

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E DEMOGRÁFICA DE
POPULAÇÕES DE *Xylopia emarginata* Mart. (ANNONACEAE)**

PETERSON JAEGER

2004

PETERSON JAEGER

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E DEMOGRÁFICA DE
POPULAÇÕES DE *Xylopia emarginata* Mart. (ANNONACEAE)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Curso de Mestrado em Engenharia Florestal, área de concentração em Manejo Ambiental, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientadora
Profa. Dulcinéia de Carvalho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2004

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Jaeger, Peterson

Caracterização genética e demográfica de populações de *Xylopia emarginata*
Mart. (Annonaceae) / Peterson Jaeger. -- Lavras : UFLA, 2004.

113 p. : il.

Orientadora: Dulcinéia de Carvalho.

Dissertação (Mestrado) - UFLA.

Bibliografia.

1. Variabilidade genética. 2. Espécie florestal. 3. População natural. 4.
Caracterização demográfica. 5. Isoenzima. Universidade Federal de Lavras. II.
Título.

CDD-583.115
-634.973115

PETERSON JAEGER

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E DEMOGRÁFICA DE
POPULAÇÕES DE *Xylopia emarginata* MART. (ANNONACEAE)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Curso de Mestrado em Engenharia Florestal, área de concentração em Manejo Ambiental, para a obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 19 de março de 2004.

Prof. Dr. Eduardo van den Berg - UFLA

Profa. Dra. Edivani Villaron Franceschinelli - UFMG



**Profa. Dulcinéia de Carvalho - UFLA
(Orientadora)**

**LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL**

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela oportunidade que recebi e pelas pessoas que se fizeram presentes nesta etapa de minha vida e também por aqueles, que mesmo na ausência física, não deixaram de me apoiar e incentivar.

Agradeço pelas orientações de Dulcinéia de Carvalho, Eduardo van den Berg e Edivani Francescilli Villaron, que traçaram o caminho a ser percorrido e ao CNPq/CT-Hidro pelo apoio financeiro.

Agradeço aos amigos Anderson, que foi responsável pela minha ida a Lavras e me auxiliou, principalmente no começo dos estudos. À Márcia, que esteve sempre ao meu lado compartilhando dúvidas e acertos de nossos trabalhos. À Joema, que sempre orientou quando as dúvidas se faziam presentes. Ao Afrânio, que fez parte da fase inicial de estudos. À Maria Carolina, Sheila, Regiane, Livia, Mirian, Vássia e Cristiane, sempre presentes e dispostas à auxiliar. Ao Adelson, Israel, Gislene e Ana Carolina, pelo companheirismo e amizade dentro e fora da Universidade.

Aos Professores Sebastião Carlos da Silva Rosado, Ary Teixeira Oliveira-Filho e José Aldo pela convivência. Agradeço também, pelos momentos de amizade e descontração, à “Toca dos Gabirus” e à “Sociedade da Convergência Florestal”. Aos amigos de Departamento, em especial Bodinho, Lillian, Edmilson, Evandro, Pedro, Livia, Gustavo, Lucas, Awndréia, Luiz, Juninho e Nádia.

A todos, meus expressos a certeza de que estiveram presentes nesta fase de minha, não só como profissionais, mas como amigos.

SUMÁRIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	iii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 Matas de galeria.....	3
2.2 Caracterização da espécie.....	5
2.3 Variabilidade genética.....	6
2.4 Estrutura genética.....	7
2.5 Fluxo gênico.....	9
2.6 Tamanho efetivo.....	11
2.7 Autocorrelação espacial.....	12
2.8 Marcadores isoenzimáticos.....	14
2.9 Estrutura demográfica.....	19
2.10 Método de quadrantes.....	22
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.1 Descrição da área de estudo.....	25
3.2 Caracterização genética.....	27
3.2.1 Freqüências alélicas.....	29
3.2.2 Índices de diversidade genética.....	30
3.2.3 Estrutura genética.....	32
3.2.4 Estimação do fluxo gênico.....	35
3.2.5 Estimação do tamanho efetivo.....	37
3.2.6 Distribuição espacial dos genótipos.....	38
3.3 Caracterização demográfica.....	39
3.3.1 Freqüência.....	40
3.3.2 Densidade.....	40
3.3.3 Dominância.....	41
3.3.4 Distribuição diamétrica.....	42
3.3.5 Distribuição espacial.....	43
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	45
4.1 Caracterização genética.....	45
4.1.1 Freqüências alélicas.....	46
4.1.2 Índices de variabilidade genética.....	49
4.1.3 Estrutura genética.....	53
4.1.4 Fluxo gênico.....	59
4.1.5 Tamanho efetivo.....	61
4.1.6 Distribuição espacial dos genótipos.....	62
4.2 Caracterização demográfica.....	67
4.1 Estrutura demográfica.....	67
4.2.2 Correlações edafo-estruturais.....	72

4.3 Relação genético-demográfica.....	74
5 CONCLUSÕES.....	77
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	78
ANEXO.....	89

RESUMO

JAEGER, Peterson. Caracterização genética e demográfica de populações de *Xylopia emarginata* Mart. (Annonaceae). 2004. 113p. (Dissertação - Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.¹

Xylopia emarginata Mart. é uma espécie típica de matas de galerias, caracterizada pela sua tolerância às fortes saturações hídricas, tornando-se uma espécie em potencial para a recuperação dos ecossistemas ciliares. O presente estudo teve como foco duas matas de galeria em campo rupestre, com altitude variando entre 940 a 1.010m, localizadas no município de Itumirim, MG (S 21°21'42,8"; W 044°46'05,2"), objetivando a caracterização genética e demográfica dessas populações naturais. Os indivíduos foram amostrados em cinco subpopulações divididas por interrupções naturais e as amostras coletadas segundo o método de quadrantes, distribuídos sistematicamente a cada 20 m. As estimativas mais acentuadas do índice de fixação ocorreram nas subpopulações 1(-0,389), 4(-0,645) e 5(-0,848), sendo estas significativas, ao contrário daquelas encontradas nas subpopulações 2(-0,105) e 3(-0,209). Os índices de estrutura genética demonstraram a existência de excesso significativo de heterozigotos entre as subpopulações ($F = -0,298$). A divergência genética foi significativa para todos os casos quando as subpopulações foram tomadas aos pares, exceto para as subpopulações 2x3 ($\theta p = -0,006$) e 4x5 ($\theta p = -0,003$), que foram similares as subpopulações 1x4 que mostraram baixa divergência ($\theta p = 0,03$). A espécie não demonstrou estruturação espacial dos genótipos, indicando que indivíduos aparentados estão distribuídos aleatoriamente na área. O estudo demográfico demonstrou que o diâmetro à altura do peito (DAP) médio variou entre 12,36cm e 13,10cm, e a altura média entre 7,32m e 10,55m. A densidade e a dominância tiveram grandes variações mas não apresentaram um padrão ao longo das subpopulações. Entre as variáveis morfométricas obtidas, apenas a altura média e a relação DAP/altura tiveram diferenças significativas entre as subpopulações. A análise das variáveis químicas do solo mostrou que as parcelas localizadas em maiores altitudes foram influenciadas pela matéria orgânica (MO), capacidade de troca catiônica(t) e saturação de alumínio, enquanto as parcelas em menor altitude foram influenciadas pelo pH e saturação de bases. Contrastando os dados genéticos, demográficos e de solo, observou-se a existência de correlação entre DAP e pH. O perfil genético supracitado apresentou compatibilidade com pH, (t) e MO, ou seja, onde há equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) existe igualdade estatística entre os níveis encontrados para essas variáveis químicas. Assim, há indícios de que as características genéticas da população sejam

¹ Comitê Orientador: Dulcinéia de Carvalho - UFLA (Orientador), Eduardo van den Berg - UFLA (Co-orientador).

influenciadas por fatores químicos do solo, enquanto que as características morfológicas ocorrem por interferência de fatores externos, não mensurados no presente estudo.

ABSTRACT

JAEGER, Peterson. Genetic and demographic characterization of *Xylopia emarginata* Mart. (Annonaceae) populations. Lavras: UFLA, 2004. 113p. (Masters Dissertation- Forestry).²

Xylopia emarginata Mart. is a typical species from gallery forests, characterized by its tolerance to hydric saturation, with potential for landscape recuperation. Thus, the objectives of this research were to characterize genetically and ecologically in two natural populations, regarding altitude (949 to 1.000m) and place (Itumirim, MG, S 21°21'42,8"; W 044°46'05,2). Five subpopulations from two different sub-basin, with natural interruptions had samples collected by using the point-centered quarter method. These points were systematically distributed in each 20m. The results showed that the estimates of the fixation indexes in the subpopulations 1(-0,389), 4 (-0,645) e 5 (-0,848) were significant, and in the subpopulations 2(-0,105) e 3(-0,209) were not significant. The genetic structure indexes showed the existence of heterozygotes excess among the populations ($F=0,298$). The genetic divergence was significant when the subpopulations were sampled in double, except for the subpopulations 2x3 ($\theta_p=0,006$) and 4x5 ($\theta_p=0,003$), which were similar and 1x4 with low divergence ($\theta_p=0,03$). This species did not present spatial structure of genotypes and the individuals were randomly distributed in the area. The demographic study by using the point-centered quarter method was performed in three subpopulations from the same sub-basin and the results showed that the diameter at breast height (dbh) ranged from 12,36cm to 13,10cm, and the height (h) ranged from 7,32m to 10,55m. The variations in density and dominance were high but did not follow a standard. The morphometric variables, height and the relation dbh/h showed significant differences. The soil chemical variables analyzed by the principal components analysis showed that the plots located in the highest altitudes were influenced by organic matter, cation exchange capacity and aluminum saturation. The plots located at low altitude were influenced by pH and base saturation. The genetic, demographic and soil data showed correlation between dbh and pH. Genetic profile showed compatibility with pH, cation exchange and organic matter. Therefore, where the populations showed HWE (Hardy Weinberg Equilibrium) there was no statistical difference among the levels found. These results appointed that genetic characters of

² Supervising Committee: Dulcinéia de Carvalho - UFLA (Main Supervisor), Eduardo van den Berg - UFLA (Co-supervisor).

populations were influenced by chemical factors from the soil, whereas morphologic characters were influenced by extern factors, which were not studied in this work.

1 INTRODUÇÃO

A estrutura populacional de uma espécie, definida como o conjunto de suas características genéticas e demográficas, é o resultado da ação e das interações de uma série de mecanismos evolutivos (tais como a variação no conjunto gênico e sua organização, a distribuição espacial dos genótipos e o sistema reprodutivo) e ecológicos (como polinização, dispersão, predação, mortalidade e regeneração). A união dos princípios teóricos da genética com os de ecologia de populações resulta em uma gama de informações que oferece fundamento consistente para analisar e interpretar, sob o enfoque evolutivo, a dinâmica populacional. Pode-se dizer, então, que a conservação da biodiversidade depende atualmente de estudos de ecologia e genética que utilizem indicadores precisos relacionados à composição, estrutura da floresta e aspectos funcionais. Partindo dessas informações, têm-se condições para planejar tanto o manejo de espécies como a recomposição de áreas que foram alteradas por alguma ação antrópica, garantindo que a variabilidade genética da população remanescente ou implantada seja suficientemente grande para a manutenção dos processos evolutivos locais.

Seguindo este raciocínio e considerando os intensos processos de fragmentação que ocorrem dentro do bioma Cerrado, existe a necessidade do conhecimento das condições naturais ainda existentes, a fim de conservá-lo e utilizá-lo de forma sustentável.

Entre as formações vegetais ainda isentas dos processos de fragmentação, podem ser encontradas as matas ciliares, consideradas como importantes elementos caracterizadores das paisagens do Brasil Central, apesar de revestirem uma superfície relativamente pequena, evidenciando a particular fragilidade desses ecossistemas. À importância das florestas de galeria para a

conservação da fauna dos cerrados e dos recursos hídricos, soma-se a urgência de conservar amostras significativas de seus genótipos em condições naturais.

Neste contexto, o presente estudo aborda populações naturais de *Xylopia emarginata* Mart., buscando os seguintes objetivos:

- i. quantificar a variabilidade genética dentro de cinco subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart. sob condições naturais;
- ii. verificar a aderência das proporções genóticas ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg;
- iii. verificar a existência de estruturação genética espacial nessas subpopulações;
- iv. estimar o fluxo gênico interpopulacional e o tamanho efetivo das subpopulações;
- v. caracterizar padrões demográficos em três subpopulações naturais de *Xylopia emarginata* Mart.;
- vi. correlacionar os resultados do estudo genético com os resultados obtidos no estudo demográfico.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Matas de galeria

A importância da existência de florestas ao longo dos rios e ao redor de lagos e reservatórios fundamenta-se no amplo espectro de benefícios que este tipo de vegetação traz ao ecossistema, exercendo função protetora sobre os recursos naturais bióticos e abióticos. Do ponto de vista dos recursos bióticos, as matas ciliares criam condições favoráveis para a sobrevivência e manutenção do fluxo gênico entre populações de espécies animais que habitam as faixas ciliares ou mesmo fragmentos florestais maiores que podem ser por elas conectados. Do ponto de vista dos recursos abióticos, as florestas localizadas junto aos corpos de água desempenham importantes funções hidrológicas, compreendendo: proteção da zona ripária, filtragem de sedimentos e nutrientes, controle do aporte de nutrientes e de produtos químicos aos cursos d'água, controle da erosão das ribanceiras dos canais e controle da alteração da temperatura do ecossistema aquático (Marinho Filho & Reis, 1989; Mantovani, 1989; Durigan & Silveira, 1999).

As florestas ribeirinhas são caracterizadas pela grande heterogeneidade ambiental, gerada por fatores físicos e bióticos (Bertani, 2000). Como fatores físicos podem-se citar as variações topográficas e edáficas e a influência do regime de cheias do rio, resultando na deposição e retirada de sedimentos e na retirada da camada de serapilheira. Os fatores bióticos seriam a influência das áreas florestais adjacentes e a formação de corredor de vegetação destas áreas que poderia proporcionar um trânsito maior de polinizadores e dispersores, além de uma maior possibilidade de fluxo gênico com áreas mais remotas.

Os resultados conhecidos de estudos sobre o papel das florestas ripárias confirmam a hipótese de que elas atuam como filtros de toda a água que

atravessa o conjunto de sistemas componentes da bacia de drenagem, sendo determinantes, também, das características físicas, químicas e biológicas dos corpos de água (Delitti, 1989). Segundo Passos (1998), para a fauna terrestre, os ecossistemas ripários servem como local de abrigo, reprodução, alimentação e para saciar a sede, principalmente em áreas onde a vizinhança se constitui de campos e cerrados, onde os recursos necessários para a sobrevivência da fauna são escassos.

Uma revisão dos termos utilizados para denominar as florestas relacionadas a cursos fluviais no Brasil feita por Mantovani (1989), encontrou, para as planícies das regiões amazônicas e centro-oeste, o termo mata ciliar, na qual os grandes rios correm entre diques marginais, formados por deposição de sedimentos e por trás dos quais há várzeas extensas, formando verdadeiras “pestanas” dos rios. Já para a floresta mesofítica de qualquer grau de deciduidade, que orla um ou dois lados de um curso de água em uma região onde a vegetação do interflúvio não é uma floresta contínua dá-se o nome de mata de galeria (Passos, 1998). Esta conceituação é reforçada por Kellman (1996), afirmando que florestas de galeria são formações florestais ripícolas presentes em biomas cuja formação vegetal dominante é não florestal, ocorrendo naturalmente em forma de inclusão de vegetação florestal.

Eiten et al. (1993) sugerem como definição para “floresta de galeria”, aquela que depende da aproximação do lençol freático à superfície ao longo dos fundos de vales, de maneira que uma boa quantidade de água está disponível a todas as raízes das árvores o ano todo, suficiente para suprir integralmente as necessidades da planta.

De forma mais específica, mata de galeria é a designação para a vegetação florestal ocorrente em cursos de água de pequena largura, onde as copas das árvores de ambas as margens se tocam, formando a galeria

propriamente dita, permitindo um ambiente característico para a vegetação (Kawaguici, 2001).

Ab'Saber (1971) associa as floretas de galeria ao cerrado, como elementos típicos da paisagem dos planaltos tropicais do centro-oeste do Brasil. As florestas de galeria teriam sofrido interferência dos grandes maciços florestais, como a Mata Atlântica, Floresta Amazônica e do rio Paraná e desenvolveram-se no domínio do Cerrado, acompanhando a rede de drenagem.

2.2 Caracterização da espécie

A *Xylopia emarginata* Mart. é uma espécie pertencente à família Annonaceae, conhecida popularmente por pindaíba-d'água, pindaíba-do-brejo ou pimenta-do-brejo. Segundo Paula (1997), morfologicamente, ela apresenta fuste reto, casca fina, aromática e com o desenvolvimento de líquens na superfície; folha oblonga ou oblongo-elíptica, pecíolo curto; flor axilar, aos pares ou isolada; frutos glabros, apocárpicos, baciformes, constituídos de 3 a 5 carpídios cada, os quais se abrem através de uma fenda longitudinal na sutura carpelar; semente preta com arilo. Lorenzi (1992) acrescenta ainda que a altura está entre 10 e 20 metros e tronco com 20 a 30 cm de diâmetro. Sua copa é pequena e piramidal, com folhas estreitas, luzidas e glabras, com 4 a 6 cm de comprimento.

Considerando os aspectos ecológicos, a *X. emarginata* Mart. é uma planta perenifólia, heliófita, pioneira, característica de terrenos alagadiços onde chega a formar maciços homogêneos. Ocorre principalmente em formações secundárias de quase todas as formações florestais, porém, sempre em terrenos alagadiços de beira de rios. Sua presença no interior da mata primária densa é menos comum. Geralmente ocorre em grandes agrupamentos, chegando a formar populações quase puras. Ratter (1971) descreve a *X. emarginata* como uma espécie alta muitas vezes emergente, com tronco fino e reto e com copa

estreita, e com a aparência característica de muitas matas de galeria. Ainda, em áreas pantanosas raízes tabulares (sapopemas) e raízes superficiais são abundantes e caracterizam várias espécies. Indivíduos jovens de *X. emarginata* possuem raízes escoras; tais raízes saem do tronco até 3 m acima do nível do solo; à medida que o tronco cresce, as raízes vão se unindo a ele até formarem raízes tabulares nos indivíduos grandes. Apesar de sua escassa produção de sementes viáveis, é citada como espécie potencial para recuperação de áreas ciliares degradadas (Lorenzi, 1992).

A ocorrência natural de *X. emarginata* é registrada desde a Bahia até São Paulo (Castellani et al., 2001), em Brasília (Ratter, 1971), no Triângulo Mineiro (Schiavini, 1992) e no Mato Grosso (Oliveira-Filho, 1989).

2.3 Variabilidade genética

Uma condição fundamental para que haja evolução é a existência de variação genética. A seleção natural atua entre as variantes dentro das populações em relação à adaptação ao ambiente, proporcionando variação entre populações e, por fim, variação entre espécies (Torggler et al., 1995).

A conservação de espécies tem por base a manutenção dos níveis naturais de variabilidade genética nas populações (Yeoh et al., 1996). Frankel (1983) afirma que o conhecimento dos níveis e distribuição da variação genética dentro e entre populações é de fundamental importância para o estabelecimento de práticas conservacionistas efetivas e eficientes.

A genética de populações tornou-se uma ferramenta importante devido à sua finalidade de descrever a variação genética em populações e estudar os mecanismos de manutenção dessa variabilidade (Nei, 1987). Tal variabilidade é introduzida continuamente nas populações por mutação ou migração de indivíduos de outras populações e é perdida por deriva genética, por

endocruzamentos e, no caso de genes neutros, pela maior parte dos tipos de seleção natural (Nei, 1987).

A caracterização da variabilidade genética dentro de populações é efetuada a partir de medidas de diversidade intrapopulacional, como a porcentagem de locos polimórficos (P); o número médio de alelos por loco polimórfico (AP); o número médio de alelos observados (A); a heterozigose média esperada (H_e) por loco e o número efetivo de alelos (A_e). Algumas vezes, também é utilizada a heterozigose média observada (H_o) por loco (Solé-Cava, 2001; Oliveira, 2002).

Dentre as características que podem influenciar na constituição genética ressaltam-se: o tamanho efetivo da população, a distribuição geográfica das populações, o modo de reprodução, o sistema de cruzamento, o mecanismo de dispersão de sementes e o tipo de comunidade em que a espécie habitualmente ocorre (Hamrick, 1983).

Em populações naturais, os estudos de variação genética envolvem duas questões básicas (Hamrick, 1983; Loveless & Hamrick, 1984; Kageyma, 1987): i) descrever os níveis de variação genética mantidos dentro das populações ou espécies e ii) descrever o modo como a variação genética é partilhada dentro e entre as populações. Essa última é de particular interesse para a conservação dos recursos genéticos e fundamental para o manejo racional dos recursos de populações naturais, pois fornece matéria-prima para mudanças evolucionárias futuras e níveis diferentes de variação em diferentes populações podem fornecer evidência de eventos evolucionários no passado (Weir, 1990).

2.4 Estrutura genética

A estrutura genética é o resultado da ação conjunta de mutação, migração, seleção e deriva, as quais, por sua vez, devem operar dentro do

contexto histórico e biológico de cada espécie de planta. Essa estrutura pode se manifestar entre populações geograficamente distintas, dentro de um grupo local de plantas ou mesmo nos indivíduos de uma progênie (Moraes, 1997).

A estrutura genética da população refere-se à heterogeneidade na distribuição dos genótipos e do grau de endogamia dentro de populações e entre estas (Alfenas, 1998). Para Loveless & Hamrick (1984), a estrutura genética é definida como a distribuição não casual de alelos ou genótipos no tempo e no espaço, sendo desprezados outros fatores que possam afetar as frequências alélicas e genotípicas, como a organização do genoma e os processos meióticos. A estrutura populacional de uma espécie é definida como o conjunto de características genéticas e demográficas resultantes da ação e das interações de vários mecanismos evolutivos e ecológicos (Martins, 1987). Loveless & Hamrick (1984) consideram que, devido à mobilidade limitada das plantas, os modelos genéticos e espaciais são frequentemente assumidos como resultado da heterogeneidade ambiental e da pressão de seleção diferencial.

Segundo Hamrick (1983), do ponto de vista da conservação genética, a perda de uma parte da população subdividida em estrutura de famílias pode ser tão crítica quanto à perda de uma população inteira. Isso porque a variabilidade genética dentro das populações é, principalmente, garantida pela variabilidade genética existente entre subpopulações. Assim, a estrutura genética das populações envolve o conhecimento dos níveis de variabilidade genética e de sua distribuição entre e dentro populações, sendo este conhecimento muito importante por permitir a adoção de estratégias de manejo mais adequadas para a conservação genética e também na exploração desta variabilidade em melhoramento vegetal (Kageyama, 1987; Dias & Kageyama, 1991).

Os estudos de estrutura genética são fundamentados no teorema de Hardy-Weingberg, o qual é a base da teoria genética da evolução. O teorema assume, sob certas premissas que, de uma geração para outra não há mudança na

abundância relativa dos alelos; a única mudança na composição genética da população é a redistribuição dos genótipos em frequências que serão mantidas em todas as gerações subsequentes (Futuyma, 1992). As premissas subordinadas a este teorema são: i) o tamanho da população é infinito ou efetivamente infinito; ii) os indivíduos cruzam-se aleatoriamente; iii) os alelos são igualmente componentes na síntese de cópias de si mesmo (isto implica ausência de seleção) e iv) não ocorre a introdução de novas cópias de qualquer alelo a partir de fonte externa, ou seja, não há migração ou mutação.

Tomando-se como referência o teorema de Hardy-Weinberg, as principais forças microevolutivas podem ser tomadas como desvios deste equilíbrio (Reis, 1996). Segundo Nei (1973) e Wright (1978), a verificação da existência de estruturação gênica nas populações naturais e a estimativa do fluxo gênico entre essas subpopulações pode ser feita a partir da variância das frequências gênicas entre as localidades diferentes ou pela perda de heterozigiosidade das subpopulações em relação à heterozigiosidade total.

Os métodos estatísticos geralmente empregados para caracterizar a estrutura genética populacional, a partir de isoenzimas, são as análises de variância de frequências gênicas (Cockerhan, 1969; Vencovsky, 1992; Weir, 1996), a diversidade genética de Nei (Nei, 1973) e as estatísticas F de Wright (1965).

2.5 Fluxo gênico

Fluxo gênico, por definição, inclui o movimento dos gametas, sementes, indivíduos ou grupos de indivíduos e a recolonização de populações inteiras (Slatkin, 1981). Pode-se dizer que é a entrada ou saída recorrente de genes de uma população por migração. O fluxo gênico tem o efeito de homogeneizar a

composição genética, de modo que se ele for o único fator operante, todas as populações irão convergir para uma mesma frequência alélica (Futuyma, 1992).

A movimentação de alelos entre e dentro populações naturais é resultado de dispersão dos propágulos, bem como dos efeitos da seleção natural, associados à dinâmica demográfica (Reis, 1996). Neste contexto, Kageyama (1986) ressalta que a dispersão de pólen e de sementes determina o fluxo gênico entre e dentro de populações, influenciando diretamente a estrutura genética das populações.

O fluxo gênico está entre os eventos que melhor caracterizam a dinâmica da movimentação de alelos em populações naturais, pois implica na quantificação deste movimento entre populações, bem como na caracterização dos mecanismos envolvidos (Reis, 1996). De acordo com Martins (1987), o fluxo gênico é importante entre os diversos mecanismos microevolutivos, por suas implicações na estrutura genética de populações, tanto entre como dentro, pois condiciona a natureza e o nível de variabilidade dessas populações e precisa ser considerado no estabelecimento e manejo de reservas genéticas.

Slatkin (1981) sugere que as espécies com alto fluxo gênico desenvolvem-se como uma unidade panmítica, enquanto que a seleção e a deriva podem ser bastante importantes em espécies que apresentem baixo fluxo gênico. Entretanto, Wright (1931) ressalta que o fluxo gênico deve exceder um determinado nível para evitar substancial diferenciação genética devida à deriva. Na teoria, populações locais irão divergir por deriva se o fluxo gênico (Nm) a partir de uma população fonte ou unidade panmítica for menor que 1 migrante por geração.

Futuyma (1992) descreve quatro modelos para explicar como o fluxo gênico atua em metapopulações: i) continente-ilha, ii) ilhas, iii) alpondras ("stepping-stone") e iv) modelo de isolamento por distância.

- a) O modelo de “continente-ilha” é a representação mais simples do processo de colonização. Ele baseia-se no modelo de migração de ilhas de Wright (1940) e assume migração unidirecional de uma fonte relativamente grande, com uma frequência alélica fixada para colônias pequenas isoladas ou ilhas. Pode ser aplicado para populações de plantas que envolvem dispersão a longas distâncias e são particularmente relevantes para a distribuição de plantas colonizadoras (Barrett & Husband, 1989).
- b) O modelo de “ilhas”, no qual a migração ocorre entre subpopulações. Ao contrário do modelo “continente-ilha”, a migração é multidirecional porque as subpopulações são consideradas com o mesmo tamanho efetivo.
- c) O modelo de “alpondras” (“stepping-stone”), no qual cada população recebe migrantes somente de populações vizinhas. No modelo de “alpondras” (Kimura & Weiss, 1964), há a predição de que quando a migração é restrita dessa forma, as populações divergirão e a correlação entre populações diminuirá com as distâncias que as separam (Barrett & Husband, 1989).
- d) O modelo de “isolamento pela distância”, no qual o fluxo gênico ocorre localmente entre vizinhos, em uma população de distribuição contínua. Na maioria dos casos, os imigrantes, em grande parte, vêm de grupos vizinhos, havendo um maior ou menor grau de isolamento pela distância (Wright, 1969).

2.6 Tamanho efetivo

O tamanho efetivo da população (N_e) é o número de indivíduos que participam na produção da próxima geração. Em outras palavras, representa o

tamanho de uma população ideal, na qual cada indivíduo contribui igualmente para o conjunto gamético, tendo a mesma variação em frequências alélicas que a população observada (Wright, 1931). Ele incorpora um fator histórico: uma população com um número grande de indivíduos originados há poucas gerações de um número pequeno de ancestrais terá um tamanho efetivo menor do que populações que permaneceram demograficamente estáveis há muito tempo. A diminuição do tamanho efetivo da população é, portanto, um dos principais responsáveis pela perda de variabilidade em populações ameaçadas de extinção (Solé-Cava, 2001).

As reduções esporádicas no tamanho de populações têm efeito sobre as gerações subsequentes. O número mínimo de indivíduos que se reproduziram durante um período do estrangulamento demográfico (bottleneck) define a probabilidade de perda de alelos por deriva genética. Os alelos perdidos só podem ser recuperados por mutação ou, a partir de outras populações, por imigração (Alfenas, 1998).

Sebbenn (1997) e Lepsh-Cunha (1999) apontam para a importância de se determinar o N_e de forma a estimar a área mínima viável para a conservação *in situ* de uma espécie. Entretanto, ainda vem sendo bastante discutido um número ideal para a conservação de uma espécie. Para este fim, são sugeridos N_e de 50 como suficiente para prevenir a perda de alelos raros em poucas gerações e N_e de 500 para a conservação destes alelos em longo prazo (Frankel & Soulé, 1981).

2.7 Autocorrelação espacial

Para Loveless & Hamrick (1984), os padrões espaciais e genéticos resultam da heterogeneidade ambiental e pressões seletivas diferenciais. Enquanto os padrões espaciais frequentemente têm implicações genéticas, os

padrões genéticos aleatórios podem existir sem nenhuma distribuição espacial não aleatória dos indivíduos. De forma contrária, uma população pode ter uma distribuição espacial não aleatória sem qualquer acompanhamento de estrutura genética.

Os modelos de autocorrelação espacial são uma ferramenta poderosa para detectar padrões de variação e, em muitos casos, para fazer inferências sobre os processos envolvidos na diferenciação de populações locais. Estes modelos, portanto, devem merecer destaque nos estudos futuros em diversas áreas da genética, ecologia e evolução (Diniz Filho, 1998).

A análise da autocorrelação espacial é um conjunto de procedimentos estatísticos delineados para detectar e quantificar a dependência de uma variável, baseado em valores amostrados de localidades múltiplas mapeadas em um espaço geográfico (Heywood, 1991). Esta pode ser definida como a propriedade de variáveis assumirem valores, em pares de localidades separadas por uma certa distância, mais similares (autocorrelação positiva) ou menos similares (autocorrelação negativa) do que seria esperado pela associação aleatória dos pares observados (Legendre, 1993).

A autocorrelação espacial não requer reconhecimento de subpopulações e, dessa forma, não faz suposições sobre a escala espacial da estrutura. Por essa razão, e devido ao fato da análise de autocorrelação espacial genética poder basear-se no genótipo dos indivíduos e nas distâncias das plantas individuais, os coeficientes de autocorrelação espacial oferecem uma descrição mais completa da estrutura genética de uma população, do que os índices de diversidade genética entre populações F_{ST} e G_{ST} (Dewey & Heywood, 1988).

Se a estruturação espacial está afetando muitos locos, é razoável interpretar como evidência de migração ou processos relacionados ao fluxo gênico, ao passo que, correlogramas da estrutura espacial significativos para

poucas características genéticas podem ser seguramente interpretados como resultado de deriva ou seleção (Sokal & Menozzi, 1982).

Para obter o coeficiente de autocorrelação espacial de uma variável deve-se correlacionar os valores daquela variável a pares de pontos em um plano; contudo, nem todos os pares de pontos serão relacionados, mas apenas aqueles considerados vizinhos (Sokal & Oden, 1978).

2.8 Marcadores isoenzimáticos

O conhecimento dos aspectos relacionados à produção, dispersão e germinação de sementes, além da fisiologia do desenvolvimento das espécies, é fundamental quando se procura compreender a distribuição e o comportamento destas espécies dentro de uma população. A maioria das espécies arbóreas tropicais apresenta um ciclo vegetativo longo e não existe tecnologia silvicultural que permita o cultivo adequado de árvores para constituir os testes genéticos clássicos. Por estas razões, torna-se necessário desenvolver estudos na área de genética molecular para conhecer, de uma forma precisa e rápida, a estrutura genética das populações.

Qualquer classe de molécula deve preencher certos requisitos básicos para ser candidata a servir como marcador. Esses requisitos básicos incluem: capacidade de armazenar informação genética sob forma estável e de transferir esta informação a todas as partes da célula; capacidade de duplicar com precisão a informação e transferi-la às outras células durante a divisão celular e capacidade de sofrer variações sob a forma de mutações. Entre todas as moléculas existentes na célula, somente o DNA, o RNA e as proteínas são suficientemente complexos para preencher esses requisitos básicos (Ramalho, 1990, citado por Paiva, 1992).

As isoenzimas, na definição original de Market & Moller (1959), são formas diferentes de uma mesma enzima que ocorrem num mesmo organismo com afinidade por um mesmo substrato (funções idênticas ou similares). As isoenzimas são controladas geneticamente por um ou vários genes situados num mesmo loco ou em locos diferentes, respectivamente (Scandalios, 1969).

O surgimento das isoenzimas como marcadores genéticos no começo da década de 1980 permitiu um grande avanço nos estudos de genética populacional de espécies arbóreas florestais. Estes marcadores vêm sendo utilizados com o objetivo de descrever a organização da variação genética em populações naturais de plantas (Hamrick et al., 1981; Loveless & Hamrick, 1984; Hamrick & Loveless, 1986). Segundo Mitton (1983), os polimorfismos protéicos foram considerados como uma amostra potencialmente aleatória do genoma e, mesmo com as proteínas sendo freqüentemente empregadas como uma amostra representativa do genoma como um todo, não há testes críticos que consolidem essa hipótese. Ao contrário, várias observações sugerem que as mesmas não constituem amostras aleatórias do genoma. As enzimas em grupos funcionais diferentes, com diferentes estruturas terciárias e com diferentes tamanhos de subunidades, diferem em seus graus de polimorfismo e heterozigidade. Dessa forma, a amostra mais aleatória é, por si, um grupo heterogêneo de locos.

Um fator que se deve levar em conta com relação aos estudos populacionais refere-se ao procedimento de amostragem a ser adotado. Tem havido discussões na literatura sobre o número mínimo de locos necessários para produzir estimativas geralmente aceitáveis da variação genética. Lewontin (1974) sugere que estudos com menos de 18 locos são de valor questionável. Powell (1975) cita que outros autores não têm incluído estudos em que menos de 10 locos tenha sido utilizado.

O uso de marcadores isoenzimáticos se difundiu devido às suas vantagens de custo e rápida execução para estudos genéticos populacionais quando comparadas com as de outras técnicas. Também, por apresentar algumas propriedades, como codominância, herança mendeliana e ausência de epistasia e pleiotropia (Wendel & Weeden, 1989).

Para Adams (1983), citado por Paiva (1992), as isoenzimas apresentam diversas vantagens sobre os outros marcadores genéticos de herança simples, ressaltando: i) a técnica pode ser empregada para um grande número de locos enzimáticos de um grande número de espécies; ii) a maioria das espécies estudadas tem demonstrado altos níveis de variabilidade para os locos enzimáticos conhecidos; iii) grande número de amostras pode ser analisado ao mesmo tempo; iv) as isoenzimas expressam-se, normalmente, codominantemente e segregam em taxas mendelianas normais; v) as isoenzimas podem ser identificadas em uma grande variedade de tecidos em diferentes idades da planta.

A validade do uso de isoenzimas é baseada na suposição de sua neutralidade. Assim, o polimorfismo se deve à fixação ao acaso de alelos neutros. Caso contrário, o alto nível de variabilidade que apresentam naturalmente implicaria na manutenção de grande quantidade de alelos com valor adaptativo abaixo do ótimo. A seleção pode atuar sobre o fluxo de uma via catalítica, sobre sua eficiência ou sobre a concentração dos metabólitos na célula. O equilíbrio dos efeitos genéticos atribuíveis às enzimas depende do balanço entre as taxas de mutação (que criam variabilidade) e a pressão da seleção (que mantém a atividade ótima para cada enzima) (Alfenas, 1998).

A análise das mobilidades eletroforéticas das enzimas produzidas permite a caracterização genotípica de cada indivíduo, bem como as distribuições gênicas em populações e espécies. O uso dessa informação genética tem aumentado gradualmente o conhecimento da estrutura genética de

populações de plantas. Os estudos com marcadores alozímicos têm feito importantes contribuições para a ecologia evolucionária, a genética de populações e a conservação dos recursos genéticos entre outros campos (Hamrick & Godt, 1990).

Para estudos populacionais, as isoenzimas possibilitam comparações entre indivíduos e populações com base em vários locos gênicos, em vez de apenas um ou dois. Além disso, se a análise é acompanhada pela investigação das progênies dos organismos analisados, as razões da segregação mendeliana podem ser obtidas sem a dificuldade de isolar os pais e fazer cruzamentos (Stebbins, 1990).

O princípio básico da eletroforese é a migração diferencial de moléculas com cargas diferentes, quando submetidas a um campo elétrico. As proteínas são compostas por um ou mais polipeptídios, que são as cadeias de aminoácidos. A seqüência de aminoácidos em um polipeptídio é determinada pela seqüência de nucleotídeos. Assim, as isoenzimas são proteínas que refletem as alterações na seqüência de DNA por meio de modificações na composição de aminoácidos. A alteração da carga, ou menos freqüentemente da conformação de enzima, produz uma modificação na mobilidade eletroforética (Weeden & Wendel, 1990; Alfenas, 1998; Solferini & Sevilon, 2001).

A técnica de eletroforese de isoenzimas consiste de três etapas: extração das enzimas do tecido vegetativo, separação por eletroforese e coloração por métodos histoquímicos. Os extratos protéicos são obtidos por maceração da amostra em soluções extratoras apropriadas (Alfenas, 1998). Um dos maiores problemas encontrados na extração de proteínas e enzimas de plantas é a presença de compostos fenólicos liberados durante a trituração do tecido. Tais fenóis, quando descompartimentalizados, são prontamente oxidados a quinonas por enzimas da própria planta (polifenoloxidasas e peroxidases). Tanto os compostos fenólicos não oxidados quanto as quinonas reagem com as proteínas

e inativam as enzimas ou alteram a mobilidade das moléculas de proteínas, o que resulta em artefatos no gel. Métodos de extração devem ser desenvolvidos de modo a separar especificamente fenóis de proteínas e, simultaneamente, prevenir a oxidação dos compostos fenólicos. Dessa forma, recomenda-se que as amostras sejam homogeneizadas a baixas temperaturas, em soluções tamponantes contendo antioxidantes, estabilizadores osmóticos e agentes que atuam sobre fenóis, destinados a preservar a atividade das enzimas (Alfenas, 1998).

A identificação de enzimas em géis é evidenciada por colorações que destacam as bandas contra seu fundo. Os reagentes encontram-se frequentemente em meio aquoso, no qual são solúveis. Se o produto colorido for insolúvel, a banda em apreço revela-se nitidamente por não sofrer difusão (Alfenas, 1998).

Ainda hoje, marcadores isoenzimáticos são uma excelente ferramenta para responder a muitas questões em conservação genética de espécies arbóreas florestais (Glaubitz & Moran, 2000), como a obtenção das estimativas de variabilidade genética e dos parâmetros que descrevem o sistema de cruzamento, mesmo com o desenvolvimento de técnicas moleculares que oferecem grande polimorfismo no DNA (Parker et al., 1999).

Um importante aspecto para a interpretação de zimogramas gerados a partir de isoenzimas é conhecer a estrutura quaternária das enzimas, a qual diz respeito ao número de subunidades existentes em cada uma. Essa determinação torna possível, em alguns sistemas enzimáticos, distinguir locos muito próximos. Assim, uma breve revisão na literatura é apresentada a seguir, com o intuito de caracterizar estruturalmente as principais isoenzimas estudadas recentemente.

Nos trabalhos mais recentes no Brasil envolvendo espécies tropicais, os sistemas enzimáticos mais frequentemente utilizados são: peroxidase (PO), malato desidrogenase (MDH), fosfogluco isomerase (PGI), α -esterase (α -EST) e

6-fosfogluconato desidrogenase (6PGDH). Nestes, são encontrados, na maioria dos trabalhos, de 1 a 2 locos, com exceção da PO, em que é possível identificar até quatro zonas de atividade passíveis de interpretação. A maioria das enzimas encontradas é analisada com estrutura monomérica; entretanto, a PGI é o sistema enzimático no qual é relatada com freqüência a estrutura dimérica em um de seus locos.

2.9 Estrutura demográfica

O estudo de padrões espaciais é uma das ferramentas mais utilizadas para se entender o comportamento de diversos fenômenos. Em Ciências Florestais, uma grande aplicação é no estudo da distribuição espacial das árvores, principalmente aquelas em seu ambiente natural. O conhecimento do padrão de distribuição espacial pode fornecer informações para melhorar técnicas de manejo e auxiliar em processos de amostragem ou simplesmente entender a estrutura espacial de espécie florestal (Anjos, 1998).

Para Crawley (1986), o arranjo espacial das plantas é de vital importância na determinação de sua adaptação, sendo as interações entre as mesmas mais locais do que as encontradas em animais. As propriedades emergentes das comunidades de plantas (diversidade, biomassa, duração, produtividade, etc.) resultam das interações de indivíduos com o seu meio e de um círculo muito limitado de vizinhos co-específicos ou de espécies diferentes. Dessa forma, plantas diferentes terão diferentes padrões demográficos que, por sua vez, estão correlacionados a diferentes padrões de desenvolvimento.

Segundo Cor & Badernes (1980), os aspectos do ambiente florestal incluem-se dentro de uma especialidade da ecologia conhecida como auto-ecologia, que enfoca o indivíduo e suas interações com o ambiente físico e biológico.

O desenvolvimento de uma espécie é determinado (delimitado) por aquele fator ambiental que está mais distante da condição ótima para ela (lei do mínimo). O aparecimento e/ou desenvolvimento de uma árvore está relacionado com a existência de uma certa combinação de fatores ambientais. Devido ao âmbito de possibilidades de se desenvolver em ambientes semelhantes, as plantas podem ocupar uma certa extensão espacial, que é a "área de ocorrência natural" (Andrae, 1978).

As várias estruturas que podem ser identificadas em populações de plantas resultam da ação de forças bióticas e abióticas de seus membros e, em alguns casos, de seus ancestrais. O impacto mais óbvio das forças de seus ancestrais de uma população é a estrutura genética, mas a estrutura espacial de plantas em uma população é também um legado do arranjo espacial dos parentais e das interações do lugar com as plantas no passado (Hutchings, 1986).

Para estudos de dinâmica nos níveis de comunidade ou população, deve-se observar a demografia dos indivíduos dentro da área de estudo. Dessa forma, estudos de demografia de populações de plantas, geralmente, são divididos em estudo das estruturas horizontal e vertical da população. A estrutura horizontal está relacionada à distribuição espacial dos indivíduos daquela espécie em uma determinada área. A estrutura vertical refere-se ao tamanho dos indivíduos da população, estando ligada às taxas de mortalidade, crescimento e recrutamento. Além desses dois tipos, observam-se ainda estudos da estrutura etária da população que, no caso de espécies arbóreas tropicais, muitas vezes são de difícil acesso (Harper & White, 1974).

As comunidades de plantas exibem uma ampla variedade de estruturas tridimensionais e mostram heterogeneidade espacial em muitas escalas. As causas e conseqüências desta estrutura física são sentidas em toda a extensão das comunidades de plantas e animais (Lawton, 1983).


Assim, o estudo da distribuição espacial das espécies representa os primeiros passos para o entendimento das florestas tropicais e para o estudo detalhado de seus componentes. A estrutura de uma população é o resultado de uma história de vida das espécies, ou de eventos do passado, os quais ainda exibem sua impressão na estrutura da população recente (Poorter & Bongers, 1993). Uma das mais fundamentais questões sobre a natureza das comunidades de plantas diz respeito à forma na qual cada espécie responde a gradientes em condições ambientais (Crawley, 1986).

Segundo Marques (1994) e Martins (1987), a estrutura populacional de uma espécie é o resultado de mecanismos evolutivos e ecológicos e pode fornecer informações sobre a capacidade de regeneração bem como a ocorrência de perturbações em determinado local. A estrutura de tamanho de uma população pode demonstrar a sua forma de regeneração do passado e do presente (Agren & Zackrisson, 1990) e possíveis predições para o futuro (Agren, 1990).

Segundo Poorter & Bongers (1993), em florestas pluviais tropicais ocorre alta taxa de mortalidade em plântulas ($DAP < 4$ cm). Acima deste tamanho, a taxa de mortalidade declina e aproxima-se de ser constante para todas as classes de diâmetro. A partir disso, pode facilmente ser derivado que a população é exponencialmente distribuída ao longo das classes de tamanho.

Os estudos demográficos de populações naturais propiciam informações que possibilitam elaborar medidas e práticas para o manejo da espécie, permitindo sua manutenção em seu hábitat natural. Além do que, podem identificar fatores ambientais que contribuem para variações com relação ao número de indivíduos, crescimento, desenvolvimento e capacidade reprodutiva da espécie (Sarukán et al., 1984).

O padrão espacial de uma espécie caracteriza a forma como os indivíduos estão distribuídos na área, sendo uma das características da estrutura populacional. Vários autores discutem diferentes causas que podem determinar o



padrão espacial de distribuição dos indivíduos das espécies arbóreas na floresta. Os fatores ambientais e/ou bióticos podem influenciar diretamente o padrão espacial dos indivíduos de uma espécie. O padrão depende também da densidade das sementes dispersadas, da capacidade de sobrevivência das plântulas, da influência de fatores de mortalidade e das interações intra e interespecíficas (Janzen, 1970; Hubbell, 1980; Hutching, 1986).

2.10 Método de quadrantes

O fundamento em que se baseiam todos os métodos de distâncias é o de que a distância média, estimada por meio de medições de distâncias numa floresta real, é proporcional à raiz quadrada da área média ocupada por cada indivíduo na população. Ou seja, os métodos de distâncias baseiam-se em que deve haver uma relação inversa entre a densidade dos indivíduos por área e a distância entre eles, numa população de distribuição espacial aleatória (Martins, 1993).

Em 1950, Cottam & Curtis desenvolveram o método de quadrantes, baseados no método de distâncias utilizado pelo U.S. Land Survey Service, entre 1833 e 1934 (Martins, 1993). Nele, eram medidas as distâncias entre o centro e a árvore mais próxima em cada quadrante, bem como as distâncias entre as quatro árvores assim medidas (Martins, 1993). Dessa forma, o método de quadrantes tornou-se o método de distância mais comumente usado em levantamento fitossociológico, consistindo no estabelecimento, dentro da formação a ser estudada, de pontos ao acaso, que servirão como centro de círculos divididos em quatro quadrantes (Dias, 1993).

A unidade amostral é definida por um ponto. Dentro de cada quadrante, seleciona-se a árvore mais próxima ao ponto e mede-se a distância radial deste ao centro da árvore (Brena, 1996 citado por Moscovich, 1998).

No Brasil, o método de quadrantes foi utilizado inicialmente em 1969 e 1971, por Goodland, para avaliar uma vegetação de cerrado no Triângulo Mineiro. A partir daí, outros trabalhos empregando esse método foram realizados, podendo ser citados os de Lobão (1993), Heiseke (1976) e Souza (1977), em vegetação de cerrado; Martins (1979), introduzindo o método em floresta tropical, ao realizar levantamento fitossociológico de mata semidecídua de planalto no Parque Estadual de Vassununga (Santa Rita do Passa Quatro, SP); Gibbs et al. (1980) e Silva (1982), estudando a composição florística e a estrutura fitossociológica em Floresta Atlântica de encosta (Ubatuba, SP); Martins et al. (1982) e Mori et al. (1983), estudando a estrutura e a composição florística em mata higrófila no sul da Bahia; Schlittler (1984), estudando a composição florística e a estrutura fitossociológica do sub-bosque de um plantio de *Eucalyptus tereticornis* (Rio Claro, SP); Costa Neto (1990), buscando subsídios técnicos à elaboração de um plano de manejo sustentável para a área de cerrado (Mirabela, MG).

A análise fitossociológica de um fragmento de Mata Atlântica, realizado por Lobão (1993), demonstrou que o método de quadrantes foi adequado à análise e à determinação das estruturas qualitativa, quantitativa e biométrica de matas tropicais secundárias. Este autor também ressalta a facilidade de utilização, os baixos custos e a maior velocidade de amostragem como sendo as vantagens que o método de quadrantes apresenta em relação ao método de parcelas, tornando-o uma técnica de amostragem viável na elaboração e na condução de planos de manejo florestal sob regime sustentável.

Mais recentemente, Moscovich (1998) comparou o método de quadrantes com outros métodos de área fixa em uma Floresta Ombrófila Mista e constatou a superestimação do volume comercial (+25,81%), da área basal por hectare (+19,73%) e do número de árvores por hectare (+26,66%), estimados por

este método. Entretanto, em nenhum dos casos houve diferença estatisticamente significativa a 1%.

Assim, a importância dos métodos de distâncias não reside apenas na estimativa dos parâmetros fitossociológicos, mas também na avaliação do padrão de distribuição espacial das populações dentro da fitocenose (Cotton & Curtis, 1956 e Bray, 1962).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição da área de estudo

O campo rupestre ocorre em província de Cerrado, sobre os topos de serras e chapadas de altitudes moderadas (1.000 a 1.800 m). Os solos são quase sempre rasos e derivados de certos tipos de rocha, usualmente o metaquartzito, ortoquartzito, certos casos de minérios de ferro, de manganês, etc. Quando é derivado de quartzito, o solo é areia branca pura e, onde esta fica mais úmida, acumula húmus, que torna o solo preto. A rocha-mãe aflora em blocos de maneira que o solo pode variar em profundidade, drenagem e conteúdo de húmus sobre distâncias de poucos centímetros.

A fisionomia da vegetação varia; geralmente é uma savana arbustiva com moitas de escrupe aberto ou fechado, às vezes arvoredos de escrupe e árvores baixas ou prados de campo limpo graminoso. Além das partes bem drenadas, certos campos rupestres têm áreas de campo úmido graminoso (brejo estacional). Ao longo dos cursos d'água há florestas ou escrubes galerias, contínuos ou interrompidos (Eiten et al., 1993).

Sob essas condições, foram selecionadas cinco subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart., em dois diferentes cursos d'água. As áreas de estudo caracterizam-se por matas de galeria que apresentam limites bem definidos com uma formação não florestal (campo rupestre), com altitude média de 1.000 m. A região em questão está localizada a 14 km da sede do município de Itumirim, MG e tem como referência as coordenadas S 21°21'42,8" e W 044°46'05,2".

Cada subpopulação é o resultado de uma interrupção natural da vegetação ao longo do curso d'água, a qual dá lugar a afloramentos rochosos, característicos da formação local. Dessa forma, foram denominadas como subpopulações 1, 2 e 3 aquelas pertencentes ao Córrego Batatal e subpopulações

4 e 5 aquelas pertencentes ao Córrego Farias (Figura 1). Considera-se, ainda, que o conjunto de subpopulações localizadas no Córrego Batatal constitui uma única população, denominada “população A” e que aquelas localizadas no Córrego Farias caracterizam a “população B”.

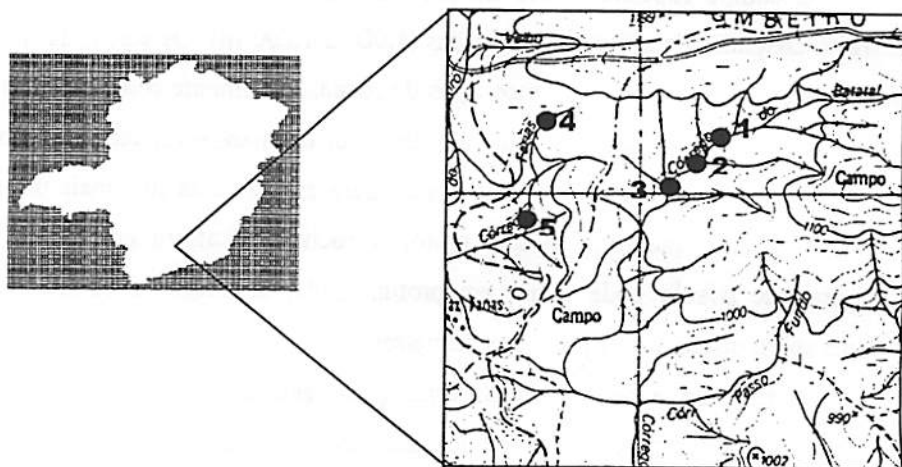


FIGURA 1 - Localização da área experimental e identificação das subpopulações de *Xylopiá emargianta*. Itumirim, MG.

Os cursos d'água (ou córregos) pertencem a duas microbacias adjacentes, delimitadas por um divisor de águas comum. Este divisor acentua-se ao longo das microbacias, formando uma barreira natural nas menores altitudes locais (900 a 980 m). Nas maiores altitudes (acima de 980 m), este divisor é menos acentuado, tornando-se inexistente nas regiões mais elevadas.

TABELA 1 - Distância em metros entre as subpopulações estudadas de *Xylopia emarginata* Mart. Itumirim, MG.

Subpopulações	Altitude (m)	1	2	3	4	5
1	1000	-	70	510	950	640
2	980	70	-	270	1.000	630
3	930	540	270	-	1.320	770
4	1020	950	1220	1690	-	310
5	950	1580	1850	2320	310	-

3.2 Caracterização genética

Para o estudo da estrutura genética e índices de diversidade, foram coletados material vegetal (folhas) em cada subpopulação de indivíduos adultos de *X. emarginata* (Tabela 2). A amostragem dos indivíduos seguiu o critério do método de quadrantes (Martins, 1993), tendo sido coletados dois indivíduos adultos mais próximos por quadrante. Esta metodologia foi empregada em virtude da área da população, que não permitiu atingir um número amostral de acordo com os padrões de amostragem normalmente utilizados para trabalhos de caracterização genética, os quais consideram um número mínimo de 60 indivíduos, distantes aproximadamente 100 metros uns dos outros.

TABELA 2 - Tamanho amostral para cada subpopulação de *Xylopia emarginata* Mart. Itumirim, MG.

	População		Subpopulação				
	A	B	1	2	3	4	5
Tamanho amostral	63	26	29	24	10	16	10

Em laboratório, o material vegetal foi armazenado em congelador até o momento do processo de extração, no qual as amostras permaneceram à

temperatura de 4°C para evitar a desnaturação de proteínas e, conseqüentemente, a perda da atividade enzimática.

Para proporção de material vegetal e solução extratora, Alfenas (1998) sugere a proporção de 1 g de tecido para cada 2 a 3 mL de solução. Entretanto, devido aos resultados satisfatórios alcançados na resolução da maioria das enzimas testadas, utilizou-se a proporção de 0,5g de material vegetal para 1,5 mL de solução extratora.

Após a maceração, o produto foi centrifugado e o sobrenadante aplicado ao suporte de géis de poliacrilamida, composto pelo gel de concentração (4,5%) e de separação (12,5%). Procedeu-se, então, a aplicação de corrente elétrica proporcionando a migração das isoenzimas. A corrente elétrica aplicada era constante (10mA em cada gel) e o tempo médio de corrida foi de três horas.

A identificação dos locos e dos alelos foi feita a partir da região mais catódica para a mais anódica. Assim, por exemplo, em um sistema enzimático em que duas bandas são identificadas, aquela com maior migração recebeu a denominação de alelo-1 e a outra de alelo-2. Da mesma forma, foram identificados os locos presentes em cada sistema enzimático. A interpretação de cada sistema enzimático foi realizada seguindo os padrões descritos em trabalhos do gênero (Soltis & Soltis, 1989; Kephart, 1990; Alfenas, 1998). Foram testados 22 sistemas enzimáticos, os quais estão listados na Tabela 3.

TABELA 3 - Sistemas enzimáticos testados em *Xylopiia emarginata* Mart.

Sistema Enzimático	Sigla	EC
α esterase	α-EST	3.01.01.01
β esterase	β-EST	3.01.01.01
β-galactose desidrogenase	GLDH	1.01.01.48
6-fosfogluconato desidrogenase	6PGDH	1.01.01.44
Álcool desidrogenase	ADH	1.01.01.01
Enzima málica	ME	1.01.01.40
Fosfatase ácida	ACP	3.01.03.02
Fosfatase alcalina	AKP	3.01.03.01
Fosfogluco isomerase	PGI	5.03.01.09
Fosfoglucomutase	PGM	5.04.02.02
Glucose 6-fosfato desidrogenase	G6PDH	1.01.01.49
Glucose desidrogenase	GDH	1.01.01.47
Glutamato desidrogenase	GTDH	1.04.01.03
Glutamato oxaloacetato trasaminase	GOT	2.06.01.01
Isocitrato desidrogenase	IDH	1.01.01.42
Leucina aminopeptidase	LAP	3.04.11.01
Malato desidrogenase	MDH	1.01.01.37
Peroxidase	PO	1.11.01.07
Sorbitol desidrogenase	SDH	1.01.01.14
Superóxido dismutase	SOD	1.15.01.01
Xiquimato desidrogenase	SKDH	1.01.01.25

EC - Enzyme Commission.

3.2.1 Frequências alélicas

As frequências alélicas descrevem a variação para um loco e foram obtidas pelo software BIOSYS 2 (Swofford & Selander, 1989), por meio da contagem direta do número de alelos por loco, dividido pelo número de alelos no loco:

$$\hat{p}_j = \frac{n_j}{n}$$

em que:

p_{ij} - frequência do alelo i na população j ;

n_{ij} - número de ocorrência do alelo i na população j ;

n_j - número total de alelos amostrados na população j .

Para a determinação da similaridade entre frequências alélicas dentro de um mesmo loco (ou equidade gênica), consideraram-se como similares dois alelos que apresentam frequência entre 0,350 e 0,650.

3.2.2 Índices de diversidade genética

A partir das frequências alélicas foram obtidos os seguintes índices de diversidade genética: heterozigose média observada (\hat{H}_o), heterozigose média esperada (\hat{H}_e) de acordo com o equilíbrio de Hardy-Weinberg, número médio de alelos por loco (A) e porcentagem de locos polimórficos (P). Esses índices foram obtidos utilizando o software BIOSYS 2 (Swofford & Selander, 1989), com exceção do índice de fixação de Wright, obtido com o auxílio do software Genetic Data Analysis - GDA (Lewis & Zaykin, 1999).

Em função do número amostral utilizado, a verificação das significâncias foi feita por meio do teste exato de Fisher, por ser este menos restritivo em relação às frequências alélicas (Siegel, 1956). Os teste exatos são geralmente usados para tamanhos amostrais pequenos, quando há uma maior chance de ter números esperados pequenos no teste qui-quadrado (Weir, 1996). Mesmo em amostras moderadamente grandes, a existência de 3 alelos raros no loco resulta em números esperados pequenos e, nesses casos, os teste exatos são preferíveis.

A heterozigose observada (\hat{H}_o) para cada loco foi obtida pela razão entre o número total de heterozigotos e o número de indivíduos. Para se obter a

heterozigose média observada, as proporções obtidas para cada loco foram somadas e divididas pelo número total de locos polimórficos.

$$\hat{H}_o = 1 - \sum P_{ii}$$

em que:

\hat{H}_o - Estimativa da heterozigose observada;

P_{ii} - frequência dos genótipos homozigotos.

A heterozigose esperada (\hat{H}_e) para cada loco em uma dada população, foi obtida a partir das frequências alélicas, segundo frequências genotípicas esperadas conforme equilíbrio de Hardy-Weinberg, de acordo com Nei (1987). A heterozigose média será obtida pela média aritmética entre todos os locos polimórficos analisados.

$$\hat{H}_e = \frac{2n(\sum P_i^2)}{(2n-1)}$$

em que:

\hat{H}_e - estimativa da heterozigose esperada;

n - número de indivíduos amostrados na população em questão;

P_i^2 - frequência alélica estimada do i -ésimo alelo.

Dessa forma, a porcentagem de locos polimórficos (P) foi obtida pela média aritmética do número de locos polimórficos pelo número total de locos. Um loco é considerado polimórfico quando a frequência de seu alelo mais

comum não ultrapassar 0,99. O critério utilizado para locos polimórficos foi de 0,95, como sugerido por Nei (1987) para amostras inferiores a 50 indivíduos.

O número médio de alelos por loco (A) em cada população foi obtido pela divisão do número total de alelos pelo número total de locos.

O parâmetro utilizado para medir o grau de fixação gênica resultante da endogamia é o coeficiente F de Wright (1931), definido como a correlação entre os alelos nos gametas que formam um zigoto. Estes foram obtidos do locos e da média entre locos a partir das seguintes relações:

$$\hat{f} = 1 - \frac{H_o}{H_e} \text{ (locos)} \qquad \hat{f} = 1 - \frac{\sum H_o}{\sum H_e} \text{ (média entre locos)}$$

em que:

f - estimativa do índice de fixação de Wright;

\hat{H}_e - estimativa da heterozigose esperada;

\hat{H}_o - estimativa da heterozigose observada.

3.2.3 Estrutura genética

O estudo de estrutura genética entre e dentro populações foi feito mediante o critério de coancestralidade de Cockerham obtido pelo software GDA (Lewis & Zaykin, 1999).

O coeficiente de coancestralidade permite a avaliação da divergência em diferentes níveis de hierarquia, além de calcular as estimativas com correção do tamanho populacional finito. A análise de variância foi baseada no seguinte modelo hierárquico de dois níveis:

$$Y_{ijk} = \mu + p_k + a_j(k) + g_i(jk)$$

em que:

Y_{ijk} - frequência (0 ou 1) do alelo i do indivíduo j da população k ;

μ - média geral;

p_k - efeito da população k ;

$a_j(k)$ - efeito do indivíduo j dentro da população k ;

$g(ijk)$ - efeito do alelo i dentro do indivíduo j dentro da população k .

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas conforme a metodologia apresentada por Weir (1996), a partir das esperanças dos quadrados médios, demonstradas na Tabela 4, da seguinte maneira:

$$\hat{\sigma}_G^2 = QMG$$

$$\sigma_i^2 = \frac{QMI - QMG}{2}$$

$$\sigma_p^2 = \frac{QMP - QMI}{2n_c}$$

O significado desses componentes, estimados a partir de cada alelo pode ser definido em termos de correlações intraclasse, ou coeficientes de coancestralidade, nos diferentes níveis de hierarquia. Assim, baseado em Cockerham (1969) e Weir (1990), tem-se que:

$$\hat{\sigma}_G^2 = \hat{p}(1 - \hat{p})(1 - \hat{F})$$

$$\hat{\sigma}_I^2 = \hat{p}(1-\hat{p})(1-\hat{\theta}_P)$$

$$\hat{\sigma}_P^2 = \hat{p}(1-\hat{p})\hat{\theta}_P$$

$$\hat{\sigma}_T^2 = \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_I^2 + \hat{\sigma}_P^2 = \hat{p}(1-\hat{p})$$

em que:

- \hat{p} - Frequência alélica em um determinado loco;
- \hat{F} - coeficiente médio de endogamia de todas as plantas nas populações analisadas;
- $\hat{\theta}_P$ - correlação entre as frequências alélicas de diferentes indivíduos da mesma população;

Dessa forma, a estimativa do coeficiente de coancestralidade foi obtida a partir dos componentes de variância:

$$\hat{\theta}_P = \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_T^2}$$

O coeficiente médio de endogamia de todas as plantas nas populações (F) foi estimado por meio da seguinte expressão:

$$\hat{F} = \frac{\hat{\sigma}_T^2 - \hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_T^2}$$

TABELA 4 - Esquema de análise de variância das freqüências alélicas, com as esperanças dos quadrados médios, E(QM).

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios (QM)	Esperanças (QM)
Entre populações	$r-1$	QMP	$\sigma_G^2 + 2\sigma_I^2 + 2n_c\sigma_p^2$
Indivíduos dentro de populações	$\sum_{i=1}^r (ni - 1)$	QMI	$\sigma_G^2 + 2\sigma_I^2$
Alelos dentro de Indivíduos	$\sum_{i=1}^r ni$	QMG	σ_G^2

em que:

R - número de populações;

N - número de indivíduos da população i.

$n_c = (1/r - 1) \left(\sum ni - \left(\sum n_i^2 / \sum ni \right) \right)$

3.2.4 Estimação do fluxo gênico

O fluxo gênico foi obtido a partir da metodologia proposta por Wright (1951), a qual considera a quantidade de migrantes ($\bar{N}m$) e a divergência genética entre populações (F_{ST}). De acordo com Cockerham & Weir (1993), o emprego de θ_p como estimador da divergência genética entre populações é mais adequado do que F_{ST} .

$$\hat{N}_M = \frac{1}{4\alpha} \left(\frac{1}{\hat{\theta}_p} - 1 \right)$$

em que:

$$\alpha = (n/(n-1))^2$$

$\hat{\theta}_p$ - divergência genética entre populações

Estimou-se o tamanho da vizinhança (\hat{N}_b), que corresponde ao número médio de indivíduos numa área vizinha ou à área onde ocorre panmixia, para modelos contínuos, como o isolamento por distância.

Dessa forma, sendo $\hat{N}_b = 2\pi \hat{N}_M$ e considerando-se a densidade de indivíduos reprodutivos por área (D), foi possível estimar a área de vizinhança (\hat{A}_v):

$$\hat{A}_v = \frac{\hat{N}_b}{D}$$

A distância genética entre cada subpopulação foi calculada conforme proposto por Nei (1978), com auxílio do programa BIOSYS-1 (Swofford & Selander, 1989), obtendo-se a estimativa não viesada e aplicando-a ao método UPGMA de agrupamento, para a construção do dendrograma.

$$\hat{D} = -\ln \hat{I}$$

$$\hat{I} = \hat{J}_{XY} / \sqrt{\hat{J}_X \hat{J}_Y}$$

em que:

$$\hat{J}_{XY} = (\sum_1^r \sum X_i Y_i) / r$$

$$\hat{J}_X = [\sum_1^r (2n_x \sum X_i - 1) / (2n_x - 1)] / r$$

$$\hat{J}_Y = [\sum_1^r (2n_y \sum Y_i - 1) / (2n_y - 1)] / r$$

sendo:

\hat{I} - identidade genética não viesada

X_i - frequência do alelo i na população X

Y_i - frequência do alelo i na população Y

r - número de locos

3.2.5 Estimação do tamanho efetivo

Para o cálculo do estimador do tamanho efetivo das populações, foram utilizados métodos baseados em variância das frequências alélicas, para indivíduos adultos de uma simples população, conforme Vencovsky (1992):

$$N_e = \frac{n}{1+f}$$

em que:

n - número de indivíduos;

f - coeficiente de endogamia médio da população.

3.2.6 Distribuição espacial dos genótipos

Com o objetivo de analisar a estrutura genética espacial da população, efetuou-se a análise espacial dos genótipos por meio da autocorrelação, conforme Sokal e Oden (1978). O programa utilizado foi o AUTOCORR. A autocorrelação foi efetuada para os locos polimórficos detectados nos indivíduos adultos, procurando detectar a existência de estruturação familiar, isto é, similaridade genética entre indivíduos.

A caracterização da estrutura espacial foi efetuada pelo Índice de Moran, de acordo com Sokal & Oden (1978), o qual pode assumir valores entre -1 e +1 sendo que -1 significa que os indivíduos pareados são completamente diferentes, e o valor +1 significa que os indivíduos pareados são idênticos. O valor zero significa ausência de autocorrelação, isto é, os indivíduos estão distribuídos no espaço de forma aleatória, segundo a expressão:

$$I = \frac{n \sum_{i \neq j} w_{ij} (x_i - \bar{x})(x_j - \bar{x})}{\sum_{i \neq j} w_{ij} \sum_i (x_i - \bar{x})^2}$$

em que:

n - número de indivíduos;

w_{ij} - pesos utilizados na comparação dos pontos;

x_i - peso dado ao indivíduo i ($x_i = 1,0; 0,5$ ou 0)

- x_j - peso dado ao indivíduo j ($x_j = 1,0; 0,5$ ou 0);
- x - valor médio dado aos indivíduos analisados.

Foi utilizado o método de conexão de Gabriel para comparação entre classes de distâncias preestabelecidas. A conexão de Gabriel compara dois indivíduos A e B, que recebem peso 1 se nenhum indivíduo ocorrer sobre ou dentro do círculo cujo diâmetro é o segmento da reta AB (Sokal & Oden, 1978). Na análise do vizinho mais próximo, pares de indivíduos adjacentes recebem peso de $w = 1$ e todos os demais pares de $w = 2$ (Sokal & Oden, 1978). Na análise por classes de distâncias, todos os pares de indivíduos comparados, que apresentam a distância entre si incluída em um intervalo preestabelecido, recebem peso 1 e as demais comparações recebem valor zero.

3.3 Caracterização demográfica

A área estudada compreende as subpopulações 1, 2 e 3 identificadas no item 3.1. O presente levantamento visou caracterizar alguns fatores ambientais como solo, desnível, altura do dossel e largura da mata de galeria e associá-los aos padrões demográficos da espécie. A largura da mata de galeria e a altura do dossel foram estimadas visualmente, em cada ponto amostral. Em cada ponto, uma amostra de solo composta foi coletada, à profundidade de 0 à 20 cm, levando em consideração as variações existentes nos locais de coleta, a qual destinou-se a caracterizar a fertilidade e a granulometria.

Para o levantamento demográfico, utilizou-se o método de quadrantes, considerando, para tanto, a existência de três classes de diâmetro em cada quadrante, sendo estas: inferior (de 2,5 cm a 5,0 cm de DAP), intermediária (acima de 5,0 cm a 10,0 cm da DAP) e superior (acima de 10,0 cm a 20,0 cm de DAP).

Os pontos quadrantes foram dispostos sistematicamente, dentro de cada população, distantes a 20 m entre si e acompanhando o curso d'água.

Para descrever a estrutura demográfica da espécie, foram calculadas as densidades, a distribuição diamétrica e a frequência para as três classes de tamanho. Para a classe superior de tamanho, foram calculados o diâmetro médio, a altura média e a dominância. Para a determinação desses parâmetros demográficos foi utilizado o software FITOPAC 1 (Shepherd, 1995).

3.3.1 Frequência

A frequência é definida como a probabilidade de encontrar uma espécie em uma unidade de amostragem e é dada por:

$$FAi = \frac{Pi}{P \times 100}$$

em que:

- FAi - frequência absoluta da espécie i;
- Pi - número de ocorrência da espécie i;
- P - número de pontos de amostragem.

3.3.2 Densidade

A densidade é definida como o número de indivíduos de uma dada espécie por unidade de área. Para o método de quadrantes, a densidade absoluta é estimada por meio da área média ocupada por cada um dos indivíduos, a qual é obtida utilizando-se a distância medida entre o ponto de amostragem e a árvore. Entretanto, neste momento surge uma fonte de erro, descrita por Ashby (1972), a

qual consiste na medição da distância do ponto até a circunferência da árvore, acarretando um erro sistemático médio de 9% nas estimativas de densidade por área. Este erro é corrigido somando-se à distância inicial a metade do diâmetro obtido em cada medição em campo, como segue:

$$dc = di + (0,5DAP)$$

em que:

- dc - distância corrigida;
- di - distância medida em campo;
- DAP - diâmetro à altura do peito.

A partir destes valores corrigidos, determinou-se a distância média (dm). Esta é elevada ao quadrado gerando a estimativa de área média (a). Então, dividindo-se a unidade de área pela área média, tem-se um valor de densidade por área (DTA):

$$DTA = \frac{10.000}{a}$$

em que:

- DTA - densidade total por hectare;
- a - área média ocupada por cada indivíduo.

3.3.3 Dominância

É definida como a taxa de ocupação de ambiente pelos indivíduos de uma espécie. Para espécies florestais, a dominância é obtida por meio da área

basal, que expressa o espaço, em metros quadrados, que uma espécie ocupa numa unidade de área.

$$g = \frac{DAP^2 \pi}{40.000}$$

$$Gm = \frac{\sum g}{n}$$

$$DoA = Gm \times DTA$$

em que:

g - seção transversal de cada indivíduo;

Gm - área basal média;

n - número de indivíduos amostrados;

DTA - densidade total por hectare.

3.3.4 Distribuição diamétrica

Com o intuito de fornecer uma idéia da dinâmica da população de *Xylopia emarginata* Mart., foi elaborado o histograma de frequência das classes de diâmetro previamente estabelecidas para o desenvolvimento do presente levantamento.

3.3.5 Distribuição espacial

Foi utilizado o índice de Johnson-Zimmer, baseado na medida da distância entre o ponto locado e o indivíduo mais próximo (Ludwig e Reynolds, 1988) e é dado por:

$$JZ = (n+1) \frac{\sum (X_i^2)^2}{[\sum (X_i^2)]^2}$$

em que:

JZ - índice de Johnson-Zimmer;

Xi - distância entre o i-ésimo ponto e o indivíduo mais próximo;

n - número de distâncias tomadas.

A determinação do padrão de distribuição dos indivíduos da população com a aplicação do índice de Johnson-Zimmer pode ser obtida por meio das seguintes relações:

JZ = 2: distribuição aleatória

JZ > 2: distribuição agregada

JZ < 2: distribuição uniforme

Para testar se o valor do índice de Johnson-Zimmer difere significativamente de 2, pode ser empregado o teste a seguir:

$$Z = \frac{JZ - 2}{\sqrt{\frac{4 \cdot (n-1)}{(n+2)(n+3)}}}$$



O valor calculado de Z é comparado a uma tabela de valores críticos de uma distribuição normal padronizada, para se obter o nível de significância de qualquer distância da aleatoriedade (Ludwig & Reynolds, 1988). Quando Z calculado é menor que o tabelado ($Z=1,96$ para $P=0,05$), assume-se a distribuição aleatória.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Caracterização genética

Dos 21 sistemas enzimáticos testados, seis foram selecionados em função de sua resolução, sendo eles beta-esterase (β -EST), glucose desidrogenase (GDH), glutamato desidrogenase (GTDH), malato desidrogenase (MDH), peroxidase (PO) e sorbitol desidrogenase (SDH), nos quais foram analisados 11 locos. Pode-se destacar, ainda, que os sistemas enzimáticos leucina aminopeptidase (LAP) e enzima málica (ME) não apresentaram atividade.

Para *Xylopia emarginata* Mart., o sistema enzimático PO apresentou três zonas de atividade, sendo a primeira desconsiderada por não estar presente em todos os indivíduos. Isto se deveu, possivelmente, ao armazenamento das amostras, tendo aquelas que permaneceram mais tempo (aproximadamente cinco meses) não evidenciando atividade para esse loco. Amostras processadas em até duas semanas após a coleta apresentaram atividade passível de avaliação para esse mesmo loco. Este mesmo padrão de atividade foi verificado nos sistemas GDH, GTDH e SDH. Os locos Po-2 e Po-3 apresentaram estrutura monomérica. Os locos Gdh-2, Gdh-3, Gtdh-2, Gtdh-3, Sdh-2 e Sdh-3 também apresentaram estrutura monomérica, porém, com atividade acromática. O sistema β -EST apresentou várias zonas de atividade, porém, somente a primeira foi considerada para a análise, devido à sua estabilidade. O loco analisado apresentou estrutura monomérica. Um segundo loco desse sistema apresentou estrutura dimérica, mas não foi possível a interpretação do mesmo. Para o sistema MDH, foram caracterizadas duas zonas de atividade acromáticas e monoméricas.

4.1.1 Frequências alélicas

Os dados das frequências alélicas são apresentados na Tabela 5 e na Figura 2. Na população A, as maiores frequências alélicas foram verificadas em Sdh-2 (alelo 1 = 0,865), Gtdh-2 (alelo 1 = 0,820) e Mdh-1 (alelo 1 = 0,817) e na população B, nos locos Est-1 (alelo 2 = 0,923), Mdh-2 (alelo 2 = 0,917) e Mdh-1 (alelo 1 = 0,780). Entre as cinco subpopulações, os alelos mais frequentes variaram entre 0,680 (alelo 1, Gdh-2) na subpopulação 1, até a completa fixação (alelo 2, Est-1) na subpopulação 5. Nas subpopulações 1, 2 e 3, a maioria dos locos apresentou alelos com alta frequência (acima de 0,650) enquanto que nas subpopulações 4 e 5, os alelos com alta frequência estavam presentes em poucos locos. Os alelos mais frequentes foram comuns em todas as subpopulações (Figura 2).

Segundo essas frequências alélicas (Tabela 5), observou-se que na subpopulação 1, 36% dos locos apresentam equidade gênica (ou baixa amplitude de variação). Essa proporção é de 9% na subpopulação 2, 27% na subpopulação 3 e 72% nas subpopulações 4 e 5. Isso denota diferenciação entre as subpopulações. Frankel et al. (1996) conceituam a equidade gênica como aquela na qual a menor variabilidade das frequências alélicas numa espécie é um indicador de maior diversidade e pode manter as populações menos susceptíveis à fixação e perda de alelos quando submetidas a perturbações e gargalos genéticos. Assim, a população que apresenta maior diversidade estaria mais protegida dos efeitos de deriva dos que as que têm alelos menos frequentes do que outros, que estariam mais susceptíveis de serem perdidos. A Figura 2 ilustra as frequências alélicas nos onze locos, para as cinco subpopulações de *X. emarginata*.

TABELA 5 - Freqüências alélicas de 11 locos estudados para as duas populações e as cinco subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart. Itumirim, MG.

Locos	Alelos	População		Subpopulação				
		A	B	1	2	3	4	5
Est-1	(N)	61	26	27	24	10	16	10
	1	0,459	0,077	0,241	0,604	0,700	0,125	0,000
	2	0,541	0,923	0,759	0,396	0,300	0,875	1,000
Gdh-2	(N)	61	26	29	23	9	16	10
	1	0,713	0,558	0,690	0,783	0,611	0,594	0,500
	2	0,287	0,442	0,310	0,217	0,389	0,406	0,500
Gdh-3	(N)	45	26	23	14	8	16	10
	1	0,333	0,500	0,457	0,214	0,188	0,500	0,500
	2	0,667	0,500	0,543	0,786	0,813	0,500	0,500
Gtdh-2	(N)	61	26	29	23	9	16	10
	1	0,820	0,538	0,776	0,870	0,833	0,563	0,500
	2	0,180	0,462	0,224	0,130	0,167	0,438	0,500
Gtdh-3	(N)	57	26	29	18	10	16	10
	1	0,298	0,481	0,397	0,194	0,200	0,469	0,500
	2	0,702	0,519	0,603	0,806	0,800	0,531	0,500
Mdh-1	(N)	63	25	29	24	10	15	10
	1	0,817	0,780	0,828	0,833	0,750	0,800	0,750
	2	0,183	0,220	0,172	0,167	0,250	0,200	0,250
Mdh-2	(N)	39	24	23	11	5	14	10
	1	0,295	0,083	0,261	0,273	0,500	0,071	0,100
	2	0,705	0,917	0,739	0,727	0,500	0,929	0,900
Po-2	(N)	63	26	29	24	10	16	10
	1	0,722	0,635	0,741	0,688	0,750	0,625	0,650
	2	0,278	0,365	0,259	0,313	0,250	0,375	0,350
Po-3	(N)	61	26	27	24	10	16	10
	1	0,385	0,462	0,407	0,354	0,400	0,438	0,500
	2	0,615	0,538	0,593	0,646	0,600	0,563	0,500
Sdh-2	(N)	63	26	29	24	10	16	10
	1	0,865	0,538	0,828	0,917	0,850	0,563	0,500
	2	0,135	0,462	0,172	0,083	0,150	0,438	0,500
Sdh-3	(N)	55	26	26	20	9	16	10
	1	0,300	0,500	0,442	0,150	0,222	0,500	0,500
	2	0,700	0,500	0,558	0,850	0,778	0,500	0,500

(N) - tamanho amostral por loco.

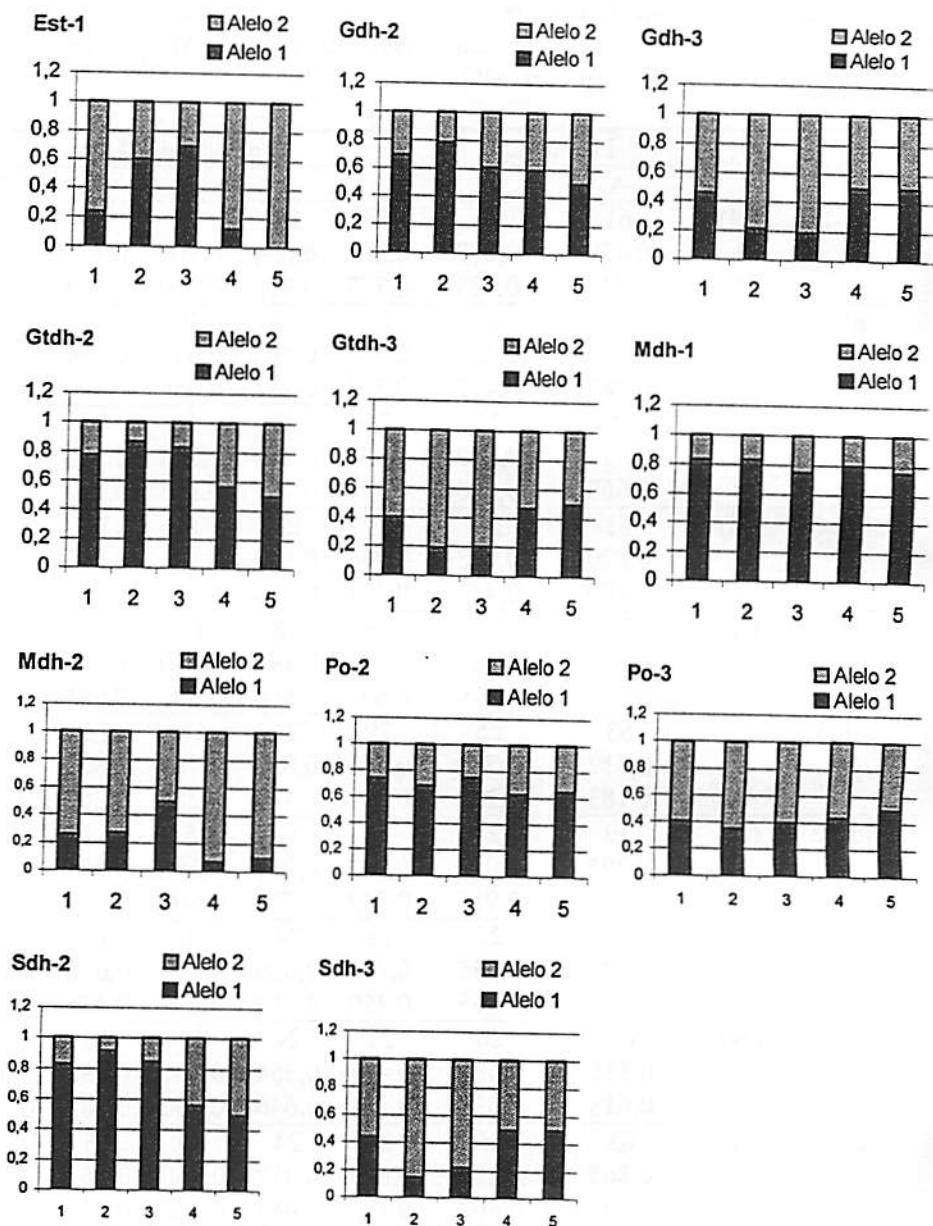


FIGURA 2 - Demonstrativo gráfico das freqüências alélica encontradas em 11 locos de cinco subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart. (eixo x: subpopulações; eixo y: freqüências alélicas). Itumirim, MG.

4.1.2 Índices de variabilidade genética

Os índices de variabilidade genética são mostrados na Tabela 6. O número efetivo de alelos foi de 1,667 na população A e 1,788 na população B. Entre as subpopulações, esta estimativa variou entre 1,516 (subpopulação 2) até 1,787 (subpopulação 5). Segundo o desvio padrão apresentado para a estimativa do número efetivo de alelos, nenhuma subpopulação diferenciou-se das demais. A heterozigidade observada (H_o) na população A foi 0,484 e na população B foi 0,722 (Tabela 6). As estimativas da heterozigidade média observada foram maiores que as esperadas em todas as subpopulações. As subpopulações 2 e 3 não demonstraram diferenças em relação à heterozigidade observada, segundo o desvio padrão apresentado, o mesmo acontecendo entre as subpopulações 1 e 3. As subpopulações 1, 4 e 5 mostraram semelhança em relação aos índices de heterozigidade observada, também segundo o desvio padrão. Os valores estimados para as cinco subpopulações estão acima da média de outras espécies florestais (0,302 - vide Anexo A), tendo apenas a subpopulação 2 ($H_o = 0,377$) não diferido desta média, segundo o desvio padrão (0,161) mostrado no mesmo anexo. As heterozigidades esperadas (H_e) foram de 0,395 para população A e 0,425 para a população B e não diferiram entre si, segundo o desvio padrão apresentado (Tabela 6). As heterozigidades esperadas foram muito próximas entre as subpopulações, com destaque para a subpopulação 2, que apresentou um índice inferior aos demais (0,342). Os valores de heterozigidade observada e esperada podem ser visualizados na Figura 3.

TABELA 6 - Índices de variabilidade genética das populações A e B de *Xylopi* *emarginata* Mart. e suas cinco subpopulações, em que: $\hat{A}e$ - número médio de alelos por loco; $\hat{H}o$ - estimativa da heteroziguidade observada; $\hat{H}e$ - estimativa da heteroziguidade esperada; f - estimativa do índice de fixação de Wright.

	$\hat{A}e$	$\hat{H}o$	$\hat{H}e$	f
A	1,667 (0,203)	0,484 (0,058)	0,395 (0,025)	-0,226 [-0,423 a 0,064]
B	1,788 (0,335)	0,722 (0,107)	0,425 (0,043)	-0,724 [-0,511 a -0,866]
1	1,702 (0,223)	0,566 (0,074)	0,411 (0,024)	-0,389 [-0,578 a -0,125]
2	1,516 (0,235)	0,377 (0,060)	0,342 (0,031)	-0,105 [-0,343 a 0,219]
3	1,660 (0,212)	0,476 (0,057)	0,399 (0,028)	-0,209 [-0,396 a 0,008]
4	1,783 (0,320)	0,695 (0,107)	0,432 (0,041)	-0,645 [-0,813 a -0,395]
5	1,787 (0,360)	0,764 (0,111)	0,432 (0,053)	-0,848 [-1,000 a -0,662]

() - desvio padrão; [] - intervalo de confiança.

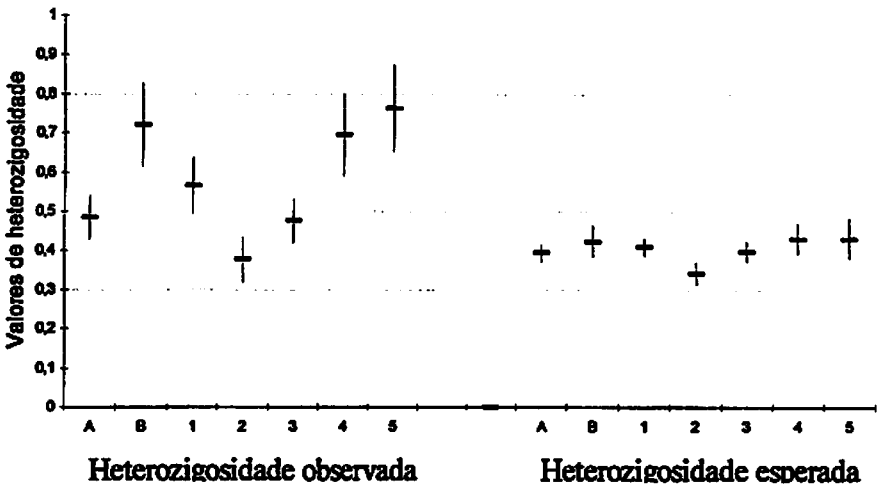


FIGURA 3 - Demonstrativo gráfico dos índices de heterozigose observada e esperada e seus desvios para as populações A e B de *Xylopi* *emarginata* Mart. e suas respectivas subpopulações.

Os valores estimados para *X. emarginata* Mart. estão de acordo com as demais espécies arbóreas tropicais, conforme consta no Anexo A. Em relação ao número efetivo de alelos, Ellstrand & Ellan (1993) consideram que, em longo

prazo, a redução da riqueza alélica deve limitar a habilidade das espécies a responderem às mudanças devido à ação de forças seletivas. Segundo Nei (1987), a riqueza alélica é muito influenciada pelo tamanho da amostragem genética (número de locos), por isso não é uma boa medida de variabilidade genética para comparação entre amostras de tamanhos diferentes.

Os valores encontrados para as heterozigosidades observadas podem ser considerados altos, levando-se em conta o padrão encontrado em outras espécies tropicais, como em *Euterpe edulis* (Reis, 1996), indicando heterozigose variando entre 0,385 e 0,570; *Couratari multiflora* e *C. guianensis* (Lepsch-Cunha, 1996), com 0,203 e 0,359, respectivamente e *Copaifera langsdorffii* (Oliveira, 2000) apresentando valores entre 0,321 e 0,483. Índices de outras espécies arbóreas são mostrados no Anexo A.

Segundo Reis (1996), o excesso de heterozigotos em populações de adultos decorre, possivelmente, de efeitos de seleção em favor dos mesmos. O mesmo autor cita, ainda, que o excesso de heterozigotos tem sido descrito para várias espécies tropicais. São de extrema importância os dados sobre heterozigosidade encontrados, pois, altos níveis de variabilidade genética possibilitam a ocorrência de um grande número de novas combinações genotípicas, aumentando o potencial evolutivo das espécies, pela maior capacidade de adaptação às possíveis mudanças ambientais (Sebbenn et al., 2000). Este fator deve, obrigatoriamente, ser contemplado em atividades de coleta de sementes (Reis, 1996).

A relação entre os índices de heterozigosidade observada e esperada gerou valores de fixação negativos, indicando o excesso de heterozigotos, tanto para as populações como para as subpopulações (Tabela 6). Os valores mais acentuados de fixação ocorreram nas subpopulações 1 (-0,389), 4 (-0,645) e 5 (-0,848), sendo estes estatisticamente significativos. Valores não significativos (em equilíbrio de Hardy-Weinberg - EHW) foram encontrados para as

subpopulações 2 (-0,052) e 3 (-0,189). O índice de fixação para cada subpopulação é demonstrado graficamente na Figura 4. Nas populações A e B, os índices de fixação demonstram aderência ao EHW na primeira e excesso de heterozigotos na segunda. Na população A, o valor encontrado é resultante dos valores encontrados nas subpopulações 2 e 3, as quais não tiveram desvios significativos ao EHW.

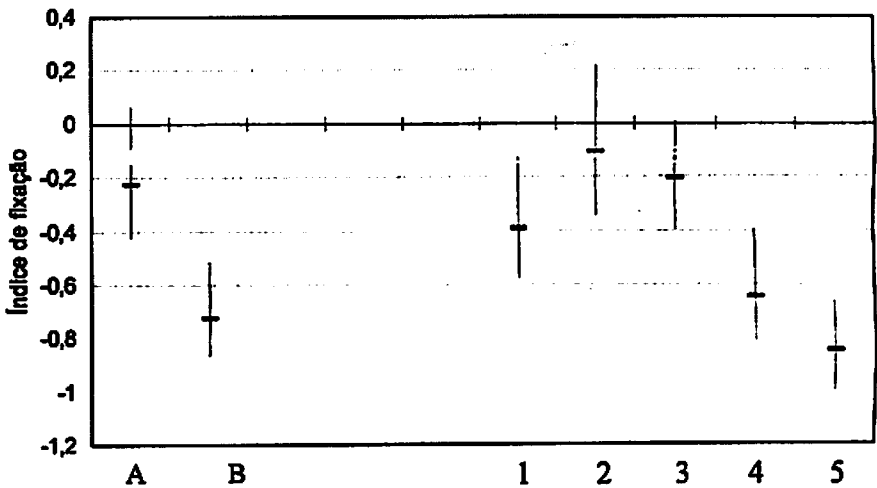


FIGURA 4 - Demonstrativo gráfico dos índices de fixação de Wright, para as populações A e B de *Xylopia emarginata* Mart. e suas respectivas subpopulações.

A Tabela 7 apresenta os resultados do teste exato de Fischer para aderência ao EHW de cada loco analisado. A população A apresentou 63,6% de locos com valores significativos, ou seja, 36,4% dos locos dessa população estão em EHW. Na população B, 72,7% dos locos mostraram valores significativos, o que corresponde a 27,3% de locos aderidos ao EHW. Decompondo estes dados, as cinco subpopulações apresentaram valores significativos variando entre 27,3 e

A Tabela 8 apresenta os índices de estrutura genética para o total das subpopulações e para as subpopulações tomadas duas a duas. Os parâmetros apresentados medem a fixação de alelos ou a endogamia média para o conjunto de populações (F) e a divergência genética entre as populações (Fp).

4.1.3 Estrutura genética

- não significativo; * - significativo a 0,95; ** - significativo a 0,99.

Loco	A	B	1	2	3	4	5
Est-1	0,000**	0,115**	0,001**	0,000**	0,130**	0,187**	-
Gdh-2	0,185**	0,000**	0,287**	1,000**	1,000**	0,007**	0,007**
Gdh-3	0,001**	0,000**	0,000**	1,000**	1,000**	0,001**	0,007**
Po-2	0,001**	0,008**	0,140**	0,054**	1,000**	0,037**	0,220**
Po-3	0,000**	0,000**	0,001**	0,020*	0,173**	0,007**	0,007**
Sdh-2	0,584**	0,000**	0,558**	1,000**	1,000**	0,007**	0,007**
Sdh-3	0,001**	0,000**	0,000**	1,000**	1,000**	0,000**	0,007**
Gdh-2	0,001**	0,000**	0,027*	0,538**	0,176**	0,014*	0,007**
Gdh-3	0,016*	0,000**	0,003**	1,000**	1,000**	0,000**	0,007**
Mdh-1	0,672**	0,300**	0,558**	0,501**	1,000**	1,000**	1,000**
Mdh-2	0,122**	0,125**	0,270**	0,505**	1,000**	0,037*	1,000**

TABELA 7 - Teste exato de Fisher (F) dos desvios do Equilíbrio de Hardy-Weinberg para cada loco analisado das duas populações de *Xylopia emarginata* Mart. e suas cinco subpopulações.

qualquer característica fenotípica de relevância.

Segundo Shimizu et al. (2000), os casos de desequilíbrio não são explicados pois não há conhecimento da relação dos locos envolvidos com

verificado pelo índice de fixação de cada subpopulação.

4. Os desvios significativos foram resultantes do excesso de heterozigotos, locos Mdh-2 e Po-2 apresentaram valores significativos apenas na subpopulação loco Mdh-1 mostrou-se em EHW em todas as subpopulações, enquanto que os 81,8%. Apenas a subpopulação 3 apresentou todos os locos em EHW. Apenas o

TABELA 8 - Índices de estrutura genética para o total das subpopulações e para as subpopulações de *Xylopi emarginata* Mart. comparadas duas a duas. [] intervalo de confiança.

	\hat{F}	$\hat{\theta}_P$
Total	-0,298 [-0,500 a -0,009]	0,083 [0,0385 a 0,136]
1 e 2	-0,200 [-0,408140 a 0,110069]	0,063 [0,014 a 0,114]
1 e 3	-0,253 [-0,469 a 0,045]	0,070 [0,008 a 0,141]
1 e 4	-0,439 [-0,632 a -0,194]	0,030 [0,004 a 0,063]
1 e 5	-0,423 [-0,620 a -0,171]	0,056 [0,016 a 0,105]
2 e 3	-0,146 [-0,351 a 0,136]	-0,006 [-0,027 a 0,016]
2 e 4	-0,156 [-0,390 a 0,156]	0,153 [0,078 a 0,225]
2 e 5	-0,093 [-0,352 a 0,239]	0,203 [0,101 a 0,305]
3 e 4	-0,261 [0,063 a 0,060]	0,157 [0,063 a 0,261]
3 e 5	-0,248 [-0,528 a 0,088]	0,196 [0,078 a 0,338]
4 e 5	-0,726 [-0,866 a -0,517]	-0,003 [-0,011 a 0,004]

Foi possível verificar a ausência de endogamia entre as subpopulações ($F=-0,298$), demonstrada pelo excesso significativo de heterozigotos, sugerindo que as proporções genotípicas para o total da população não se encontram em EHW. A ausência de endogamia foi verificada para o conjunto das populações e para as mesmas, quando tomadas duas a duas, em todos os pares considerados, sendo estes valores significativos nas estimativas entre as subpopulações 1x4 (-0,439), 1x5 (-0,423), 3x4 (-0,261) e 4x5 (-0,726). Este fato pode confirmar a existência de seleção natural atuando na diferenciação, baseado no fato de que a

deriva gera endogamia enquanto a seleção pode gerar tanto o aumento de homozigotos como de heterozigotos.

A divergência genética entre as cinco populações (θ_p) foi de 0,083, indicando que 8,3% da variabilidade genética encontram-se entre as subpopulações e 91,7% desta variabilidade encontram-se dentro das subpopulações. Os valores da divergência estimados entre as subpopulações, quando tomadas duas a duas, mostraram que as subpopulações 2x3 (0,006) e 4x5 (0,003) não apresentaram valores significativos, podendo concluir-se sobre a existência de similaridade genética entre estas subpopulações. Entre as subpopulações 1x4 (0,030) a divergência foi significativa, porém, com um intervalo de confiança próximo do limite de significância (0,004 a 0,063). As demais estimativas apresentaram valores significativos que variaram de 0,056 a 0,203.

Para espécies arbóreas tropicais, Hamrick & Godt (1990) observaram que, em média, 82% da variabilidade genética total se concentram dentro das populações. Acredita-se que essa distribuição da variabilidade genética não seja aleatória, dada a limitada dispersão de pólen e sementes, bem como para a seleção de microhabitats (Loveless & Hamrick, 1984). O valor da divergência genética (θ_p) encontrado pode ser considerado médio, levando-se em conta os resultados obtidos para outras espécies arbóreas, como demonstrado na Tabela 9.

TABELA 9 - Divergência genética de várias espécies arbóreas segundo as estatísticas F de Wright.

Espécie	$F_{IT}(\hat{F})$	$F_{ST}(\hat{\theta}_P)$	Fonte
<i>Alseis blackiana</i>	0,134	0,034	Hamrick et al., 1993
<i>Aspidosperma polyneuron</i>	-0,013	0,061	Maltez, 1997
<i>Astrocaryum mexicanum</i>	-0,358	0,039	Eguiarte et al., 1993
<i>Brosimum alicastrum</i>	0,164	0,050	Hamrick et al., 1993
<i>Cecropia obtusifolia</i>	0,061	0,029	Alvarez-Buylla e Garay, 1994
<i>Cedrela fissilis</i>	-0,092	0,030	Povoa, 2002
<i>Cedrela fissilis</i>	0,196	0,089	Gandara, 1997
<i>Chorisia speciosa</i>	0,278	0,183	Souza, 1997
<i>Copaifera lagsdorffii</i>	0,130	0,131	Oliveira, 2000
<i>Cryptocarya moschata</i>	0,073	0,107	Moraes, 1997
<i>Esenbeckia leiocarpa</i>		0,005	Seoane et. al., 2000
<i>Euterpe edulis</i>	-0,033	0,031	Reis, 1996
<i>Hevea brasiliensis</i>	0,207	0,007	Paiva, 1992
<i>Myracrodruon urundeuva</i>	0,517	0,035	Moraes, 1992
<i>Ocotea tenera</i>	0,275	0,128	Gibson e Wheelwright, 1995
<i>Platypodium elegans</i>	0,138	0,051	Hamrick et al., 1993
<i>Psychotria faxlucens</i>	0,138	0,026	Pérez-Nasser et al., 1993
<i>Pterocarpus macrocarpus</i>	0,208	0,121	Liengsiri et al., 1995
<i>Swartzia simplex</i>	0,192	0,037	Hamrick et al., 1993

Considerando as estimativas de divergência entre cada subpopulação, a posição geográfica dessas subpopulações pode estar favorecendo a atuação do fluxo gênico. Esse favorecimento refere-se à condição das subpopulações 3 e 5 estarem abaixo das subpopulações 2 e 4, respectivamente, havendo a possibilidade do fluxo ocorrer ao longo do curso d'água. Outro fato peculiar é a topografia local, a qual propicia a separação geográfica dos cursos d'água por meio de um divisor de águas e, conseqüentemente, entre as referidas subpopulações, com exceção da região de maiores altitudes, onde a barreira geográfica é atenuada, possibilitando a passagem direta de dispersores e polinizadores.

A distância genética expressa a diferença entre as subpopulações estudadas, baseada no índice de divergência (θ_p). Com esses dados é possível visualizar, a partir de um dendrograma, as relações mantidas entre as subpopulações, agrupando-as de acordo com sua proximidade genética. Isto é possível, pois a distância genética é obtida pelo logaritmo nipерiano das identidades genéticas entre as subpopulações, ou seja, a similaridade encontrada considerando duas a duas as subpopulações. As estimativas de distância e identidade genéticas são mostradas na Tabela 12.

TABELA 12 - Distância (abaixo da diagonal) e identidade genéticas (acima da diagonal) entre cinco subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart.

Subpopulação	1	2	3	4	5
1	-	0,9038	0,9005	0,9849	0,9645
2	0,1011	-	0,9221	0,8371	0,7896
3	0,1048	0,0811	-	0,8498	0,8270
4	0,0152	0,1779	0,1627	-	0,9937
5	0,0362	0,2362	0,1899	0,0064	-

Observa-se que as subpopulações 4 e 5 são as mais próximas com a identidade próxima do valor máximo (0,9937), seguida pelas estimativas 4 x 1 e 4 x 5, com valores de 0,9849 e 0,9645, respectivamente. As maiores distâncias foram observadas entre as subpopulações 5 e 2 (0,2362), 5 e 3 (0,1899), 4 e 2 (0,1779) e 4 e 3 (0,1627).

O dendrograma gerado pelos dados de identidade é apresentado na Figura 4, onde é possível verificar a existência de dois grupos principais. O primeiro é formado pelas subpopulações 1, 4 e 5, detentoras da maior parte da heterozigosidade local (0,566, 0,695 e 0,764, respectivamente) e o segundo pelas subpopulações 2 e 3, populações estas aderidas ao EHW. Tal afirmativa é

baseada no raciocínio de cálculo utilizado, o qual considera as frequências alélicas em cada subpopulação (Nei, 1978).

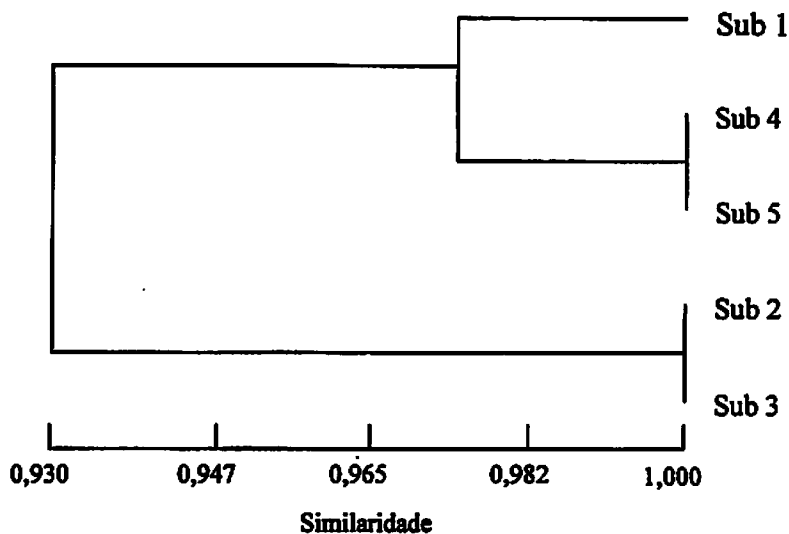


FIGURA 4 - Dendrograma de similaridade entre cinco subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart.

O padrão demonstrado pelo dendrograma não era esperado, pois seria plausível uma maior similaridade entre as subpopulações pertencentes ao mesmo curso d'água e por aquelas mais próximas geograficamente. Porém, como demonstrado pelo dendrograma, as subpopulações 1, 4 e 5 estão geneticamente mais próximas, mesmo geograficamente distantes (950 m), o que pode ser explicado pelo fluxo gênico facilitado pela ausência de uma barreira natural entre essas duas populações e por possíveis forças seletivas atuando de forma contrária aos heterozigotos nas subpopulações 2 e 3.

4.1.4 Fluxo gênico

As estimativas de fluxo gênico ($\check{N}m$), tamanho da vizinhança ($\check{N}b$) e área da vizinhança ($\check{A}v$) para cada par de subpopulações são apresentadas na Tabela 10. Esta estimativa do fluxo gênico é uma medida aparente e não a real pois é uma medida indireta, obtida a partir de divergência genética. O valor do fluxo gênico calculado a partir da divergência genética reflete o fluxo gênico que ocorreu durante um longo período; ele não indica se está havendo fluxo gênico em determinado evento reprodutivo, mas estima os níveis de fluxo gênico que devem ter ocorrido no passado para produzir os padrões observados de estrutura genética.

TABELA 10 - Fluxo gênico ($\check{N}m$), tamanho da vizinhança ($\check{N}b$) e área da vizinhança ($\check{A}v$) para cada par de subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart. obtidos a partir de divergência genética (θ_p).

Subpopulações	θ_p	$\check{N}m$	$\check{N}b$	$\check{A}v$
1 x 2	0,063	3,584	23	0,11
1 x 3	0,070	3,149	20	0,08
1 x 4	0,030	7,728	49	-
1 x 5	0,056	3,995	25	-
2 x 3	0,006	39,097	246	1,2
2 x 4	0,153	1,318	9	-
2 x 5	0,203	0,927	6	-
3 x 4	0,157	1,240	8	-
3 x 5	0,196	0,927	6	-
4 x 5	0,003	76,769	483	-
Média	-	13,878	88	-

O fluxo entre as subpopulações 4x5, 2x3 e 1x4 encontra-se suficientemente alto para anular os efeitos de deriva. Considerando ser a dispersão das Annonaceas ornitocórica, a movimentação de pássaros nessas subpopulações é de extrema importância para o fluxo gênico entre elas. Assim, a

manutenção dos processos biológicos das populações aqui estudados depende da manutenção da fauna como elemento imprescindível na movimentação dos alelos. Os baixos níveis de fluxo gênico apresentados entre as subpopulações 2x4 (1,318), 2x5 (0,927), 3x4 (1,240) e 3x5 (0,927) são compreensíveis pela presença acentuada do divisor d'águas, atuando como barreira geográfica e evitando um fluxo direto entre essas subpopulações. A baixa similaridade encontrada para as subpopulações supracitadas pode ser melhor explicada pela existência de uma fonte genética comum, neste caso, a subpopulação 1.

Observou-se, ainda, que, entre as subpopulações que não apresentam apresentaram divergência, o fluxo foi elevado, com estimativas acima de 39 migrantes. Entre as subpopulações 1x4, em que existe uma baixa divergência (0,03), o fluxo gênico foi igual a 7,728. Segundo Wright (1931), a deriva genética irá resultar em diferenciação populacional substancial se $\bar{N}m < 1$. No presente estudo, a diferenciação entre as subpopulações ocorre de maneira intensa quando a estimativa do fluxo gênico é menor que 4 migrantes e de forma atenuada quando esta estimativa está entre 4 e 8 migrantes.

Os grupos parentais que trocam genes ao acaso ou “unidades panmíticas” são, em média, de 88 indivíduos, considerando o total de subpopulações. Para subpopulações pareadas, esse valor variou de 6 a 483. Numa mesma unidade de área, um número inferior de indivíduos implicaria em um aumento interno de endogamia, ou seja, haveria modificações da estrutura genética, além de acentuar a ação da deriva, resultando na perda de alelos de menor frequência e, conseqüentemente, na redução da diversidade genética dessa população.

Os valores do tamanho da vizinhança ($\bar{N}b$) para as estimativas entre as subpopulações 2x3 (246) e 4x5 (483) estão relacionados à similaridade entre as subpopulações consideradas e demonstram a maior fragilidade genética desses grupos. Valores elevados de $\bar{N}b$ sugerem grande variabilidade na população,

distribuída entre grupos com muitos indivíduos. A área da vizinhança (\hat{A}_v) foi estimada a partir dos dados de densidade apresentados no item 4.2 (caracterização demográfica) deste estudo, que considerou as subpopulações 1, 2 e 3. Observa-se, nos valores apresentados na Tabela 10, que as unidades panmíticas ocupam áreas que variam de 0,08 ha até 1,2 ha. Assim, espera-se que o número de indivíduos que estejam efetivamente participando do fluxo gênico esteja inserido dentro da área da vizinhança e uma redução dessa área acarretaria a diminuição desse fluxo.

4.1.5 Tamanho efetivo

Os tamanhos efetivos das subpopulações variaram de 13 até 66 (Tabela 11). Nas subpopulações 2 e 3, o tamanho efetivo foi próximo ao número de indivíduos amostrados em função do índice de fixação demonstrar que essas duas subpopulações estão em EHW. O excesso de heterozigotos verificado nas demais subpopulações gerou valores de tamanho efetivo superiores ao número de indivíduos amostrados. Visto que os heterozigotos carregam sempre dois alelos diferentes, eles podem representar um número maior de indivíduos na população. Este fato é esperado, pois a equação utilizada, proposta por Vencovsky (1992), relaciona o tamanho da amostra e o índice de fixação da população, o que resulta em maior representatividade para condições de heterozigose (Sebbenn et al., 2003).

TABELA 11 - Tamanho efetivo encontrado nas subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart.

Subpopulação	N	\hat{N}_e
1	29	47
2	24	27
3	10	13
4	16	44
5	10	66

N - Tamanho da amostra

Ne - Tamanho efetivo

A partir da estimativa de \hat{N}_e (Tabela 11), pode-se observar a representatividade genética dos indivíduos amostrados (N) em relação a uma população panmítica ideal.

As unidades panmíticas das subpopulações 1, 2 e 3 ocupam áreas que variam de 0,08 a 1,2 ha e são compostas por 20 a 246 indivíduos. Estes valores são necessários à manutenção do fluxo gênico existente entre os grupos estudados. As unidades panmíticas entre as demais subpopulações são formadas por 6 a 483 indivíduos.

4.1.6 Distribuição espacial dos genótipos

A Tabela 13 apresenta os valores para a autocorrelação espacial por meio do índice I de Moran, obtido pelo método de Conexão de Gabriel (I_{cb}) e para seis classes de distâncias, enquanto a Figura 5 mostra os correlogramas gerados para onze alelos.

O único valor significativo foi observado para o alelo 2 do loco Est-1, na primeira classe de distância. Para os demais alelos, os correlogramas demonstraram oscilações entre valores positivos e negativos, porém, nenhum com significância. Observando-se a média dos índices, fica evidente a ausência

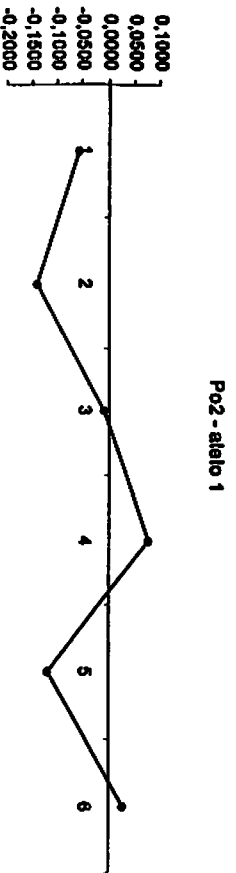
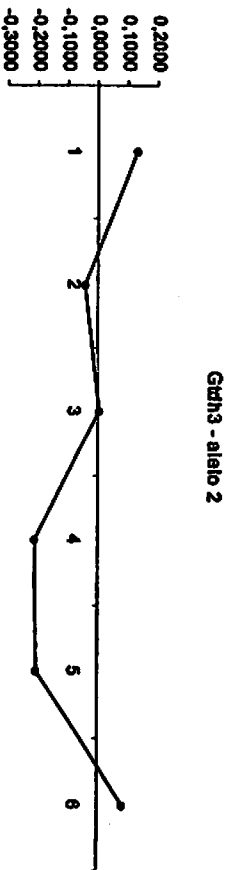
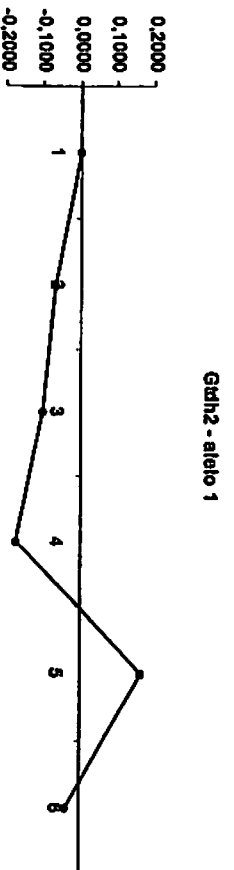
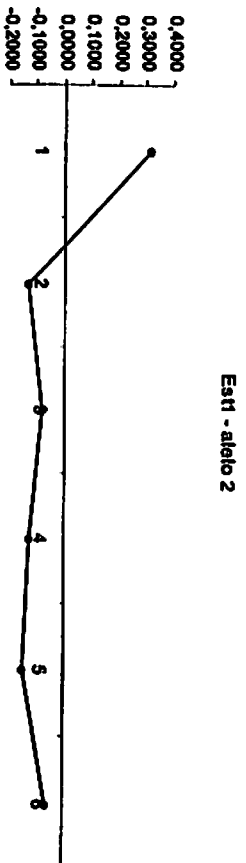
de estruturação espacial, em que valores negativos e não significativos aparecem em todas as classes de distância. Essa ausência de estruturação vem sendo observada para a maioria das espécies arbóreas tropicais.

O principal fator que ocorre para a não formação de estruturação espacial é o fluxo gênico intrapopulacional que, quando extenso, evita divergências locais nas frequências gênicas. Hamrick et al. (1993) afirmam que somente nas espécies cuja dispersão de sementes é restrita, há formação de agregados de plântulas, podendo haver uma forte estruturação genética espacial futura.

TABELA 13 - Índice I de Moran obtido pelo método de Conexão de Gabriel e para classes de distância para a subpopulação 1 de *Xylopia emarginata* Mart.

Alelo	1	2	3	4	5	6
Est1-2	0,317*	-0,129 ^{ns}	-0,080 ^{ns}	-0,123 ^{ns}	-0,146 ^{ns}	-0,060 ^{ns}
Gdh2-1	-0,098 ^{ns}	-0,114 ^{ns}	0,027 ^{ns}	0,032 ^{ns}	-0,082 ^{ns}	0,017 ^{ns}
Gdh3-2	-0,114 ^{ns}	-0,142 ^{ns}	0,028 ^{ns}	0,093 ^{ns}	-0,114 ^{ns}	0,033 ^{ns}
Gtdh2-1	-0,001 ^{ns}	-0,071 ^{ns}	-0,100 ^{ns}	-0,174 ^{ns}	0,165 ^{ns}	-0,040 ^{ns}
Gtdh3-2	0,134 ^{ns}	-0,040 ^{ns}	0,007 ^{ns}	-0,211 ^{ns}	-0,206 ^{ns}	0,086 ^{ns}
Mdh1-1	-0,181 ^{ns}	-0,080 ^{ns}	0,017 ^{ns}	0,038 ^{ns}	0,035 ^{ns}	-0,042 ^{ns}
Mdh2-2	-0,098 ^{ns}	0,041 ^{ns}	-0,184 ^{ns}	-0,099 ^{ns}	0,137 ^{ns}	-0,013 ^{ns}
Po2-1	-0,058 ^{ns}	-0,142 ^{ns}	-0,009 ^{ns}	0,079 ^{ns}	-0,119 ^{ns}	0,030 ^{ns}
Po3-2	-0,030 ^{ns}	-0,186 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,089 ^{ns}	-0,048 ^{ns}	-0,043 ^{ns}
Sdh2-1	-0,053 ^{ns}	-0,098 ^{ns}	-0,145 ^{ns}	0,040 ^{ns}	0,077 ^{ns}	-0,035 ^{ns}
Sdh3-2	-0,114 ^{ns}	0,041 ^{ns}	-0,147 ^{ns}	0,007 ^{ns}	0,044 ^{ns}	-0,040 ^{ns}

Classes de distância: 1 - de 0 a 13 metros; 2 - de 13 a 20 metros; 3 - de 20 a 31 metros; 4 - de 31 a 45 metros; 5 - de 45 a 65 metros; 6 - de 45 a 100 metros.

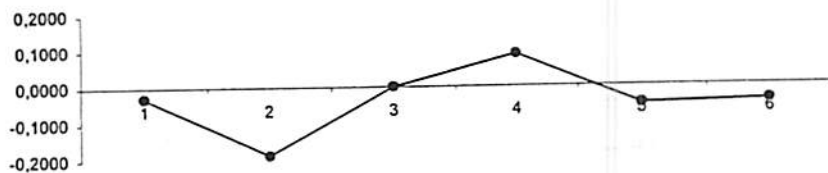


Continua ...

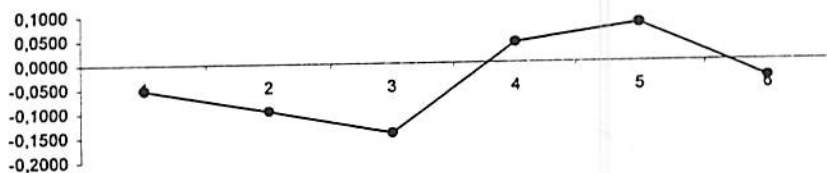
FIGURA 5 - Correlogramas para 11 alelos da subpopulação 1.

FIGURA 5 - Continuação...

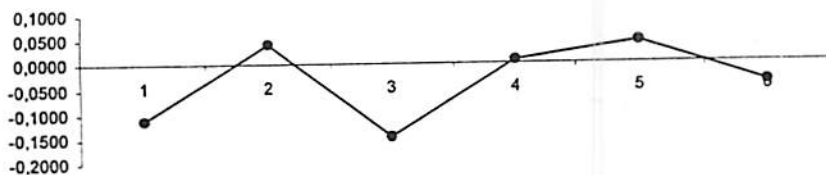
Po3 - alelo 2



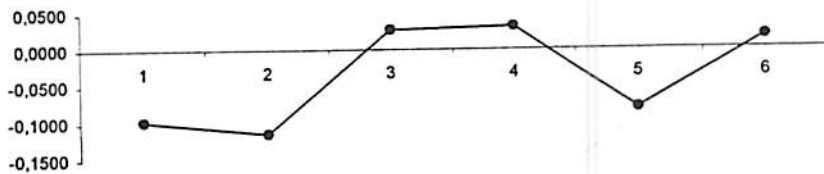
Sdh2 - alelo 1



Sdh3 - alelo 2



Gdh2 - alelo 1

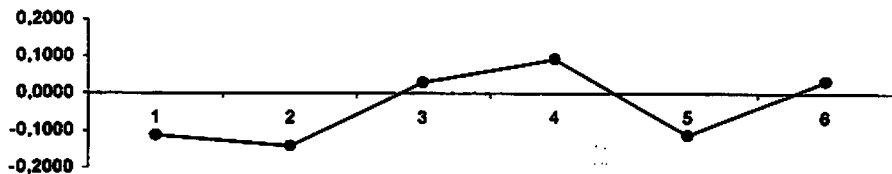


Continua ...

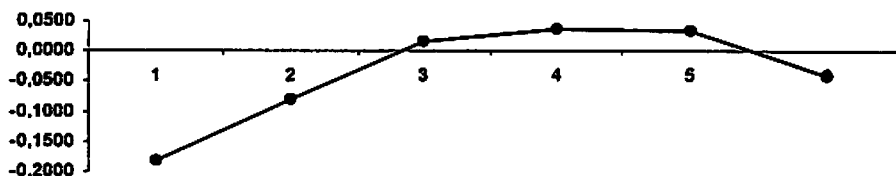


FIGURA 5 - Continuação ...

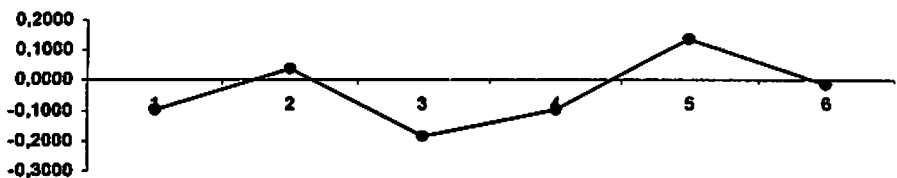
Gdh3 - alelo 2



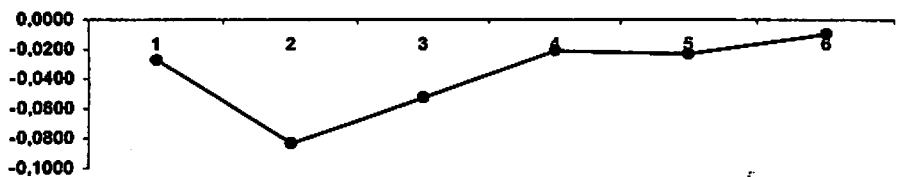
Mdh1 - alelo 1



Mdh2 - alelo 2



Média



4.2 Caracterização demográfica

4.2.1 Estrutura demográfica

Considerando-se os pontos amostrais, observou-se uma frequência de 100% para indivíduos de *X. emarginata* nas subpopulações 1 e 3. Na subpopulação 2, a frequência foi de 90%, pois, no ponto B5, não houve ocorrência da espécie. Utilizando-se os quadrantes como critério frequência, foram observados valores de 85% para a subpopulação 1, 50% na subpopulação 2 e 75% na subpopulação 3. Estes valores são justificados pela pequena largura da mata ciliar, fazendo com que alguns quadrantes estivessem localizados na borda da formação ciliar ou, ainda, próximo ao curso d'água.

A Tabela 15 mostra os dados gerais estimados para as três subpopulações e a média entre estas para densidade, dominância, diâmetro médio e altura média.

TABELA 15 - Dados estimados para densidade, dominância, DAP e altura para as três subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart. e respectivas médias.

	Média geral	SP1	SP2	SP3
Densidade/ha	519	541	444	611
Dominância/ha	7,6730	7,7007	5,3486	11,8014
DAP médio (cm)	12,68	12,76	12,36	13,10
Altura média (m)	9,26	10,36	7,32	10,55
DAP/Altura	1,37	1,27	1,57	1,33
Agregação	-	4,12	1,35	4,73

O DAP médio em cada ponto amostral variou de 7,7cm a 21,2cm na subpopulação 1, de 6,2cm a 22,8cm na subpopulação 2 e de 10,6cm a 17,5cm na subpopulação 3. Esses dados são demonstrados graficamente na Figura 6. As

médias gerais de cada população foram de 12,76cm, 12,36cm e 13,10cm para as subpopulações 1, 2 e 3, respectivamente (Tabela 15).

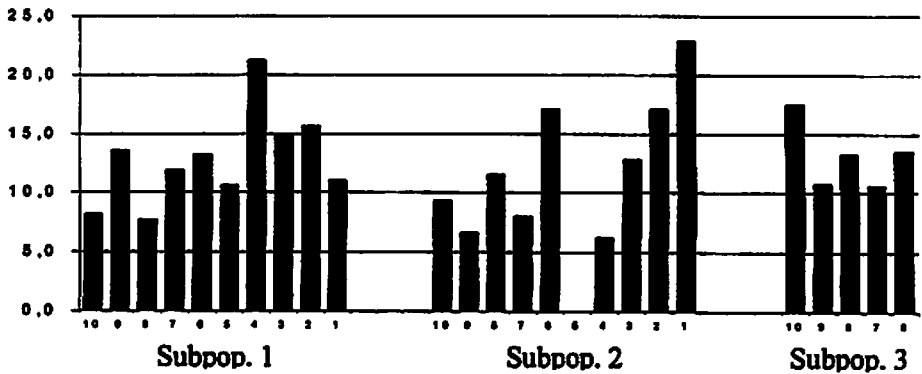


FIGURA 6 - Diâmetro na altura do peito (DAP) médio para indivíduos de *Xylopia emarginata* na classe superior de tamanho.

A estimativa da densidade, segundo o método de quadrantes, é fortemente influenciada pela distância em que se encontram os indivíduos amostrados em relação ao centro do quadrante. Para esse estudo, o número de indivíduos encontrados por ponto também teve grande influência, pois não foram encontrados em todos os quadrantes, resultando em uma amostragem heterogênea.

Houve grande variação em densidade e dominância ao longo das três subpopulações, podendo-se observar valores emergentes em alguns pontos amostrais. A densidade estimada em cada ponto amostral variou de 59 a 1205 indivíduos por hectare na subpopulação 1; de 72 a 1442 na subpopulação 2 e de 71 a 1204 na subpopulação 3. Os valores de dominância variaram entre 0,79 a 20,10 cm^2/ha na subpopulação 1; 0,41 a 15,75 cm^2/ha na subpopulação 2 e 0,67 a 30,38 cm^2/ha na subpopulação 3. As estimativas de densidade e dominância

A altura estimada para cada ponto amostral é mostrada na Figura 10, bem como as alturas mínima e máxima de indivíduos de *Xylopia emarginata*, na três subpopulações. Os valores das alturas médias para a classe de tamanho

FIGURA 9 - Estimativa da dominância em cada ponto amostral, nas três subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart.

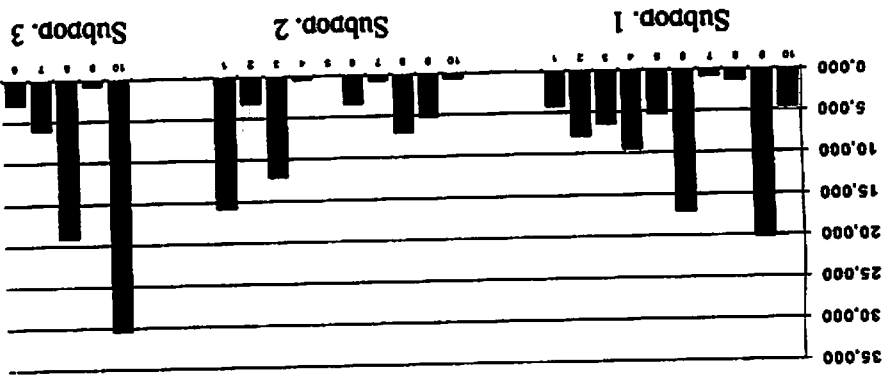
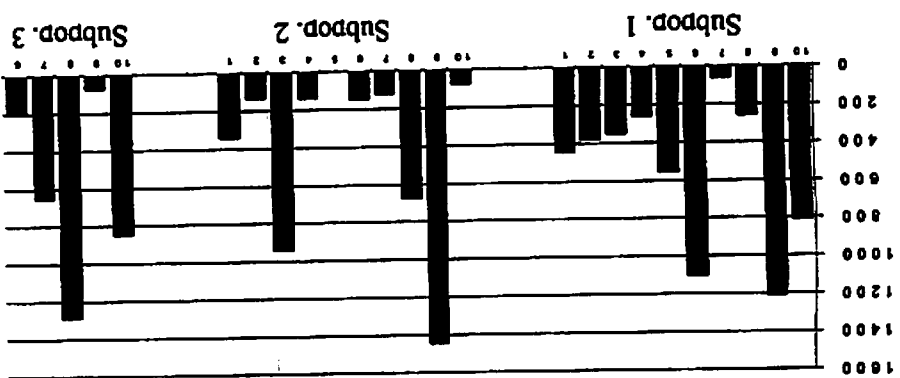


FIGURA 8 - Estimativa da densidade de plantas em cada ponto amostral, para as três subpopulações de *Xylopia emarginata*.



para as três subpopulações são demonstradas graficamente nas Figuras 8 e 9, respectivamente.

superior variaram de 6,3 a 15,5 metros na subpopulação 1; de 3,8 a 12,0 metros na subpopulação 2 e de 7,5 a 14,0 metros na subpopulação 3.

Ainda segundo a Figura 10, observam-se menores alturas na subpopulação 2. As amplitudes da altura nessa mesma população são também menores, tendo sido observados valores nulos. Esse comportamento deu-se em relação ao número de indivíduos amostrados, em que, segundo o critério adotado, não foi detectada a presença de indivíduos suficientes para preenchimento dos quadrantes. Situação semelhante foi encontrada na subpopulação 3 e inversa foi verificada na subpopulação 1, na qual houve maior número de indivíduos amostrados por ponto amostral.

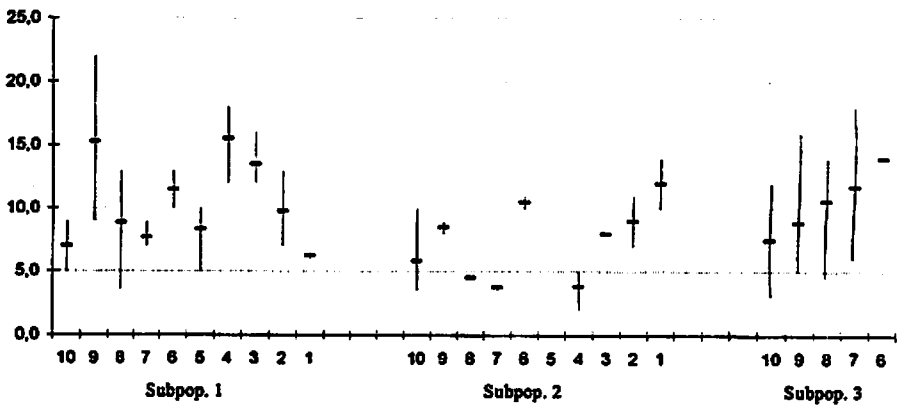


FIGURA 10 - Alturas mínima, média e máxima de indivíduos de *Xylopia emarginata* para as três subpopulações.

As estimativas das alturas máximas e da altura do dossel, demonstradas na Figura 11, indicam a predominância da espécie no local, com valores emergentes para a maioria dos pontos amostrais. Oliveira e Schiavini (2003), em estudo no Triângulo Mineiro, apontaram a *X. emarginata* como uma espécie que ocupa o estrato mais alto da mata, ocorrendo frequentemente como emergente.

Além dos emergentes, a espécie apresenta um grande número de indivíduos em todos os estratos, indicando a estruturação da população.

A agregação dos indivíduos, dada pelo índice de Johnson-Zimmer, não foi significativa em nenhuma das subpopulações, indicando uma distribuição espacial aleatória para a espécie. Esse padrão é dependente da densidade das sementes dispersadas, da capacidade de sobrevivência das plântulas, da influência de fatores de mortalidade e das interações intra e interespecífica (Janzen, 1970; Hubbell, 1980; Hutching, 1986).

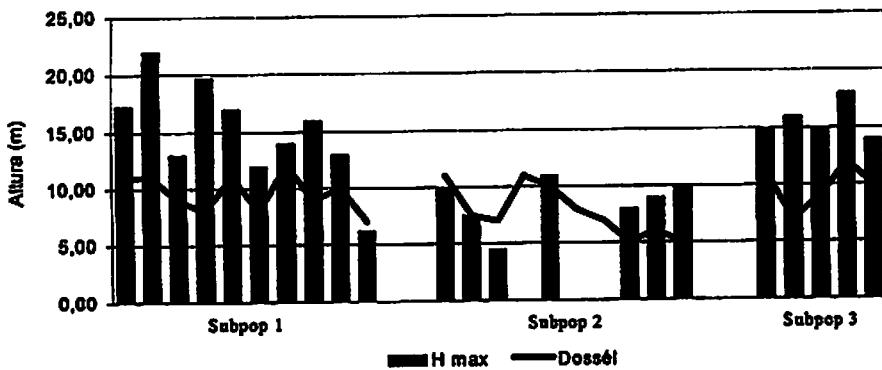


FIGURA 11 - Altura do dossel e altura máxima dos indivíduos de *Xylopia emarginata*, para a classe superior de tamanho.

Os dados sobre densidade, dominância, DAP, altura e a relação DAP/altura foram comparados entre cada subpopulação, por meio do teste F sendo apenas as variáveis altura e DAP/altura a apresentarem diferenças significativas entre as subpopulações.

A comparação entre as subpopulações 1 e 3 não mostrou diferenças significativas para a altura média. Porém, a comparação entre as médias pelo teste F das subpopulações 1x2 e 2x3 demonstrou significância a 5%. Estes dados demonstram a diferenciação da subpopulação 2 em relação às demais, para a característica altura média. Para a relação alométrica DAP/altura, a diferença

estatística foi verificada apenas entre as subpopulações 1 e 2, a uma probabilidade de 5%.

TABELA 16 - Teste F para as variáveis DAP, altura média, DAP/altura, densidade e dominância de indivíduos de *Xylopiya emarginata* Mart, entre as três subpopulações.

Comparações	DAP	Altura	DAP/Altura	Densidade	Dominância
1x2	0,174 ^{ns}	2,070*	2,542*	0,489 ^{ns}	0,871 ^{ns}
1x3	0,196 ^{ns}	0,123 ^{ns}	0,216 ^{ns}	0,277 ^{ns}	0,686 ^{ns}
2x3	0,327 ^{ns}	2,141*	1,359 ^{ns}	0,614 ^{ns}	1,091 ^{ns}

* significativo a 0,05 de probabilidade; ^{ns} não significativo

4.2.2 Correlações edafo-estruturais

Os resultados da análise química do solo foram testados pelo teste F para verificar a existência de diferenciação entre as subpopulações, como demonstrado na Tabela 17. Observou-se que SB, K e Prem não apresentaram diferenças em nenhuma situação, ao contrário de Ca, Al, H+Al, V, T e m, que apresentaram diferenças nas três subpopulações. Entre essas últimas variáveis, apenas Ca teve comportamento diferenciado, tendo V aumentado e os demais elementos decrescido ao longo do gradiente topográfico. Mg, P, MO, pH e (t) mostraram-se diferentes sempre em uma das subpopulações.

TABELA 17 - Comparação entre as características químicas do solo, segundo o teste F, em subpopulações de *Xylopia emarginata* Mart.

	Subpopulação 1	Subpopulação 2	Subpopulação 3
pH	4,63a	5,13B	5,34b
P	1,42ab	1,24A	2,04b
K	30,90a	33,29A	34,20a
Ca	0,30ab	0,28Ab	0,40ac
Mg	0,11a	0,25B	0,14ab
Al	1,33a	0,79B	0,54c
H+Al	11,51a	5,97B	3,08c
SB	0,51a	0,56A	0,66a
(t)	1,84a	1,34B	1,20b
T	12,02a	6,10B	3,72c
V	5,50a	10,08B	17,04c
m	71,40a	60,75B	46,20c
MO	3,25a	2,00B	1,24b
P-rem	41,85a	38,80A	36,44a

Foram tomadas 22 variáveis químicas do solo, porém, na análise de componentes principais (PCA), apenas 8 contribuíram para a ordenação das parcelas (Figura 12). Ainda, apenas o primeiro eixo apresentou elevado autovalor ("eigenvalue"); sendo assim, o único com informação suficiente para ordenação das parcelas, explicando 76% dos dados.

Segundo a PCA, a ordenação gerada com dados de solos mostrou um gradiente indicando a subpopulação 1 em um dos extremos, influenciada por matéria orgânica (MO), alumínio (Al), saturação por alumínio (m), capacidade de troca catiônica efetiva (t) e em pH 7,0 (T) e soma de hidrogênio e alumínio (H+Al). No outro extremo, teve-se a subpopulação 3 influenciada por pH e índice de saturação de bases (V). A subpopulação 2 assumiu uma posição de transição, não apresentando um padrão de ordenação de suas parcelas. Na subpopulação 1 foi possível verificar a formação de dois grupos distintos, um deles formado pelas parcelas localizadas no plano mais elevado (A6, A7, A8 e

A9) e o outro com as demais parcelas. A exceção neste caso é a parcela A10, a qual está localizada no plano mais elevado, porém, apresentou dados de solo similares às parcelas localizadas abaixo. Assim, foi possível observar que as características químicas do solo estão ordenadas no plano topográfico, pois observa-se que parcelas opostas ao sentido das variáveis também são afetadas por estas, mas em sentido inverso. Assim, à medida que se desce a encosta da serra, seguindo o curso d'água, a matéria orgânica e T são diminuídos, assim como o H+Al, Al e m, implicam no aumento do Ph e V.

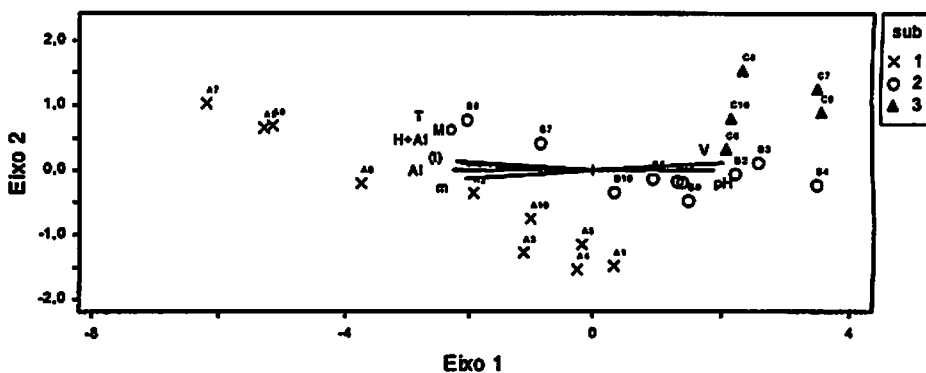


FIGURA 12 - Gráfico de ordenação de parcelas, baseado em características químicas do solo, segundo análise de componentes principais (PCA).

4.3 Relação genético-demográfica

Como já apresentado no item 4.1.6, pelo índice I de Moran, constatou-se ausência de estruturação genotípica dos indivíduos de *Xylopia emarginata* nas subpopulações analisadas. Este resultado pode ser demonstrado também pela ausência de correlação entre distância geográfica e distância genética, ilustrado pela Figura 13, em que a distância geográfica foi obtida pela medição direta

entre indivíduos e a distância genética, conforme proposto por Nei (1972) e com auxílio do software POPGEN. Observa-se um perfil aleatório de dispersão dos dados, com correlação $r=0,01$. Estes dados estão de acordo com a informação gerada pela análise de autocorrelação espacial, na qual também não foi observada estruturação espacial dos indivíduos de *Xylopi mearginata*.

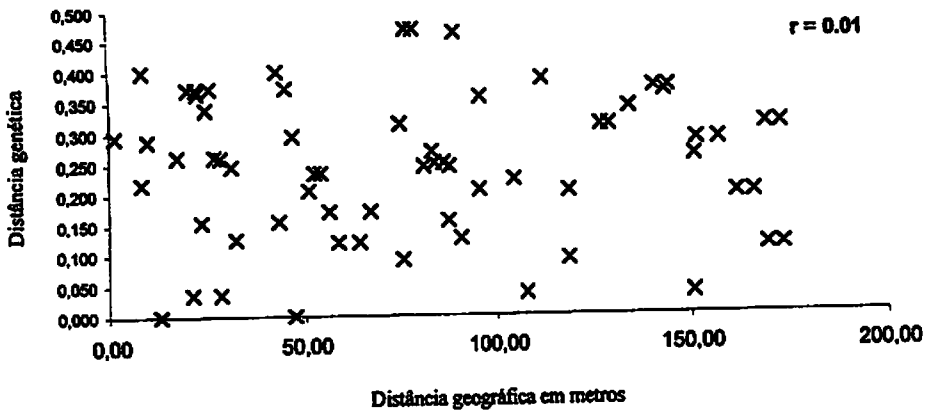


FIGURA 13 - Correlação entre distância geográfica e distância genética para indivíduos de *Xylopi emarginata* com DAP acima de 10,0 cm.

O gradiente topográfico não exerceu influência sobre as características genética e demográfica, visto que os dados coletados de DAP e altura, e aqueles gerados sobre densidade e dominância, não apresentaram ordenação ao longo desse gradiente. Geneticamente, a subpopulação 1 diferenciou-se das demais, caracterizada pelo excesso de heterozigotos, enquanto que as subpopulações 2 e 3 encontram-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). Nenhuma variável morfométrica apresentou padrão de distribuição semelhante ou coincidente aos dados genéticos. Assim, a forma dos indivíduos pode ser estar sendo influenciada por fatores físicos e não genéticos.

Comparado aos dados de solo, o perfil genético apresentou compatibilidade com pH, (t) e MO, ou seja, onde há EHW existe igualdade estatística entre os níveis encontrados para essas variáveis químicas.

5 CONCLUSÕES

- Três subpopulações (1, 4 e 5) de *Xylopiia emarginata* apresentaram excesso de heterozigotos, enquanto duas (2 e 3) demonstraram aderência ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg;
- Existe divergência genética significativa entre as subpopulações 2 e 3 em relação às demais.
- A caracterização genética demonstrou a necessidade de um fluxo gênico maior que 7 migrantes para ocorrer similaridade entre populações.
- Não foi detectada autocorrelação espacial dos genótipos, o que indica que indivíduos aparentados estão dispersos de forma aleatória no espaço.
- As subpopulações estudadas são caracterizadas pelo predomínio de indivíduos emergentes, alta densidade e padrão de dispersão aleatório.
- Em relação às características morfológicas, infere-se pelo presente estudo, a existência de influência de fatores abióticos, não contemplados neste estudo;
- O presente estudo demonstra indícios de que a estrutura genética pode estar sendo influenciada por características químicas do solo, como o pH. Entretanto, sugere-se o desenvolvimento de estudos buscando conclusões mais concretas sobre esta relação genética com o ambiente.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AB'SABER, A. N. Contribuição à geomorfologia da área dos cerrados. In: SIMPÓSIO SOBRE O CERRADO, 3., 1971, São Paulo. Anais... São Paulo: Edgar Blucher, 1971. 239 p.
- AGREN, J.; ZACKRISSON, O. Age and structure of *Pinus sylvestris* populations on mire in central and northern Sweden. *Journal of Ecology*, Oxford, v. 78, n. 4, p.1049-1062, Dec. 1990.
- ALFENAS, C. A. et al. Eletroforese de proteínas e isoenzimas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos. Viçosa: UFV, 1998. 574 p.
- ANDRAE, F. H. Ecologia Florestal. Santa Maria. Universidade Federal de Santa Maria, 1978, 230 p.
- ANJOS, A. Análise do padrão de distribuição espacial do palmiteiro (*Euterpe edulis*) utilizando a função K de Ripley. 1998. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura, Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- ASHBY, W. C. Distance measurements in vegetation study. *Ecology*, Washington, v. 53, n. 5, p. 980-981, 1972
- BARRET, S. C. H.; HUSBAND, B. C. The genetics of plant migration and colonization. In: BROW, A. H. D. et al. (Ed.) *Plant population genetics, breeding and resources*. Sunderland: Sinauer Associates, 1989. p. 254-277.
- BERTANI, D. F. Análise da estrutura e dinâmica de uma comunidade de espécies arbóreas em um fragmento de floresta ribeirinha, Ipeúna, SP. 2000. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura, Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP
- BRAY, J. R. Use of non-area analytic data to determine species dispersion. *Ecology*, Washington, v. 43, n. 2, p.328-333. 1962
- CATELLANI, E. D.; DAMIÃO FILHO, C. F.; AGUIAR I. B. Sementes de *Xylopia emarginata* Mart. (annonaceae): aspectos morfológicos. Jaboticabal: FAPESP/CNPq/UNESP, 2001.
- COCKERHAM, C. C. Variance of Gene Frequencies. *Evolution*, Washington, v. 23, n.1, p.72-84, Mar. 1969.

COCKERHAM, C. C.; WEIR, B. S. Estimation of Gene Flow From F-Statistics. *Evolution*, Washington, v.47, n.3, p.855-863, June 1993.

COTTAN, G.; CURTIS, J. T. The use of distance measures in phytosociological sampling. *Ecology*, Washington, v. 37, n. 3, p.451-460, 1956

CRAWLEY, M. J. The structure of plant communities. In: CRAWLEY, M. J. *Plant ecology*. Blackwell Scientific Publications, 1986. p. 1-50.

DELITTI, W. B. C. Ciclagem de nutrientes em matas ciliares. In: Simpósio sobre mata ciliar. Ed. São Paulo: Fundação Cargill, 1989. p.89-99.

DEWEY, S. E.; HEYWOOD, J. S. Spacial Genetic Estruture in a Population of *Psychotria nervosa*. I. Distribution of Genotypes. *Evolution*, Washington, v. 42, n. 4, p.834-838, July 1988.

DIAS, A. C. Estrutura e diversidade do componente arbóreo e a regeneração do palmito (*Euterpe edulis*) em um trecho de mata secundária, no Parque Estadual de Carlos Botelho, SP. 1993. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura, Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP

DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e conseqüências para melhoramento florestal. *Agrotrópica*, Ilhéus, v.3, n.3, p.119-127, set./dez. 1991.

DINIZ-FILHO, J. A. F. Análise de autocorrelação espacial: inferências microevolutivas e aplicações em genética de populações. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1998. p.83-145. (Série Monografias, 6).

DUPRÉ, D. Estratégia para conservação dos recursos genéticos florestais. Projeto Araucária. Banco Mundial. Ministério do Meio Ambiente. Programa Nacional do Meio Ambiente. PED. Estado do Paraná. Janeiro, 1998.

DURIGAN, G.; SILVEIRA, E. R. Recomposição da mata ciliar em domínio de cerrado, Assim - SP. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 56, p. 135-144, dez. 1999.

EITEN, Vegetação do cerradão. In: PINTO, M. N. (Ed.). *Cerrado: caracterização ocupação e perspectivas*. 2. ed. Brasília: UNB, 1993. p.17-73.

ELLSTRAND, N. C.; ELLAN, D. R. Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.24, p.217-242, 1993.

EPPERSON, B. K. Spatial patterns of genetic variation within plant population. In: BROWN, A. H. D.; CLEGG, M. T. KAHLER, A. L.; WEIR, B. S. (Ed.). **Plant population genetics, breeding and genetic resources**. Massachusetts: Sinauer Associates, 1989. p.229-253.

FRANKEL, O. H. The place of management in conservation. In: SCHOENWALD-COX, C. M. et al. (Ed.). **Genetics and conservation: a reference for managing wild animal and plant populations**. Menlo Park, California: The Benamin/Cumming, 1983. p.1-14.

FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D.; BURDON, J. J. **The conservation of plant biodiversity**. Cambridge: Cambridge University Press, 1996. 299 p.

FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. E. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327 p.

FUTUYMA, D. J. **Biologia evolutiva**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 631 p.

GLAUBITZ, J. C.; MORAN, G. F. Genetic pools. In: YOUNG, A.; BOYLE, T.; BOSHIER, D. (Ed.). **Forest conservation genetics**. Melbourne: CSIRO Publishing, 2000. p. 39-59.

HAMRICK, J. L. The distribution of genetic variation within and among natural plant population. In: SCHONE-WALD-COX, C. M.; CHAMBERS, S. H.; MacBYDE, B.; THOMAS, L. **Genetics and conservation**. Menlo Park: Califórnia: Benjamin Cummings Publishing Company, 1983. p. 335-348.

HAMRICK, J. L.; GODT, M. T. Allozyme diversity in plant species. In: BROW, A. H. D. et. al. (Ed.). **Plant population genetics, breeding and genetic resources**. Sunderland, MA, Sinauer Associates, 1990. p. 43-63.

HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. The influence of seed dispersal mechanism on genetic structure of plant populations. In: ESTRADA, A.; FLEMING, T. H. (Ed.). **Frugivores and seed dispersal**. Dórdrecht, The Netherlands: Dr. Junk Publications, 1986. p.211-223.

- HAMRICK, J. L.; MITTON, J. B.; LINHART, Y. B. Levels of genetic variation in trees: influence of life history characteristics. In: CONKLE, M. T. **Isoenzymes of Noth American forest trees and forest insects**. Barckley, CA: USDA Forest Service General Technical Report, 1981. p. 35-41. USDA Forest Service, PSW-48.
- HAMRICK, J. L.; MURAWSKI, D. A.; NASON, J. D. The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic struture of tropical tree populations. **Vegetation, Dordrecht**, v.107/108, p.281-297, June 1993.
- HARPER, J. L. **Population biology of plants**. London: Academic Press, 1977. 892 p.
- HARPER, J. L.; WHITE, J. The demography of plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.5, p.419-463, 1974.
- HEYWOOD, J. S. Spatial analysis of genetic variation in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.22, p.335-355, 1991.
- HUBBELL, S. P. Seed predation and the coexistence of tree species in tropical forests. **Oikos**, Copenhagen, v. 35, n. 2, p.214-229, 1980
- HUTCHINGS, M. J. The structure of plant populations. In: CRAWLEY, M. J. **Plant ecology**. Oxford: Blackwell Scientific Publications, 1986. p. 97-136.
- JANZEN, D. H. Herbivores and the number of tree species in tropical forests. **American Naturalist**, Chicago, v. 104, n. 940, p. 501-528, 1970
- KAGEYAMA, P. Y. Conservação "in situ" de recursos genéticos de plantas. **Silvicultura**, São Paulo, v.11, n.41, p.7-37, 1986.
- KAGEYAMA, P. Y. Conservação *in situ* de recursos genéticos de plantas. **IPEF**, Piracicaba, v.35, p.7-37, abr. 1987.
- KAWAGUICI, C. B. Diversidade genética de três grupos de indivíduos (adultos, jovens e plântulas) de *Calophyllum brasiliense* Camb. (Clusiaceae), em mata de galeria. 2001. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura, Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP
- KEPHART, S. R. Starch gel eletroforesis of plant isoenzymes: a comparative analysis of techniques. **American Journal of Botany**, Columbus, v.77, n.5, p.693-712, May 1990.

- KELLMAN, M.; TACKABERRY, S.; MEAVE, J. The consequences of prolonged fragmentation: lessons from tropical gallery forests. In: *Forest Patches in Tropical Landscapes*. Eds. Schelhas, J. & Greenberg, R. p. 37-58. Washington. Dc, Island Press, 1996.
- KIMURA, M.; WEISS, G. The stepping-stone model of population structure and the decrease of genetic correlation with distance. *Genetics*, Baltimore, v.49, n. 4, p.561-576, 1964.
- LACERDA, C. M. B.; KAGEYAMA, P. Y.; FERRAZ, E. M. Diversidade genética em *Myracrodruon urundeuva* em duas situações antrópicas no semi-árido. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, n.55, p. 89-96, jun. 1999.
- LAWTON, J. H. Plant architecture and the diversity of phytophagous insects. *Annual Review of Entomology*, Palo Alto, n.28, p.23-39, 1983.
- LEGENDRE, P. Spatial autocorrelation: trouble or new paradigm? *Ecology*, Washington, v.74, n. 6, p. 1659-1673, Sept. 1993
- LEPSH-CUNHA, N. *Estrutura genética e fenologia de espécies raras de Couratá spp. (Lecythidaceae) na Amazonia*. 1996. 147p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. *GDA - Genetic data analysis: version 1.0 (d12) for Windows*. Albuquerque: The University of New Mexico, 1999. 39 p.
- LEWONTIN, R. C. *The genetic basis of evolutionary change*. New York: Columbia University, 1974. 346 p.
- LOBAO, D. E. V. P. *O emprego do método de quadrantes na análise fitossociológica de um fragmento de Mata Atlântica, no sudeste da Bahia*. 1993. 121 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG
- LORENZI, H. *Árvores brasileiras: manual para identificação e cultivo de plantas arbóreas do Brasil*. Nova Odessa: Editora Plantarum, 1992.
- 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.

LUDWIG, J. A.; REYNOLDS, J. F.. **Statistical ecology: a primer on methods and computing.** New York: John Wiley & Sons, 1988, 337 p.

MANTOVANI, W. Estudo fitossociológico de áreas de mata ciliar em Mogi-Guaçu, SP, Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE MATA CILIAR, 1989, São Pulo. **Anais...** Campinas: Fundação Cargill, 1989. p. 235-267.

MARINHO FILHO, J. S.; REIS, M. L. A fauna de mamíferos associada às matas ciliares. In: SIMPÓSIO SOBRE MATA CILIAR, 1989, São Pulo. **Anais...** Campinas: Fundação Cargill, 1989. p. 43-60.

MARKERT, C. L.; MOLLER, F. Multiple forms of enzymes: tissue, ontogenetic and species specific patterns. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 45, n. 5, p. 753-763, 1959.

MARQUES, M. C. M. Estudos auto-ecológicos do guanandi (*Calophyllum brasiliense* Camb. Clusiaceae) em uma mata ciliar do município de Brotas, SP. 1994. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP.

MARTINS, F. R. **Estrutura de uma floresta mesófila.** Campinas: Editora da UNICAMP (Série Teses), 1993. 243p.

MARTINS, P. S. Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação *in situ*. IPEF, Piracicaba, v.35, p.71-78, abr. 1987.

MARTINS, F. R. **O método de quadrantes e a fitossociologia de uma floresta residual no interior do Estado de São Paulo: Parque Estadual de Vuçununga.** São Paulo, 1979. 239. Tese (Doutorado). Instituto de Biociência, Universidade de São Paulo.

MELO JÚNIOR, A. F. Variabilidade genética em populações naturais de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) caracterizada por meio de isoenzimas / Afranio Farias de Melo Junior; orientadora: Dulcinea de Carvalho. 2003. 82 p. Dissertação (Mestrado em Manejo Ambiental) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG

MORAES, P. L. R. Estrutura genética de populações de *Cryptocaya moschata* Nees e Martius Ex Nees (Lauraceae). 1997. 190 p. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas/Biologia Vegetal) Universidade Estadual de São Paulo, Rio Claro.

MOSCOVICH, F. A. **Comparação de diferentes métodos de amostragem, de área fixa e variável, em uma floresta ombrofila mista.** 1998. 99 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Santa Maria, Rio Grande do Sul.

NEI, M. **Analysis of gene diversity in subdivided populations.** *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Washington, v.70, n. 12, p.3321-3323, 1973.

NEI, M. **Molecular evolutionary genetics.** New York: Columbia University Press, 1987. 512 p.

OLIVEIRA, A. F. **Estrutura genética de populações naturais de *Copaifera langsdorffii* Desf. a partir de isoenzimas.** 2000. 114 p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

OLIVEIRA-FILHO, A. T. **Composição florística e estrutura comunitária da floresta de galeria do córrego da Paciência, Cuiabá (MT).** *Acta Botânica Brasílica*, São Paulo, v.3, n.1, p.91-112, jan./abr. 1989.

OLIVEIRA-FILHO, A. T.; RATTER, J. A.; SHEPHERD, G. J. **Floristic composition and community structure of a central Brazilian gallery forest.** *Flora*, Jena, v. 184, n. 2, p. 103-107, 1990.

PAIVA, J. R. **Variabilidade isoenzimática em populações naturais de seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. Ex. ADR. De Juss.) Muell. Arg.]** 1992. 142 p. Tese (Doutorado em Agronomia) Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

PARKER, P. G.; SNOW, A. A.; SCHUG, M. D.; BOOTON, E. C.; FUERST, P. A. **What molecules can tell us about populations: Choosing and using a molecular marker.** *Ecology*, Washington, v. 79, n. 2, p. 361-382, 1999.

PASSOS, M. J. **Estrutura da vegetação arbórea e regeneração natural em remanescentes de mata ciliar do rio Mogi Guaçu, SP.** 1998. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura, Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP

PAULA, J. E. de; IMAÑA-ENCINAS, J.; PEREIRA, B. A. S. **Parâmetros volumétricos e da biomassa da mata ripária do córrego dos macacos.** *Cernea*, Lavras, v. 2, n. 2, p. 091-105, 1996.

PERECIN, B. **Diversidade genética em populações naturais de espécies de espinheira-santa, *Maytenus aquifolia* Mart. e *M. elecifolia* Mart. ex. Reiss.** Piracicaba, 2000. 134 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

POORTER, L.; BONGERS, F. **Ecology of tropical forests.** Department of Forestry. Wageningen Agricultural University, 1993.

PÓVOA, J. S. R. **Distribuição da variabilidade genética de *Cedrela fissilis* Vell., em fragmentos florestais, no sul de Minas Gerais, por meio de isoenzimas.** 2002. 95 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

POWELL, J. R. **Protein variation in natural population of animals.** *Evolutionary Biology*, New York, v.8, n. 1, p.79-119, 1975.

RATTER, J. A. **Notas sobre a vegetação da Fazenda Água Limpa (Brasília-DF).** Brasília: Editora da Universidade de Brasília, 1971. (Coleção Textos Universitários n.3).

REIS, M. S. **Distribuição e dinâmica da variabilidade genética em populações naturais de palmitheiro (*Euterpe edulis*).** 1996. 209p. Tese (Doutorado em Agronomia/Genética e Melhoramento de Plantas) Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

SARUKÁN, J. MARTINEZ-RAMOS, M. PIÑERO, D. **The analysis of demographic variability t the individual level and its populaton consequences.** In: DIRZO, R.; SARUKÁN, J. (Ed.). **Perspectives on plant population ecology.** Sunderland, Massachusetts: Sinauer, 1984. p. 83-106.

SCANDALIOS, J.G. **Genetic control of multiple molecular forms of enzymes in plants: a review.** *Biochemical Genetics*, New York, v.3, n. 1, p.37-79, 1969.

SCHIAVINI, I. **Estrutura de comunidades arbóreas de mata de galeria da Estação Ecológica do Panga (Uberlândia-MG).** Tese. (Doutorado) - Universidade Federal de Campinas, Campinas, SP.

SEBBENN, A. M. **Estrutura genética de subpopulações de *Genipa americana* L. (Rubiaceae) em mata ciliar a partir de isoenzimas.** 1997. 107 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; ZANATTO, A. C. S. Sistema de cruzamento em populações de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze.: implicações para a conservação e o melhoramento genético. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, n. 58, p. 25-40, dez. 2000.

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

SHEPHERD, G. J. *Fitopac 1.0*. Unicamp, 1995.

SHIMIZU, J. Y.; JAEGER, P.; SOPCHAKI, S. A. Variabilidade genética em uma população remanescente de Araucária no Parque Nacional do Iguaçu, Brasil. *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, n. 41, p. 18-36, 2000.

SIEGEL, S. *Nonparametric statistics for the behavioral sciences* / Sidney Siegel. Tokyo: McGraw-Hill Kogakusha, 1956. 312 p. (International Student Edition).

SLATKIN, M. Estimating levels of gene flow in natural population. *Genetics*, Baltimore, v. 99, n. 2, p. 323-335, 1981.

SOKAL, R. R.; MENOZZI, P. Spatial autocorrelation of HLA frequencies in Europe support demic diffusion of early farmers. *American Naturalist*, Chicago, v. 119, n. 1, p.1-17, 1982.

SOKAL, R. R.; ODEN, N. L. Spacial autocorrelation in biology. I. methodology. *Biology Journal Linnean Society*, London, v.10, n. 2, p.199-228, 1978.

SOLÉ-CAVA, A. M. Biodiversidade molecular e genética da conservação. In : MATIOLI, S. R. (Ed.). *Biologia molecular e evolução*. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2001.

SOLFERINI, V. N.; SEVILON, D. Polimorfismos de isozimas. In: MATIOLI, S. R. (Ed.). *Biologia molecular e evolução*. Ribeirão preto: Holos, 2001. p.137-142.

SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. (Ed.). *Isoenzymes in plant biology*. Portland: dioscorides Press, 1989. p.5-45.

STEBBINS, G. L. Introduction. In: SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. (Ed.). **Isoenzymes in plant biology**. London: Champmam and Hall, 1990. p.1-4.

SWOFFORD, D. L.; SALANDER, R. B.; BIOSYS-1. A FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. **Journal of Heredity**, Caray, v.72, n. 4, p.282-283, 1989.

TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; COELHO, A. S. G.; CHAVEZ, L. J. Autocorrelação espacial das frequências alélicas em subpopulações de cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC, Myrtaceae) no sudeste de Goiás. São Paulo: **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 24, n.2, p.145-154, jun. 2001.

TORGGLER, M. G. F.; CONTEL, E. P. B.; TORGLER, S. P. **Isoenzimas: variabilidade genética em plantas**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1995. 186 p.

VENCOVSKI, R. Análise de variância de frequências alélicas. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.15, p.53-60, 1992. Suplemento, 1.

WEEDEN, N. F.; WENDEL, J. F. Genetics of plant isozymes. In: SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. (Ed.). **Isoenzymes in plant biology**. London: Champmam and Hall, 1990. p.46-72.

WEIR, B. S. **Genetic data analysis II: methods for discrete population genetic data**. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 1996. 455 p.

WEIR, B. S. **Genetic data analysis: methods for discrete population genetic data**. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 1990. 377 p.

WENDEL, J. F.; WEEDEN, N. F. Visualization and interpretation of plant isoenzymes. In: SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. (Ed.). **Isoenzymes in plant biology**. Portland: dioscorides Press, 1989, p. 5-45.

WRIGHT, S. Breeding structure of populations in relation to speciation. **The American Naturalist**, Chicago, v.74, p.232-248, 1940.

WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of population**. Chicago: University of Chicago, 1969. v. 2. (The theory of gene frequencies.)

WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of population**. Chicago: University of Chicago, 1978. v. 4. (Variability within and among populations.)

WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, Baltimore, v.16, p.97-159, 1931.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution**, Washington, v.19, n. 3, p.395-420, 1965.

YEEH, Y.; KANG, S. S.; CHUNG, M. G. Evaluation of the natural monement populations of *Camellia japonica* (Thearaceae) in Korea based on allozyme studies. **Botanical Bulletin of Academia Sinica**, Shanghai, v.37, p. 141-146, 1996.

ANEXOS

	Página
ANEXO A	
TABELA 1A - Índices de diversidade genética para diversas espécies arbóreas nativas brasileiras	90

TABELA 1 A - Índices de diversidade genética para diversas espécies arbóreas nativas brasileiras.

Espécie	Ni	P	A	Ho	He	f	Ne	Fonte
<i>Xylopia emarginata</i>	29	100	2,0	0,566	0,410	-0,389	47,00	Este estudo
	24	100	2,0	0,377	0,342	-0,105	27,00	
	10	100	2,0	0,476	0,399	-0,209	13,00	
	16	100	2,0	0,695	0,432	-0,645	44,00	
	10	91	1,9	0,764	0,432	-0,848	66,00	
<i>Acrocomia aculeata</i>		100		0,182	0,375			Lopes et al, 1992
<i>Aeschynomene sensitiva</i>		19			0,425			Hill et al, 1978
		24			0,364			
<i>Aspidosperma polyneuron</i>	116	50	2,0	0,237	0,243			Maltez, 1997
	116	50	1,8	0,239	0,270			
<i>Bauhinia forficata</i>		100		0,451	0,503			Santos, 1994
<i>Bertholetia excelsa</i>		54			0,190			Buckley et al, 1988
<i>Bertholetia excelsa</i>		38	1,4	0,132	0,123	-0,057		Pardo, 2001
		31	1,3	0,158	0,130	-0,208		
		38	1,4	0,189	0,146	-0,157		

...Continua...

TABELA 1 A - ...Continuação...

Espécie	Ni	P	A	Ho	He	f	Ne	Fonte
<i>Calophyllum brasiliense</i>		50	1,6	0,141	0,223	0,372		Kawaguici & Kageyama, 2001
<i>Cariniana legalis</i>	412	100	2,7	0,263	0,348	0,249	64,40	Sebbenn et al., 2001
	386	100	2,8	0,267	0,350	0,242	66,70	
	434	100	3,0	0,287	0,366	0,220	68,80	
	1232	100	3,0	0,273	0,358	0,239	199,90	
<i>Caryocar brasiliense</i>	60	100	3,0	0,739	0,522	-0,421	103,63	Melo Júnior, 2003
	60	100	3,0	0,817	0,530	-0,548	132,74	
	60	100	2,6	0,583	0,450	-0,299	85,59	
	60	100	2,6	0,743	0,490	-0,508	122,20	
<i>Cedrela fissilis</i>	47	54	2,7	0,420	0,366	-0,151	55,36	Póvoa, 2002
	14	88	2,4	0,421	0,435	0,056	13,26	
	5	73	2,2	0,483	0,396	-0,420	8,62	
<i>Chorisia speciosa</i>		75	2,3	0,250	0,293			Souza, 1997
		63	2,0	0,203	0,271			
		75	2,3	0,306	0,307			
		75	2,3	0,263	0,324			
<i>Copaifera langsdorffii</i>	20	82	2,5	0,321	0,420	0,239		Oliviera, 2000
	20	88	2,4	0,421	0,435	0,063		
	20	73	2,2	0,483	0,960	-0,203		

...Continua...

TABELA 1 A - ...Continuação...

Espécie	Ni	P	A	Ho	He	f	Ne	Fonte
<i>Couratari guianensis</i>		100		0,203	0,429			Lepch-Cunha, 1996
		100		0,359	0,436			
<i>Cryptocaria moschata</i>		85		0,323	0,351			Moraes, 1997
<i>Esenbeckia leiocarpa</i>	45	36	1,6	0,178	0,171	-0,041		Seoane et al., 2000
	43	36	1,7	0,175	0,180	0,028		
<i>Eugenia dysenterica</i>		78	3,1	0,163	0,231			Telles et al, 2001
		89	2,8	0,160	0,268			
		89	2,8	0,175	0,223			
		89	3,3	0,215	0,285			
		78	2,8	0,136	0,285			
		78	2,9	0,163	0,265			
		78	2,4	0,244	0,353			
		89	3,2	0,195	0,263			
		78	3,6	0,214	0,377			
		89	3,2	0,213	0,334			
<i>Euterpe edulis</i>	23	86	2,7	0,391	0,426	0,082		Reis, 1996
	27	86	2,7	0,407	0,405	-0,005		
	23	86	2,9	0,454	0,447	-0,016		
	26	86	2,9	0,507	0,455	-0,114		

...Continua...

Espécie	Ni	P	A	Ho	He	f	Ne	Fonte
<i>Euterpe edulis</i>	26	100	3,1	0,570	0,479	-0,190		Reis, 1996
	26	100	3,4	0,524	0,493	-0,063		
	22	86	3,1	0,385	0,438	-0,121		
	25	71	3,1	0,494	0,428	-0,154		
<i>Genipa americana</i>	42	50	1,6	0,195	0,182	-0,071		Sebbenn et al., 1998
<i>Hevea brasiliensis</i>		100		0,229	0,319			Paiva, 1992
<i>Machaerium villosum</i>		90	2,4	0,264	0,342			Guidice Neto, 1999
		100	2,4	0,283	0,302			
<i>Maytenus aquifolia</i>	35	40	1,6	0,106	0,204	0,487	23,54	Perecin, 2001
	55	50	2,5	0,124	0,236	0,479	37,19	
	39	70	2,7	0,217	0,336	0,358	28,72	
	27	60	2,3	0,183	0,258	0,296	20,83	
	37	70	2,2	0,176	0,259	0,325	27,91	
<i>Myracrodruon urundeuva</i>	30	13	1,3	0,076	0,057	-0,333		Lacerda et al., 1999
	30	25	1,6	0,121	0,093	-0,301		
<i>Myracrodruon urundeuva</i>		67		0,160	0,243			Moraes, 1992
<i>Parapiptadenia rigida</i>		65	1,9	0,260	0,215			Ribas, 1999
<i>Spondias tuberosa</i>	405	50	1,8	0,377	0,402	0,070		Souza, 2000
	550	50	1,8	0,456	0,498	0,083		

...Continua...

TABELA 1 A - ...Continuação...

Espécie	Ni	P	A	Ho	He	f	Ne	Fonte
<i>Syagrus romanzoffiana</i>	88	100	2,5	0,367	0,371		19,72	Negrão, 1999
	100	100	2,5	0,500	0,472		9,65	
	93	50	2,0	0,217	0,184		19,05	
<i>Tabebuia cassinoides</i>	110	85	2,5	0,253	0,314	0,192	92,30	Sebbenn et al., 2000
	100	77	2,3	0,174	0,266	0,346	74,30	
MÉDIA			2,4	0,302	0,336	0,001	60,69	
DP			0,6	0,161	0,134	0,269	49,37	