678	

Tabela 5 – Índices de diversidade genética de Nei entre e dentro de cinco fragmentos de *Lueheadivaricata*.

As estatísticas de diferenciação dentro (G_{IS} , f e F_{IS}) e entre fragmentos (G_{ST} , θ , F_{ST} e R_{ST}) estimadas sob diferentes abordagens foram similares (Tabela 4). O fato de os valores de F_{ST} e R_{ST} terem sido semelhantes sugere que os fragmentos estão evoluindo na mesma direção, uma vez que, segundo Valle et al. (2011), a diferença entre essas estatísticas se deve ao processo de evolução desses fragmentos, ou seja, o quanto eles estão divergindo no tempo em decorrência de seus modelos evolutivos. A estimativa de R_{ST} foi mais similar a θ , conforme esperado (Slatkin, 1995), pois ambas são baseadas em componentes de variância interpopulacional. Seus valores (0,076 e 0,075 respectivamente) revelam uma diferenciação moderada entre os fragmentos, segundo a escala apresentada em Hartl e Clark (2010).

O fragmento Camboazinho apresentou o maior coeficiente de endogamia em função de possuir a menor taxa de cruzamentos (0,691), sendo que Canas, que possui a maior taxa de cruzamentos (0,712), apresentou o menor coeficiente de endogamia. Usando marcadores microssatélites, Alves et al. (2013) fizeram a caracterização genética de 24 acessos de *Theobroma grandium* em diferentes centros de pesquisa da Embrapa no Brasil, como CPAFRO (município de Porto Velho – RO), CPAA (Manaus – AM) e CPATU (Belém – PA) e não observaram endogamia na população ($f = 0,003$), o valor médio de coancestria foi baixo ($\theta = 0,0199$) e o número de alelos observados foi de 45. Resultados similares ($f = 0,002$ e $F = 0,07$) foram obtidos por Moura et al. (2012) estudando a estrutura genética em populações fragmentadas de *Solanum lycocarpum* A. St.-Hil. A região do Cerrado do Brasil. Segundo Slatkin (1995), os valores de F_{IS} podem ser superestimados devido às altas taxas de mutação dos locos microssatélites. Como consequência existe maior probabilidade de os alelos serem idênticos por estado (mutações que resultam em um tamanho igual de unidades de repetição) do que por descendência. Além disso, o tamanho amostral desempenha papel importante na precisão da estimativa da endogamia devido a erros de amostragem, haja vista que, com amostras pequenas, é menos provável capturar todos os genótipos possíveis de cada loco, resultando em superestimativa da endogamia.

O fluxo gênico, em termos de número médio de migrantes por geração foi

estimado em 3,8 (Tabela 4), um valor alto, segundo a escala definida por Govindaraju (1989) que distingue três níveis de fluxo gênico, a saber: alto ($N_m > 1$), intermediário ($0,25 < N_m < 0,99$) e baixo ($N_m < 0,25$). Fluxo gênico alto seria suficiente para se contrapor aos efeitos das forças evolutivas (endogamia e deriva genética) e resultar em menor diferenciação entre os fragmentos. Porém, se trata de um valor superestimado, contando que a expressão usada para estimar o número de migrantes por geração foi desenvolvida para o modelo de ilhas de Wright, diferente do modelo de isolamento por distância do caso em estudo, o qual restringe o fluxo aos fragmentos mais próximos.

A diferenciação par a par indica uma maior diferenciação entre os fragmentos Cacequi e BR290 (resultado do menor fluxo de genes entre si) (Tabela 6). Por outro lado, e em resultado do maior fluxo entre si, os fragmentos Canas e Inhatinhum possuem a menor diferenciação genética. Esses dados contrastam com a primeira lei da geografia (Tobber, 1970). De acordo com essa lei, era esperada menor diferenciação entre os pares de fragmentos Canas e Camboazinho, e Inhatinhum e BR290, por serem geograficamente mais próximos entre si. De igual modo, era esperada maior diferenciação entre os fragmentos mais distantes, como Cacequi e Camboazinho, e Cacequi e Canas. Porém, aspectos como autoincompatibilidade, restrição de fluxo gênico ou o insucesso reprodutivo de migrantes podem explicar a não aplicabilidade dessa lei aos nossos dados. Similarmente, não foi observada correlação significativa entre os valores de F_{ST} par a par e as distâncias geográficas. Aparentemente, proximidade geográfica entre fragmentos não significa, necessariamente Conson (2012). Ademais, Medri et al. (2011) observaram correlação significativa entre a diferenciação genética e a distância geográfica entre nove subpopulações da espécie arbórea florestal *Aegiphila sellowiana* (Lauraceae), no Brasil.

	Camboazinho	Canas	Inhatinhum	Cacequi	BR290
Camboazinho	–	0,078	0,065	0,077	0,081
Canas	2,974	–	0,061	0,076	0,078
Inhatinhum	3,610	3,853	–	0,064	0,058
Cacequi	2,976	3,041	3,666	–	0,082
BR290	2,826	2,950	4,055	2,793	–

Tabela 6 – Estimativas de F_{ST} (diagonal superior) e fluxo gênico (diagonal inferior) par a par de cinco fragmentos de *L. divaricata*.

Os valores referentes ao número de migrantes por geração entre pares de fragmentos são superestimados, uma vez que existem pares que não trocam genes entre si, em função das distâncias entre eles. Além disso, a estatística F_{ST} não é adequada para análise genética de locos microssatélites devido ao fato de evoluírem de acordo com o modelo de mutação passo a passo, sendo a estatística R_{ST} a mais indicada. Portanto, devido à limitação do programa usado para a análise dos dados (programa FSTAT), que não determina os valores de R_{ST} par a par, as taxas de

fluxo entre os pares de fragmentos foram estimadas mediante valores F_{ST} par a par. Ademais, a estimativa indireta do fluxo gênico com base na estatística de diferenciação genética (F_{ST} ou R_{ST}) pressupõe estrutura genética sob o modelo de Wright (o qual assume uniformidade e constância, no tempo e no espaço, do tamanho populacional e da taxa de migração), não condizente com o modelo de migração observado nesse trabalho, com fragmentos isolados por distância. Apesar do modelo de ilhas ser o mais convencional, ele não reflete, segundo Sorketal. (1999), o movimento contemporâneo dos genes ou as alterações no processo de dispersão entre populações (sendo por isso o fluxo denominado histórico ou aparente), mas fornece informações valiosas sobre efeitos cumulativos de fluxo gênico na estrutura genética de populações.

Os decréscimos no número de alelos e na heterozigosidade com o passar das gerações são ilustrados nas Figuras 2 e 3. No início, uma elevada taxa de perda de alelos, reduzidos a cerca de 18 alelos no final de 100 gerações, a partir do qual estabiliza, terminando com cerca de sete alelos após 400 gerações. A perda de alelos ao longo do tempo foi acompanhada por uma redução da heterozigosidade, tanto observada como esperada, cujos valores iniciais foram 0,83 e 0,97, respectivamente, e, no final de 400 gerações, 0,52 e 0,64 respectivamente. A redução na heterozigosidade ocorreu em uma proporção inferior àquela do número de alelos observada nas primeiras 100 gerações, denotando a importância dos cruzamentos na recombinação dos alelos remanescentes para gerar variabilidade.

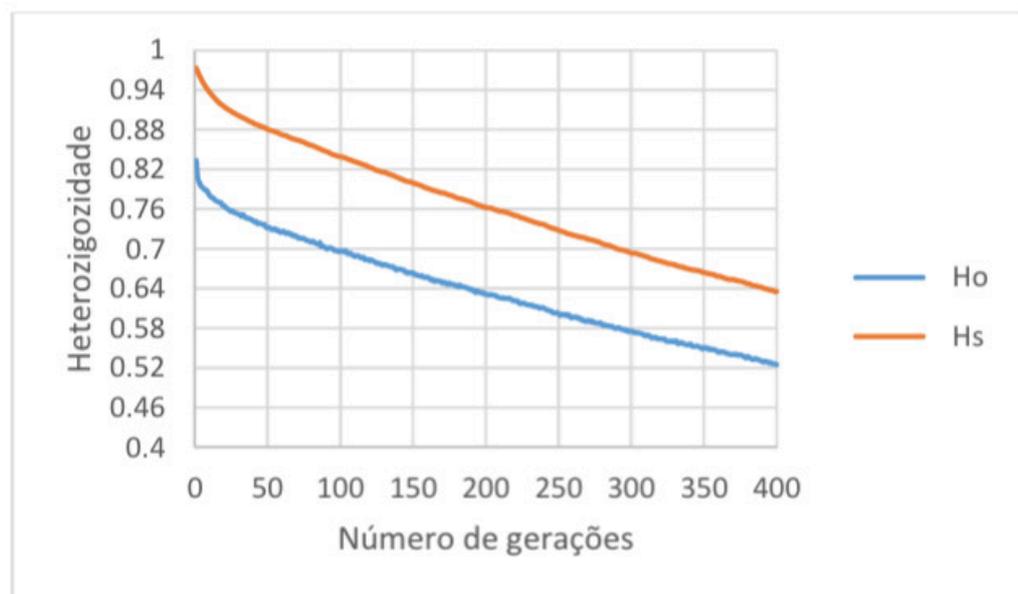


Figura 3 – Comportamento da heterozigosidade observada (Ho) e esperada (Hs) ao longo de 400 gerações em cinco fragmentos de *Luehea divaricata*.

Os valores de heterozigosidade foram plotados em função do número de gerações para taxa de migração inferior (0,01; Figura 4A) e superior (0,9; Figura 4B), para ilustrar o efeito da taxa de migração sobre a perda da variabilidade genética. A Figura 4A mostra que um fluxo gênico na taxa de 0,01 resultaria nos valores

atuais de heteroziguidade (0,52 e 0,64) após 360 gerações. Por outro lado, sob um fluxo superior, essa heteroziguidade teria sido alcançada após 400 gerações e a variabilidade genética seria ainda maior (Figura 4B). Esses dados ratificam, mais uma vez, o papel do fluxo gênico no controle da perda de variabilidade genética em populações.

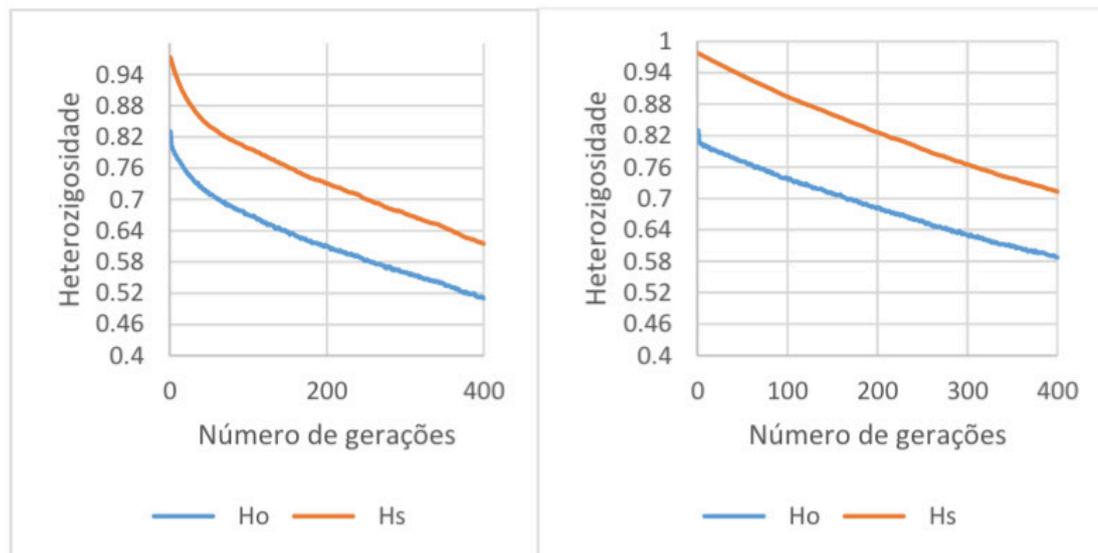


Figura 4 – Heteroziguidade observada e esperada considerando-se taxas de migração de 0,01 (A) e 0,9 (B) em cinco fragmentos de *L. divaricata*.

A área entre as curvas das heteroziguidades esperada e observada tende a reduzir com o passar das gerações (Figura 4B),

Essas diferenças entre os parâmetros ($H_s - H_o$), juntamente com os coeficientes de endogamia para as taxas de migração de 0,02 e 0,9, ilustram o impacto do fluxo gênico sobre a endogamia nos cinco fragmentos (Figura 5). A curva de $H_s - H_o$ para a taxa de migração de 0,02 foi mais íngreme que a de 0,9. Além disso, houve uma estabilização do coeficiente de endogamia para ambas as taxas de migração, apesar de uma ligeira tendência ascendente na taxa de migração de 0,02, sobretudo nas gerações iniciais. Porém, com o passar das gerações, as heteroziguidades observadas tendem a se aproximar das esperadas para o Equilíbrio. No entanto, a população com a taxa de migração de 0,02 possui tendência de atingir primeiro o equilíbrio de Hardy-Weinberg em relação àquela de 0,9, sob os mesmos valores iniciais de heteroziguidade. Isso acontece porque na taxa de migração de 0,02, a perda da heteroziguidade é mais rápida e a heteroziguidade esperada reduz com maior velocidade que a observada, atingindo mais cedo o equilíbrio apesar do baixo fluxo gênico.

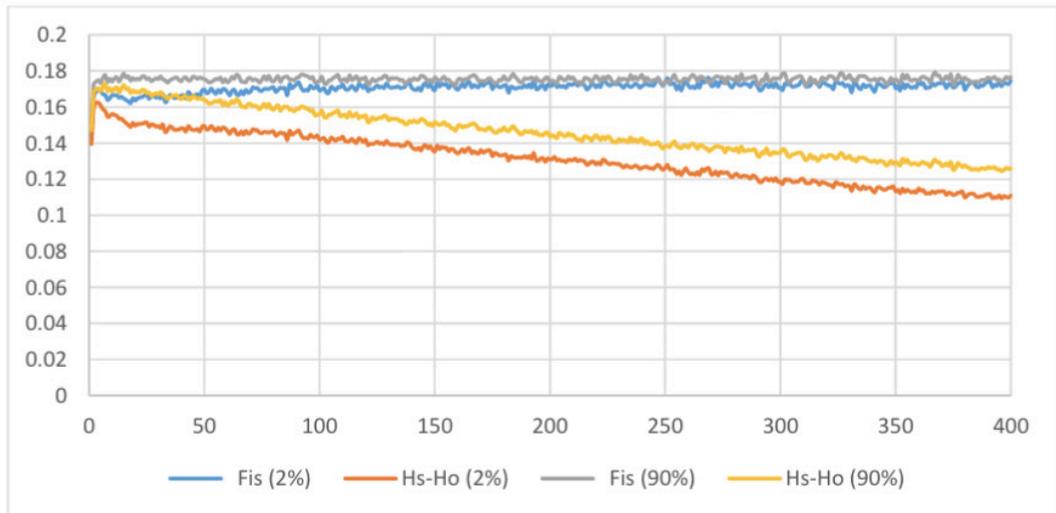


Figura 5 – Diferenças entre as heterozigosidades (Hs-Ho) e índices de fixação em função do número de gerações em cinco fragmentos de *L. divaricata*.

Uma plotagem das estatísticas F ilustra o quão os efeitos do isolamento dos fragmentos e o sistema reprodutivo contribui na endogamia total (F_{IT}) (Figura 6A e B). Devido à ausência de diferenciação entre os fragmentos, as curvas de F_{IS} e F_{IT} se sobrepõem na taxa de migração de 0,9. Isso indica que a endogamia devido à subdivisão é insignificante, sendo que a endogamia observada foi virtualmente causada pelo sistema reprodutivo. Por outro lado, a taxa de migração de 0,02 concede espaço para a ocorrência de endogamia em função do isolamento, para além do efeito do sistema reprodutivo.

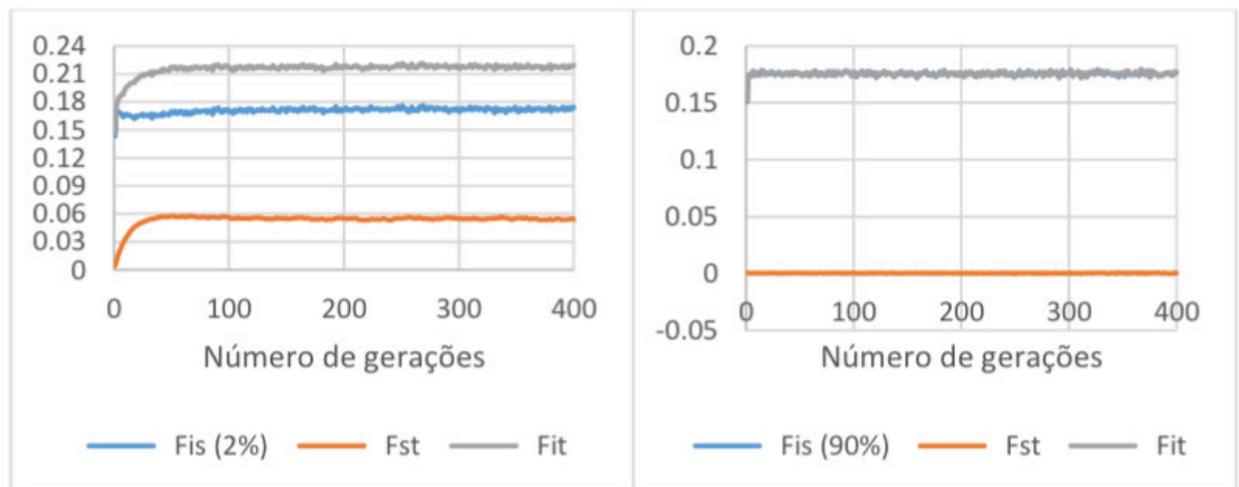


Figura 6 – Plotagem das estatísticas F de Wright para uma taxa de migração de 0,02 (em A) e de 0,9 (em B) em cinco fragmentos de *Luehea divaricata* Mart. & Zucc. em desenvolvimento no bioma Pampa, Rio Grande do Sul.

Parâmetros para a Conservação Genética

Com vistas à conservação dos recursos genéticos, o Tamanho Mínimo Efetivo e a Área Mínima Viável (Tabela 7) revestem-se de grande importância na medida em que minimizam os efeitos dos fatores que conduzem à extinção de alelos e,

consequentemente, à extinção de espécies.

	Camboazinho	Arroio Canas	Fazenda Inhatinhum	Rio Cacequi	BR290
n	100	100	300	100	50
Fis	0,183	0,168	0,18	0,175	0,173
Ne	84,53	85,62	254,24	85,11	42,63
Ne/n	0,85	0,86	0,85	0,85	0,85
D	26,32	26,32	26,32	26,32	26,32
A	3,8	3,8	11,4	3,8	1,9
PMV ₍₁₀₀₎	118	117	118	117	117
D ₍₁₀₀₎	-18	-17	182	-17	-67
PMV ₍₁₀₀₀₎	1183	1168	1180	1175	1173
D ₍₁₀₀₀₎	-1083	-1068	-880	-1075	-1123
AMV ₍₁₀₀₎	4,5	4,4	4,5	4,5	4,5
AMV ₍₁₀₀₀₎	45	44,4	44,8	44,6	44,6

Tabela 7 – Parâmetros para conservação genética da população em cinco fragmentos de *L. divaricata*.

n: tamanho do fragmento; Ne: Tamanho Efetivo Populacional; Fis: coeficiente de endogamia dentro dos fragmentos; d: densidade populacional (indivíduos ha⁻¹); A: área do fragmento em hectares; PMV₍₁₀₀₎ e PMV₍₁₀₀₀₎: População Mínima Viável para conservação em curto e longo prazo, respectivamente; AMV₍₁₀₀₎ e AMV₍₁₀₀₀₎: Área Mínima Viável para conservação em curto e longo prazo, respectivamente; D₍₁₀₀₎ e D₍₁₀₀₀₎: diferença entre o tamanho e a PMV do fragmento em curto e longo prazo, respectivamente.

O Tamanho Efetivo para todas as populações é inferior ao número de indivíduos amostrados, devido à ocorrência de endogamia ($F_{IS} > 0$). O fragmento Inhatinhum, que possui maior tamanho e menor coeficiente de endogamia, possui o maior Ne. Os valores da Tabela 7 sugerem que uma amostra de 85 indivíduos selecionados de maneira aleatória representará a variabilidade genética existente na população Camboazinho com 100 indivíduos. Já a população Canas, com o mesmo número de indivíduos, porém com uma taxa de fixação ligeiramente inferior, é representada geneticamente por 86 indivíduos. A diferença deve-se ao fato da endogamia reduzir a variabilidade genética da população, estando concentrada em um tamanho populacional inferior ao tamanho total. Em um extremo, se o índice de fixação ou coeficiente de endogamia for igual a zero, a variabilidade genética total estará distribuída em todos os indivíduos da população. Na amostragem de 20 indivíduos de duas populações da espécie arbórea florestal *Calophyllum brasiliense*, Botrel et al. (2006) obtiveram os tamanhos efetivos de endogamia de 18,24 e 19,59, para fins de conservação, usando a mesma expressão empregada no presente trabalho.

A razão Ne/n é um importante parâmetro nas atividades de preservação do germoplasma, coleção de sementes e conservação genética *in situ* (Vieira e Carvalho, 2008). Uma vez que o índice de fixação teve valores semelhantes nos cinco fragmentos, a razão Ne/n resultou, igualmente, em valores semelhantes, fazendo com que nenhuma subpopulação tenha prioridade para conservação sobre as demais (fragmentos com

menor razão N_e/n são prioritários para conservação) ou estratégia diferente de coleta de sementes (maior quantidade de amostragem é necessária em fragmentos com menor razão N_e/n para garantir a manutenção da variabilidade genética e mínima endogamia nas sementes). De qualquer maneira, devido aos elevados coeficientes de endogamia que resultaram em uma baixa razão N_e/n , são necessárias estratégias para a conservação e a coleta de sementes, as quais devem ser realizadas de maneira aleatória (não de sementes, mas de árvores matrizes).

A População Mínima Viável, determinada para prevenir a depressão endogâmica (curto prazo) e para manter o potencial evolutivo (longo prazo), foi determinada para os tamanhos efetivos de referência de 100 e 1000, respectivamente, conforme recomendado por Nuney e Campbell (1993). De acordo com Lynch (1998), a variância genética média (decorrente da deriva genética) torna-se independente do tamanho populacional quando o tamanho efetivo excede 1000 indivíduos, sendo esse o limite adequado para a conservação em longo prazo. No presente trabalho, foi assumida a mesma densidade (d) em todas subpopulações, com base no valor obtido no levantamento realizado por Figueiredo (2014), no município de São Martinho da Serra, e os resultados mostraram que somente o fragmento da Fazenda Inhatinhum apresentou possibilidades de manutenção da diversidade de equilíbrio genético em curto prazo, pois obteve um valor positivo do parâmetro D , a diferença entre o tamanho da população estimada e a PMV. Porém, em longo prazo nenhum dos fragmentos se mostrou viável para preservar seu potencial evolutivo (todos os valores de D são negativos), aumentando, assim, a probabilidade de oscilações genéticas aleatórias que poderão levar ao seu declínio, constituindo-se em mais um motivo da necessidade de intervenção. Vieira e Carvalho (2008) obtiveram também valores negativos de D para a conservação em curto e em longo prazo. Desse modo, estratégias urgentes para reduzir a endogamia e a perda de alelos por deriva são necessárias. Uma solução para os nossos fragmentos seria a criação e proteção de corredores ecológicos para manter o fluxo gênico entre si.

A conversão da PMV em termos de área (AMV) sugere que cada fragmento necessita de pelo menos de 4,5 ha para a conservação em curto prazo e 45 ha para a conservação em longo prazo. Condizente com o parágrafo anterior, somente a Fazenda Inhatinhum possui uma área (11 ha) capaz de prevenir a depressão endogâmica (curto prazo). Isso significa que, caso se mantenha assim e sem fluxo, chegaria ao declínio. Conectando-se os fragmentos Canas e Camboazinho, que juntas somam 7,6 ha, ter-se-ia um tamanho suficiente para sua viabilidade em curto prazo. Para as restantes três subpopulações, dada a sua localização geográfica, seria necessário conectá-las todas elas, permitindo um fluxo gênico intenso, de modo a que se comportem como única população panmítica. Porém, a conexão das três subpopulações (área total de 24,7 ha) não seria suficiente para se obter AMV para a conservação de longo prazo (45 ha), ou para a manutenção do seu potencial evolutivo (longo prazo). Porém, uma vez que a endogamia foi o efeito determinante na redução do tamanho efetivo,

com o consequente aumento da PMV, a conexão dos cinco fragmentos através de fluxo gênico, diminuiria a perda de alelos pela deriva e reduziria a endogamia. Essa ação resultaria em uma PMV (e AMV) ainda menor, tornando-a mais próxima ou até inferior à área atual de 24,7 ha. À título de ilustração, se o coeficiente de endogamia no primeiro fragmento (Camboazinho) fosse igual a zero, seu tamanho efetivo teria sido igual ao tamanho populacional e a área mínima viável seria igual a 3,8 e 38 ha, para conservação em curto e longo prazo, respectivamente.

Nas condições desta simulação, em que foram observados altos níveis de endogamia devido ao isolamento reprodutivo, o tamanho do fragmento florestal por si só não é suficiente para preservar seu potencial evolutivo a longo prazo, a menos que os fragmentos florestais estejam conectados por algum tipo de fluxo gênico. No curto prazo, apenas o fragmento florestal de Inhatinhum possui um tamanho suficiente para se contrapor aos efeitos da depressão endogâmica. Assim, propomos a construção de corredores ecológicos conectando os fragmentos Canas e BR290, e os fragmentos Inhatinhum e Cacequi. Desta forma, o fluxo gênico seria facilitado pelo chamado 'modelo de alpodras', através do qual cada fragmento troca genes com fragmentos adjacentes. Isso permitiria o fluxo gênico entre os fragmentos e, conseqüentemente, minimizaria os efeitos da deriva genética e endogamia. Além disso, o fluxo gênico facilitaria a distribuição de alelos, incluindo aqueles gerados por mutações, e aumentaria a diversidade genética e a capacidade adaptativa de toda a população em função de alterações ambientais.

AGRADECIMENTOS

Este estudo foi financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

REFERÊNCIAS

Alves RM, Silva CRS, Silva MSC, Silva DCS, et al. (2013). Diversidade genética em coleções amazônicas de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Rev. Bras. Frutic.* 35: 818-828. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-29452013000300019>

Balloux F (2001). EASYPOP (version 1.7): a computer program for population genetics simulations. *J. Hered.* 92: 301- 302. <http://dx.doi.org/10.1093/jhered/92.3.301>

Bawa KS (1974). Breeding systems of tree species of a lowland tropical community. *Evolution* 28: 85-92.

Botrel MCG, Souza AM, Carvalho D, Pinto SIC, et al. (2006). Caracterização genética de *Calophyllum brasiliense* Camb. em duas populações de mata ciliar. *Rev. Arvore* 30: 821-827. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-67622006000500016>

Cascante A, Quesada M, Lobo JJ and Fuchs EA (2002). Effects of dry tropical forest fragmentation on the reproductive success and genetic structure of the tree *Samanea saman*. *Conserv. Biol.* 16: 137-

147. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1523-1739.2002.00317.x>

Cockerham CC (1969). Variance of gene frequency. *Evolution* 23: 72-84.

Conson ARO (2012). Estrutura Genética em Populações de *Luehea divaricata* Mart. (Malvaceae). 58f. Master's thesis, Genetics and Molecular Biology, UEL, Londrina. http://www.uel.br/portal/frmOpcao.php?opcao=http://www.bibliotecadigital.uel.br/teses_dissertacoes.php. Accessed June 11, 2016.

Destro D and Montalván R (1999). Melhoramento Genético de Plantas. 1st edn. UEL Press, Londrina.

Didham RK, Ghazoul J, Stork NE and Davis AJ (1996). Insects in fragmented forests: a functional approach. *Trends Ecol. Evol.* 11: 255-260. [http://dx.doi.org/10.1016/0169-5347\(96\)20047-3](http://dx.doi.org/10.1016/0169-5347(96)20047-3)

do Valle GE, Zucchi MI, Stabellini NS, Lourenção AL, et al. (2011). Estrutura genética populacional de *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) utilizando marcadores microsatélites. *Neotrop. Entomol.* 40: 204-211. <http://dx.doi.org/10.1590/S1519-566X2011000200008>

Figueiredo MCS (2014). Florística de mata ciliar em São Martinho da Serra, RS, Brasil. 65f. Dissertação, Master's thesis, UFSM, Santa Maria. <http://w3.ufsm.br/ppgagrobio/MariaCarolina.pdf>. Accessed June 8, 2016.

Goudet J (1995). FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.* 86: 485-486.

Govindaraju DR (1989). Variation in gene flow levels among predominantly self-pollinated plants. *J. Evol. Biol.* 2: 173- 181. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1420-9101.1989.2030173.x>

Hartl DL and Clark AC (2010). Princípios de genética de populações, 4th edn. Artmed Press, Porto Alegre.

Lobo J, Solis S, Fuchs EJ and Quesada M (2013). Individual and temporal variation in outcrossing rates and pollen flow patterns in *Ceiba pentandra* (Malvaceae: Bombacoidea). *Biotropica* 45: 185-194. <http://dx.doi.org/10.1111/btp.12001>

Lowe AJ, Boshier D, Ward M, Bacles CF, et al. (2005). Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for Neotropical trees. *Heredity* 95: 255-273. <http://dx.doi.org/10.1038/sj.hdy.6800725>

Lynch M and Lande R (1998). The critical effective size for a genetically secure population. *Anim. Conserv.* 1: 70-72. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-1795.1998.tb00229.x>

Medri C, Ruas EA, Ruas CF, Medri PS, et al. (2011). Population genetic structure of the tropical tree species *Aegiphila sellowiana* (Lamiaceae). *Genet. Mol. Res.* 10: 3186-3198. <http://dx.doi.org/10.4238/2011.December.20.3>

Moraes PLR and Monteiro R (2002). Taxas de cruzamento em uma população natural de *Cryptocarya moschata* Nees (Lauraceae). *Biota Neotrop.* 2: 1-10.

Moritz C and Faith DP (1998). Comparative phylogeography and the identification of genetically divergent areas for conservation. *Mol. Ecol.* 7: 419-429. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-294x.1998.00317.x>

Moura TM, Martins K, Sujii PS, Sebbenn AM, et al. (2012). Genetic structure in fragmented populations of *Solanum lycocarpum* A. St.-Hil. with distinct anthropogenic histories in a Cerrado region of Brazil. *Genet. Mol. Res.* 11: 2674- 2682. <http://dx.doi.org/10.4238/2012.July.10.16>

- Nagel JC, Ceconi DE, Poletto I and Stefenon VM (2015). Historical gene flow within and among populations of *Luehea divaricata* in the Brazilian Pampa. *Genetica* 143: 317-329. <http://dx.doi.org/10.1007/s10709-015-9830-9>
- Nei M (1977). F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genet.* 41: 225-233. [http:// dx.doi.org/10.1111/j.1469-1809.1977.tb01918.x](http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-1809.1977.tb01918.x)
- Nei M and Syakudo K (1958). The estimation of outcrossing in natural populations. *Jpn. J. Genet.* 33: 46-51. Available at [https://www.jstage.jst.go.jp/article/ggs1921/33/2/33_2_46/_pdf]. Accessed June 11, 2016. <http://dx.doi.org/10.1266/jjg.33.46>
- Nunney L and Campbell KA (1993). Assessing minimum viable population size: Demography meets population genetics. *Trends Ecol. Evol.* 8: 234-239. [http://dx.doi.org/10.1016/0169-5347\(93\)90197-W](http://dx.doi.org/10.1016/0169-5347(93)90197-W)
- Peng B, Chen HS, Mechanic LE, Racine B, et al. (2013). Genetic Simulation Resources: a website for the registration and discovery of genetic data simulators. *Bioinformatics* 29: 1101-1102. <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btt094>
- Pollak E and Sabran M (1992). On the theory of partially inbreeding finite populations. III. Fixation probabilities under partial selfing when heterozygotes are intermediate in viability. *Genetics* 131: 979-985.
- Quesada M, Herrerías-Diego Y, Lobo JA, Sánchez-Montoya G, et al. (2013). Long-term effects of habitat fragmentation on mating patterns and gene flow of a tropical dry forest tree, *Ceiba aesculifolia* (Malvaceae: *Bombacoideae*). *Am. J. Bot.* 100: 1095-1101. <http://dx.doi.org/10.3732/ajb.1200542>
- Ruas EA, Conson ARO, Costa BF, Damasceno JO, et al. (2009). Isolation and characterization of ten microsatellite loci for the tree species *Luehea divaricata* Mart. (Malvaceae) and intergeneric transferability. *Conserv. Genet. Resour.* 1: 245-248. <http://dx.doi.org/10.1007/s12686-009-9060-5>
- Silva SMM, Martins K, Mesquita AGG and Wadt LHO (2014). Parâmetros genéticos para a conservação de *Hymenaea courbaril* L. na Amazônia Sul-Occidental. *Cienc. Florest.* 24: 87-95. <http://dx.doi.org/10.5902/1980509813326>
- Slatkin M (1995). A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics* 139: 457-462. Available at [<http://www.genetics.org/content/genetics/139/1/457.full.pdf>].
- Sobierajski GR, Kageyama PY and Sebbenn AM (2006). Sistema de reprodução em nove populações de *Mimosa scabrella* Benth (Leguminosaceae). *Sci. Forestalis* 71: 37-49.
- Sork VL, Nason J, Campbell DR and Fernandez JF (1999). Landscape approaches to historical and contemporary gene flow in plants. *Trends Ecol. Evol.* 14: 219-224. [http://dx.doi.org/10.1016/S0169-5347\(98\)01585-7](http://dx.doi.org/10.1016/S0169-5347(98)01585-7)
- Stefenon VM and Costa LS (2012). A simulation study on the behavior of allelic richness and inbreeding coefficient over generations in fragmented populations of tree species. *Ann. For. Res.* 55: 3-10.
- Tobler WR (1970). A computer movie simulating urban growth in the Detroit region. *Econ. Geogr.* 46: 234-240. [http:// dx.doi.org/10.2307/143141](http://dx.doi.org/10.2307/143141)
- Valdes AM, Slatkin M and Freimer NB (1993). Allele frequencies at microsatellite loci: the stepwise mutation model revisited. *Genetics* 133: 737-749.
- Vieira FA and Carvalho D (2008). Genetic structure of an insect-pollinated and bird-dispersed tropical tree in vegetation fragments and corridors: implications for conservation. *Biodivers. Conserv.* 17: 2305-2321. <http://dx.doi.org/10.1007/s10531-008-9367-7>

Vinson CC, Kanashiro M, Harris SA and Boshier DH (2015). Impacts of selective logging on inbreeding and gene flow in two Amazonian timber species with contrasting ecological and reproductive characteristics. *Mol. Ecol.* 24: 38-53. <http://dx.doi.org/10.1111/mec.13002>

Wright S (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420.

Yuan X, Miller DJ, Zhang J, Herrington D, et al. (2012). An overview of population genetic data simulation. *J. Comput. Biol.* 19: 42-54. <http://dx.doi.org/10.1089/cmb.2010.0188>

SOBRE O ORGANIZADOR

BENEDITO RODRIGUES DA SILVA NETO Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Ácido fólico 148
Análise de diversidade genética de Nei 205
Análise Multivariada 93

B

Bahia 24, 53, 54, 57, 60, 63, 64, 151, 188
Banco de DNA 5, 54, 57, 63
Bioaromas 38, 39
Bioinformática 118, 244

C

Camapu 47, 48, 59
Capsicum sp. 93, 94, 95, 103
Capsicum spp. 7, 8, 76, 77, 78, 81, 82, 93, 94, 95, 96, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104
Caracterização morfoagronômica 47
Coeficientes de endogamia 5, 205
COI 140, 141, 144, 147, 155, 156, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165
Componentes principais 201
Conservação de RGV 167
Crassostrea 9, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 165, 166
Cultivares 5, 7, 86, 114, 196
Cultivo urbano 167

D

Dissimilaridade 104, 116
Divergência 23, 104, 113, 115, 143, 162, 192, 193
DNA Mitoconrial 155
Dof (DNA-binding with One Zinc Finger) 118

E

Epidemiologia 148
Espécies Negligenciadas e Subutilizadas 54
Espinha bífida 148, 149, 151
Estabilidade genética 10
Estudos genéticos 66
Expressão de genes 118

F

Fenofase reprodutiva 130
Flamboyant 174, 175
Fluxo gênico 205, 214, 216
Fragmentação florestal 205

G

Germinação in vitro 174, 177, 178
Germoplasma 5, 1, 3, 11, 13, 15, 16, 61, 62, 64, 93, 106, 108, 113, 114, 116, 117, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 192, 242
Gower 106, 107, 110, 117

H

Herbário 53, 54, 57, 61, 132
Hortaliças 61, 62, 64, 65, 167, 172

I

Identificação Molecular 38, 40

L

Leveduras não-Saccharomyces 38

M

Malus spp. 107, 115
Maranhão 9, 75, 76, 78, 80, 82, 93, 94, 95, 103, 131, 138, 140, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 155, 156, 157, 158, 160, 162, 164, 165, 167, 168, 169, 170
Melhoramento genético 76
Metabólitos secundários 66
Microrganismos Patogênicos 25

P

PANC 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64
Plantas medicinais 51, 182
Precipitação 71, 72

Q

Qualidade de sementes 5

R

Receptividade estigmática 174

Ricinus communis L. 84, 85, 92, 126, 194, 195, 233, 234, 242, 243

Rubiaceae 13, 14, 16, 23, 59, 61

S

Sanidade Animal 25

Sapo-cururu 138

SDS 66, 67, 68, 69, 72

Segurança Alimentar 25, 173

Seleção direta 76

Simulações em Easypop 205

Sistemática 138

T

Triticum aestivum 1, 2, 11

Triton X-100 66, 67, 68, 69, 72

U

Uva 115, 185, 186

V

Variabilidade 47, 74, 104, 114, 192

Viabilidade Polínica 174

Videira 187, 188, 189

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-486-3



9 788572 474863