Diversidade genética de *Mimosa scabrella* Benth. em duas populações situadas em paisagens com históricos diferentesGenetic diversity of *Mimosa scabrella* Benth. in two populations located at landscapes with different historicalGuilherme Oliveira Santos Ferraz de Arruda¹, Adelar Mantovani²,
Tiago Montagna³, Alison Paulo Bernardi³, Newton Clóvis Freitas da Costa³ e
Maurício Sedrez dos Reis³**Resumo**

O estudo objetivou caracterizar a diversidade genética em duas populações de *Mimosa scabrella* Benth. (bracatinga) em Lages-SC, Região Sul do Brasil, situadas em Floresta Ombrófila Mista Montana com paisagens distintas. A população da Fazenda Experimental da UDESC encontra-se em região com histórico de uso para agricultura e pecuária em passado recente. No Parque Natural Municipal a população situa-se em Unidade de Conservação, apresentando grande parte dos indivíduos aglomerados e confinados na Floresta Ombrófila Mista preservada, embora com histórico de exploração seletiva de madeira no passado. Por análises isoenzimáticas, foram interpretados genótipos de 50 indivíduos adultos de cada população, para nove locos isoenzimáticos (PGI, 6PGDH, PGM, SKDH, IDH, PRX, ME, β -EST e DIA). Com o programa estatístico GenAlEx 6.5 foram estimados valores médios dos parâmetros de diversidade genética em ambas as populações, sendo estes comparados por Intervalos de Confiança a 95%. Dentre os parâmetros de diversidade genética, algumas estimativas nas respectivas populações da Fazenda Experimental e do Parque Natural foram: polimorfismo nos locos (P%): 88,8 e 100; número de alelos por loco ($\hat{A}$): 3,555 e 3,444; heterozigosidade observada (H_o): 0,427 e 0,309 e heterozigosidade esperada (H_e): 0,469 e 0,362. Conclui-se que não há evidências de que a diversidade genética de *M. scabrella* tenha sido influenciada pelos diferentes históricos de uso das paisagens onde se localizam ambas as populações.

Palavras-chave: Bracatinga; Floresta Ombrófila Mista; Alelos; Heterozigosidade.

Abstract

The study aimed to characterize the genetic diversity in two *Mimosa scabrella* Benth. (bracatinga) populations in Lages, Santa Catarina State, southern Brazil, located at Mixed Ombrophylous Forest Montana with different landscapes. The population of UDESC Experimental Farm is in a region with a historic of usage for agriculture and livestock in the recente past. In the Natural Park of Lages the population is located in a Conservation Unit, presenting a large part of the individuals clustered and confined in the preserved Mixed Ombrophilous Forest, although with historic of selective logging in the past. By isoenzymatic analyzes, genotypes of 50 adult individuals from each population were interpreted for nine isoenzymatic loci (PGI, 6PGDH, PGM, SKDH, IDH, PRX, ME, β -EST and DIA). By the GenAlEx 6.5 statistical program, mean values of the parameters of genetic diversity were estimated in both populations, being these compared by Confidence Intervals to 95%. Among the genetic diversity parameters, some estimates in the respective populations of Experimental Farm and Natural Park were: polymorphism in the locus (P%): 88,8 and 100; number of alleles per loco ($\hat{A}$): 3,555 and 3,444; observed heterozygosity (H_o): 0.427 and 0.309 and expected heterozygosity (H_e): 0,469 and 0,362. It is concluded that there is no evidence that the genetic diversity of *M. scabrella* has been influenced by different histories of the landscapes usage where both populations are located.

Keywords: Bracatinga; Mixed Ombrophilous Forest; Alleles; Heterozygosity.

INTRODUÇÃO

Estudos de genética de populações de espécies arbóreas visam conhecer os níveis de variabilidade genética destas, como subsídios importantes ao planejamento e execução de ações de conservação e uso. Tomadas de decisões sobre a conservação de recursos genéticos devem ser baseadas em

1. Universidade do Oeste de Santa Catarina – UNOESC. Xanxerê, SC, Brasil.

2. Centro de Ciências Agroveterinárias – CAV, Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC. Lages, SC, Brasil

3. Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC. Florianópolis, SC, Brasil.

* Autor correspondente: guilherme.fdearruda@gmail.com

parâmetros genéticos populacionais, em especial às espécies objeto de maior interferência do ser humano, como as de interesse econômico (SILVA et al., 2014). Estudos que fazem correlação entre genética populacional de espécies vegetais e o grau de perturbação destas, são fundamentais para saber se houve perda de genes e auxiliar em diretrizes para o uso racional dos recursos vegetais e de conservação, visando a sobrevivência das espécies (LIMA et al., 2015).

Diversidade genética refere-se à variação hereditária acumulada durante o processo de evolução de uma espécie sob a ação de forças evolutivas, entre indivíduos da mesma população e entre populações desta espécie, podendo ser variação morfológica, comportamental e genética, entre outras (RIBEIRO et al., 2016). A heterozigosidade, por exemplo, está correlacionada diretamente com o valor adaptativo dos indivíduos, onde populações com baixas estimativas deste parâmetro têm sua sustentabilidade reduzida, podendo culminar em erosão genética (SOUZA et al., 2014).

Entretanto, o mau uso dos recursos naturais pode gerar perdas de espécies nos ecossistemas, incluindo-se as arbóreas. Mudanças em paisagens florestais pela expansão da pecuária, agricultura, silvicultura e exploração inadequada dos recursos madeireiros, levam à fragmentação ou destruição dos ecossistemas florestais (BRANDÃO et al., 2015). Em habitats fragmentados, a dinâmica da polinização é alterada, com tendência de diminuição da diversidade genética das plantas ali reproduzidas, havendo mudanças nos padrões de cruzamento das mesmas (BREED et al., 2015). No caso de perda da diversidade genética, as estratégias e ações bem fundamentadas são de suma importância.

A manutenção de altos índices de diversidade genética em uma espécie, bem como de mecanismos para a sua manutenção, garante às próximas gerações a possibilidade de formarem novos recombinantes, de manterem a capacidade adaptativa a novos ambientes, assim como a sua dinâmica populacional (REIS et al., 2012).

Buscar respostas às alterações de habitats em populações de espécies chaves é fundamental para conservação de paisagens fragmentadas. Nesta busca estão incluídos os estudos da diversidade de genes nas populações destas espécies, proporcionando medir o grau de diversidade de uma comunidade, uma vez que as espécies podem ser identificadas, classificadas e contadas (SILVA et al., 2014).

Mimosa scabrella Benth. (Fabaceae) ou bracinga, é uma arbórea pioneira de ocorrência em Floresta Ombrófila Mista nas regiões Sul e Sudeste do Brasil, com sistema de reprodução misto predominantemente alógamo e que atinge a idade reprodutiva aos três anos. É espécie de múltiplo uso, viabiliza diversos benefícios diretos e indiretos ao homem, agregando-lhe grande importância socioeconômica e ecológica (AZEVEDO et al., 2017; FERREIRA et al., 2013; FRIEDERICHS et al., 2015; MAZUCHOWSKI et al., 2014).

O objetivo do estudo foi caracterizar a diversidade genética de duas populações de *Mimosa scabrella* localizadas em paisagens com diferentes históricos de manejo, no mesmo município do planalto serrano catarinense.

MATERIAL E MÉTODOS

Locais do estudo

O estudo abrangeu duas populações de *Mimosa scabrella* no município de Lages, no planalto serrano do estado de Santa Catarina, distantes 31 km entre si (Figura 1).

A população 1 situa-se na Fazenda Experimental do Centro de Ciências Agroveterinárias (FECAV), da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), com 191 ha, latitude 27°45"S, longitude 50°04"W e altitude de 895 m. O clima local é do tipo Cfb pela classificação de Köppen, com médias anuais de 16,6°C e 1441 mm de precipitação (CLIMATE, 2018). Esta população insere-se em região com paisagem manejada por uso agropecuário em Floresta Ombrófila Mista Montana.

A população 2 situa-se no Parque Natural Municipal João José Theodoro da Costa Neto (PARNAMUL), uma Unidade de Conservação (UC) de proteção integral com 234,42 ha, altitude com cota máxima de 1222 m (LIMA, 2007), latitude 27°47"S, longitude 50°20'W, com a mesmo tipo climático e mesmas médias anuais de temperatura e precipitação expressas para a população 1. Esta população de *M. scabrella* está inserida em paisagem bem conservada de Floresta Ombrófila Mista Montana no interior da UC, existindo um significativo agrupamento de indivíduos adultos (bracingal) rodeado pela floresta diversificada do local

Figura 1. Localização do município de Lages no estado de Santa Catarina e das populações de *M. scabrella* analisadas
Figure 1. Location of Lages municipality in Santa Catarina State and *M. scabrella* populations analyzed

Para as análises isoenzimáticas foi utilizado o Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV) do Centro de Ciências Agrárias (CCA), Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), em Florianópolis-SC.

Amostragem e análises isoenzimáticas

Em ambas as populações de *M. scabrella* foram selecionadas 50 árvores adultas de cada uma. A escolha seguiu critérios previamente estabelecidos, como distância mínima de 50 m entre elas, ter bom aspecto fitossanitário e sem indícios aparentes de senescência. De cada indivíduo foram coletadas folhas e mantidas em refrigeração a 5°C, sendo esta etapa realizada no dia anterior às análises para minimizar degradação das enzimas.

Para as análises utilizaram-se marcadores isoenzimáticos, por serem adequados a este propósito (CONTE et al., 2008), sendo sua natureza codominante uma das vantagens de seu amplo uso no estudo de arbóreas (GOIS et al., 2018). Para extração e solubilização das isoenzimas de tecidos foliares, utilizou-se equipamento macerador / homogeneizador de amostras em rotação de 6800 rpm por 15 segundos e a solução tampão de extração nº 1 (ALFENAS, 1998). Wicks (papel Whatman nº 3, com 2 mm x 20 mm) foram embebidos nos extratos foliares solubilizados e inseridos em placa de gel de amido (Penetrose™ 30 a 13%), para a migração das isoenzimas mediante corrente elétrica. A eletroforese ocorreu em geladeira (5°C), com solução tampão do sistema gel/eletrodo Tris-Citrato (TC) pH 7,5. Nove sistemas isoenzimáticos foram utilizados para a caracterização genética das matrizes e progênes: fosfogluco isomerase (PGI; EC 5.3.1.9), 6-fosfogluconato desidrogenase (6PGDH; EC 1.1.1.44), fosfoglucomutase (PGM; EC 5.4.2.2), xiquimato desidrogenase (SKDH; EC 1.1.1.25), isocitrato desidrogenase (IDH; EC 1.1.1.42), peroxidase (PRX; EC 1.11.1.7), enzima málica (ME; 1.1.1.40), beta esterase (β -EST; EC 3.1.1.1) e diaforase (DIA; EC 1.8.1.4).

Análise da diversidade genética

Para caracterizar a diversidade genética de *M. scabrella* das populações do estudo (FECAV e PARNAMUL), o programa estatístico GenAlEx 6.5 (PEAKALL; SMOUSE, 2012) estimou os parâmetros: i) número de alelos por loco ou "Riqueza média" ($\hat{A}$), obtido por divisão entre o número total de alelos e número de locos analisados; ii) número de alelos "efetivos" por loco ($\hat{A}_e$), obtido pela equação

$1/\sum p_i^2$ onde p_i é a frequência do i ésimo alelo; iii) heterozigosidade observada (H_o), por divisão entre o número total de heterozigotos e o número total de genótipos analisados; iv) heterozigosidade esperada (H_e), pela equação $1-\sum p_i^2$, onde p_i é a frequência do i ésimo alelo e v) índice de fixação (F), obtido pela equação $1 - (H_o / H_e)$. O mesmo programa também estima a frequência dos alelos, incluindo os alelos raros e os exclusivos. As médias dos parâmetros ($\hat{A}$), ($\hat{A}_e$), (H_o), (H_e) e (F) foram comparadas pelos Intervalos de Confiança (IC) com 95% de nível de confiança.

Parâmetros foram estimados de forma direta por meio dos genótipos interpretados nas análises isoenzimáticas: i) o número de locos (NL), equivalente ao número de sistemas isoenzimáticos utilizados; ii) polimorfismo nos locos (P%), obtido por divisão entre o total de locos polimórficos e o número de locos analisados, multiplicado por 100; iii) número total de alelos diferentes ou “riqueza de alelos” (A), obtido pelo somatório dos alelos diferentes em todos os locos e iv) número total de heterozigotos, pelo somatório dos genótipos heterozigotos em todos os locos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise estatística dos genótipos interpretados de 100 amostras em nove locos isoenzimáticos, gerou os resultados dos parâmetros de diversidade genética, para as duas populações de *M. scabrella* (Tabela 1).

Tabela 1. Caracterização da diversidade genética de *M. scabrella* nas populações da FECAV e do PARNAMUL
Table 1. Genetic diversity characterization of *M. scabrella* in FECAV and PARNAMUL

Parâmetro	Estimativas médias			
	FECAV	IC	PARNAMUL	IC
Total de árvores amostradas	50		50	
Nº de locos (NL)	9	-	9	-
Polimorfismo nos locos (P%)	88,8	-	100	-
Nº total de heterozigotos	189	-	128	-
Total de alelos diferentes (Riqueza) (A)	32	-	31	-
Nº alelos por loco (Riqueza média) ($\hat{A}$)	3,555 ^{ns} (EP 0,556)	2,5224 4,5886	3,444 ^{ns} (EP 0,412)	2,6782 5,3924
Nº de alelos efetivos por loco ($\hat{A}_e$)	2,108 ^{ns} (EP 0,234)	1,6730 2,5430	1,707 ^{ns} (EP 0,182)	1,3678 2,7259
Heterozigosidade observada (H_o)	0,427 ^{ns} (EP 0,066)	0,3047 0,5489	0,309 ^{ns} (EP 0,052)	0,2115 0,4457
Heterozigosidade esperada (H_e)	0,469 ^{ns} (EP 0,070)	0,3392 0,5981	0,362 ^{ns} (EP 0,063)	0,2454 0,5192
Índice de fixação (F)	0,088 ^{ns} (EP 0,035)	0,0232 0,1520	0,123 ^{ns} (EP 0,052)	0,0268 0,1018

IC: limite inferior e superior do Intervalo de Confiança com 95% de nível de confiança; ns: diferença não significativa entre médias na mesma linha; (EP): Erro padrão.

Para ambas as populações, foram compilados os resultados de frequências de alelos por loco (Tabela 2) e do número de alelos por loco e totais (Figura 2 e Figura 3).

Caracterizar a diversidade genética das populações de *Mimosa scabrella* é importante por ser esta uma espécie brasileira reconhecida pelos benefícios diretos e indiretos aos produtores rurais das regiões de ocorrência.

Os índices de diversidade genética podem auxiliar em tomadas de decisão, na fase de planejamento de ações de conservação e uso da espécie. Tais considerações estão em concordância com Almeida et al. (2015), para os quais as espécies arbóreas mais conhecidas e mais disponíveis tornam-se alvo de coleta de sementes geralmente desconhecendo-se informações genéticas e os seus significados práticos.

O número de locos (NL) analisados para ambas as populações de *Mimosa scabrella* do estudo foi nove, correspondendo à quantidade de sistemas isoenzimáticos utilizados.

O número de alelos (A) é o índice que corresponde à quantidade de alelos diferentes em uma população, sendo o número total deste parâmetro denominado “riqueza” da população. Já o número de alelos diferentes por loco ($\hat{A}$), é denominado “riqueza média” ($\hat{A}$), havendo também o número de alelos “efetivos” por loco ($\hat{A}_e$), estimado em função da existência de alelos com frequência $< 0,05$, os alelos raros.

Tabela 2. Frequência dos alelos por loco nas duas populações analisadas

Table 2. Frequency of alleles per locus in the two analyzed populations

Loco	Alelo	Frequência alélica	
		FECVAV	PARNAMUL
PGI		(N=50)	(N=50)
	1	0,15	0,17
	2	R, E 0,010	0
	3	0,48	0,56
	4	0,13	R 0,020
	5	R 0,040	0,16
	6	0,16	0,08
6PGDH	7	R 0,030	R 0,010
		(N=50)	(N=48)
	1	0,07	R 0,042
	2	0,56	0,719
PGM	3	0,28	0,188
	4	0,09	0,052
		(N=49)	(N=46)
	1	0,255	0,304
SKDH	2	0,694	0,652
	3	R 0,041	R 0,033
	4	R 0,010	R 0,011
		(N=50)	(N=47)
IDH	1	0,11	0,085
	2	0,52	0,5
	3	0,34	0,394
	4	R 0,030	R 0,021
PRX		(N=49)	(N=45)
	1	0,122	0,156
	2	0,5	0,822
	3	0,337	R 0,022
ME	4	R, E 0,041	0
		(N=48)	(N=35)
	1	0,323	0,071
β-EST	2	0,646	0,886
	3	R 0,031	R 0,043
		(N=50)	(N=50)
DIA	2	1	0,98
	3	0	R, E 0,020
		(N=50)	(N=46)
	1	0,73	0,815
	2	0,14	0,098
	3	0,13	0,087
		(N=46)	(N=49)
	1	0,217	0,153
	2	0,783	0,847

(N): n° de amostras válidas analisadas por loco; R: alelo raro; E: alelo exclusivo

Figura 2. Número de alelos nos locos analisados da população de *M. scabrella* na FECVAV

Figure 2. Number of alleles in the analyzed loci of *M. scabrella* population in the FECVAV

Figura 3. Número de alelos nos locos analisados da população de *M. scabrella* no PARNAMUL
Figure 3. Number of alleles in the analyzed loci of *M. scabrella* population in the PARNAMUL

Na população de *Mimosa scabrella* da FECAV, o número de alelos por loco ($\hat{A}$) variou dentre os nove locos, com um mínimo de um e um máximo de sete (Figura 2), onde o loco ME apresentou um alelo enquanto o loco PGI apresentou sete alelos. Além destes, foram detectados quatro alelos nos locos 6PGDH, PGM, SKDH e IDH; três alelos nos locos PRX e β -EST e dois alelos no loco DIA (Figura 2). Para a população do PARNAMUL, o número de alelos por loco ($\hat{A}$) também variou dentre os nove locos, com um mínimo de dois e um máximo de seis (Figura 3), onde os locos ME e DIA apresentaram dois alelos e o loco PGI seis alelos. Nos demais locos, foram detectados três alelos nos locos IDH, PRX e β -EST e quatro alelos nos locos 6PGDH, PGM e SKDH (Figura 3).

Comparando as duas populações do estudo, os resultados para o número total de alelos diferentes ("riqueza") (A) foram muito próximos (Tabela 1). O número de alelos por loco ($\hat{A}$) ("riqueza média") não diferiu significativamente entre as duas populações. Igualmente não houve diferença significativa entre as médias do número de alelos "efetivos" por loco ($\hat{A}_e$) das duas populações (Tabela 1). Moreira et al. (2011) obtiveram com populações manejadas de *M. scabrella*, em localidades do estado de Santa Catarina, número total de alelos ("riqueza") (A) de 21,6 alelos, praticamente o mesmo valor de 21 alelos para uma população sem intervenção.

As populações da FECAV e do PARNAMUL apresentaram maiores "riqueza" (A) e "riqueza média" ($\hat{A}$) do que estimativas dos mesmos parâmetros obtidos por Moreira et al. (2011) sugerindo provável maior nível de diversidade genética. Não se descarta a possibilidade da influência dos históricos de cada local, referente ao uso, sobre estas estimativas dos parâmetros (A) e ($\hat{A}$). Trata-se de inferência em concordância com Caballero et al. (2010), de que a "riqueza" (A) é um dos critérios para medir a diversidade genética. Para estes autores, a "riqueza alélica" (A) é recomendada como um parâmetro chave em programas conservacionistas de biodiversidade, embora seja muito dependente do tamanho amostral. Mello (2012) também inferiu no mesmo contexto, de que a "riqueza alélica" (A) é bom indicador de mudanças demográficas em uma população. Sobierajski et al. (2006) obtiveram em populações de *M. scabrella* em localidades dos estados de SP, PR e SC, a média de 25,7 para o parâmetro número total de alelos (A), com valor numericamente menor do que ambas as populações da espécie em estudo (Tabela 1).

O parâmetro número de alelos por loco ($\hat{A}$) ("Riqueza média") nas populações da FECAV ($\hat{A}=3,555$) e do PARNAMUL ($\hat{A}=3,444$) foram de magnitude considerada alta, em conformidade com avaliações de bracingais por Moreira et al. (2011) que relataram como altos os índices de ($\hat{A}$) (2,63 e 2,37), os quais são menores do que os índices das duas populações do estudo.

Quanto ao parâmetro número de alelos "efetivos" por loco ($\hat{A}_e$), nas duas populações amostradas, apresentaram valores menores do que os estimados para o parâmetro número de alelos por loco ($\hat{A}$). Com base em inferência de Sobierajski et al. (2006), a presença de alelos raros (frequência < 0,05) no conjunto de genótipos, torna o número de alelos "efetivos" por loco ($\hat{A}_e$) menor que o número de alelos por loco ("riqueza média") ($\hat{A}$).

O polimorfismo nos locos (P) é um parâmetro que pode ser obtido pelo diagnóstico das frequências alélicas e/ou genótípicas dos locos analisados (MELLO, 2012). A população amostrada da FECAV não apresentou estimativa máxima de polimorfismo (Tabela 1) devido ao loco de enzima málica (ME) revelar total ausência de heterozigotos, apresentando somente genótipos homozigotos com o alelo "2" em todas as 50 árvores amostradas. Na população do PARNAMUL, o polimorfismo nos locos foi total (Tabela 1), demonstrando presença de mais de um alelo (de dois a seis alelos) em todos os locos isoenzimáticos.

Na população da FECAV o percentual de polimorfismo nos locos (P%) foi alto (88,88%), mesmo não sendo a estimativa máxima. Já a população do PARNAMUL mostrou o percentual máximo de locos polimórficos (100%) nas amostras. Em estudos com *M. scabrella* nas regiões Sul e Sudeste do Brasil, Moreira et al. (2011) e Sobierajski et al. (2006) obtiveram polimorfismo máximo nos locos. Este contexto permite sugerir que o polimorfismo máximo ou de percentual elevado é frequente na espécie em estudo.

Entretanto, este parâmetro (P) sofre restrições quanto ao seu uso como medida de diversidade genética. Brown e Weir (1983) inferiram sobre algumas limitações deste parâmetro (P), considerando-o muito dependente do tamanho amostral e também do número de enzimas e dos tipos destas.

O número de heterozigotos nas 50 árvores analisadas da FECAV, em nove locos, foi de 189 genótipos heterozigotos (Tabela 1), assim distribuídos pelos locos: 32 heterozigotos no loco PGI; 29 heterozigotos no 6PGDH; 18 heterozigotos no PGM; 32 heterozigotos no SKDH; 23 heterozigotos no IDH; 20 heterozigotos no PRX; 19 heterozigotos no β -EST e 16 heterozigotos no DIA. O loco ME não revelou heterozigotos. Para a população do PARNAMUL, em igual amostragem e análise, foram contabilizados 128 genótipos heterozigotos (Tabela 1), com esta distribuição nos locos: 24 heterozigotos no PGI; 20 heterozigotos no 6PGDH; 19 heterozigotos no PGM; 23 heterozigotos no SKDH; 12 heterozigotos no IDH; oito heterozigotos no PRX; dois heterozigotos no ME; 13 heterozigotos no β -EST e sete heterozigotos no DIA.

A heterozigosidade observada (H_o) na análise da população da FECAV foi estimada com base em 442 genótipos válidos e oito genótipos como "dados perdidos" de quatro locos isoenzimáticos (PGM, IDH, PRX e DIA). Para a população do PARNAMUL, 416 genótipos foram considerados válidos na análise e 34 genótipos foram "dados perdidos" de sete locos isoenzimáticos (6PGDH, PGM, SKDH, IDH, PRX, β -EST e DIA). Em ambas as populações analisadas, as médias para o parâmetro (H_o) não diferiram significativamente entre si (Tabela 1), permitindo inferir que não há evidências de que a heterozigosidade observada em alguma das populações apresente vantagem de variabilidade genética sobre a outra.

Os índices nas populações da FECAV (H_o : 0,427) e do PARNAMUL (H_o : 0,309) têm magnitude alta, corroborando avaliações de Moreira et al. (2011), que obtiveram valores (H_o) menores do que os deste estudo, para a mesma espécie em populações no estado de SC e os avaliaram como de magnitude alta, sendo H_o : 0,235 um exemplo.

O parâmetro heterozigosidade esperada (H_e) para as populações da FECAV e do PARNAMUL não apresentou diferença significativa entre as médias (Tabela 1). Em relação à magnitude das estimativas, em ambas as populações estas foram consideradas altas, estando esta inferência coerente com a avaliação de Moreira et al. (2011) para a mesma espécie arbórea. Para estes, como exemplo, o índice H_e (0,311) foi avaliado como alto, cujo valor é mais baixo do que os das populações de *M. scabrella* da FECAV (H_e : 0,469) e do PARNAMUL (H_e : 0,362).

Na análise das heterozigosidades, a espécie apresentou nas duas populações analisadas, estimativas de heterozigosidade observada menor do que a heterozigosidade esperada (Tabela 1). O fato das estimativas (H_o) e (H_e) não serem iguais, sugere haver desvios em relação ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) para ambas as populações arbóreas. Neste estudo, tais desvios refletem excesso de homozigotos nas duas populações devido a heterozigosidade observada ser menor do que a heterozigosidade esperada ($H_o < H_e$).

Na prática, diferenças entre os valores de (H_o) e (H_e), como observado nas populações da FECAV e do PARNAMUL, são comuns para espécies arbóreas, que raramente têm igualdade entre as heterozigosidades observada e esperada, devido à ação das forças evolutivas (mutação, migração, seleção natural e deriva genética) sobre a frequência dos alelos a cada geração. Esta consideração está em conformidade com afirmações de Hartl e Clark (2010), de que as forças evolutivas podem alterar

as frequências dos alelos ao longo do tempo, em modelos mais “realísticos”, já que pelo modelo “referencial” do EHW, isso não se pressupõe.

O índice de fixação (F) apresentou médias para 50 árvores amostradas em cada população (Tabela 1) com valores maiores do que zero, sugerindo, pelo sinal positivo, provável excesso de homozigotos em ambas as populações em detrimento de heterozigotos, sugerindo algum nível de endogamia. Não houve diferença significativa entre as médias do parâmetro (F), nas duas populações de *M. scabrella* analisadas, embora os cenários onde estão inseridas apresentem paisagens distintas, como vegetação manejada por uso de atividade agropecuária (FECAV) e vegetação bem conservada (PARNAMUL).

Em espécies arbóreas de sistema reprodutivo misto com predominância de cruzamentos, é esperado algum nível de endogamia, pela possibilidade de autofecundações espontâneas e de cruzamentos entre indivíduos aparentados. A inferência corrobora Sebbenn et al. (2000), que concluíram que a principal causa da endogamia em espécies de sistema de reprodução misto, como a do presente estudo, são os cruzamentos entre indivíduos aparentados, porém com efeitos menos drásticos do que a autofecundação. Populações de *M. scabrella* analisadas por Moreira et al. (2011) e por Sobierajski et al. (2006), já mencionadas, igualmente apresentaram índices (F) maiores que zero, como F: 0,245 e 0,080, sugerindo endogamia.

A frequência alélica é uma informação da frequência em que um determinado alelo ocorre em uma população, geralmente expressa em proporção. Na população de *M. scabrella* da FECAV, foram revelados alelos nos nove locos isoenzimáticos, com destaque para o loco PGI com sete alelos em 50 amostras válidas e para o alelo 3 que teve maior frequência (Tabela 2). Na população da espécie no PARNAMUL, igualmente os alelos foram revelados nos nove locos, tendo o loco PGI apresentado seis alelos em 50 amostras válidas e o alelo 3 foi o de maior frequência.

Foram verificados alelos raros (com frequência de, no máximo, 0,05 em um determinado loco) na população da FECAV, sendo estes os alelos 2, 3, 4, 5 e 7, e na população do PARNAMUL foram detectados os alelos raros 1, 3, 4 e 7 (Tabela 2). Igualmente foram detectados alelos exclusivos (privativos) nas duas populações, sendo estes os alelos de um loco que estão restritos somente a uma das populações analisadas. Na população da FECAV, foram revelados dois alelos exclusivos: o alelo 2 no loco PGI e o alelo 4 no loco IDH, enquanto na população do PARNAMUL, detectou-se somente o alelo 3 como exclusivo no loco ME.

De acordo com Sobierajski et al. (2006), acredita-se que genótipos portadores de alelos exclusivos têm importância singular para a manutenção dos níveis de heterozigosidade ao serem disseminados por fluxo gênico, a outras populações.

CONCLUSÕES

Nas condições do estudo, a espécie florestal *Mimosa scabrella* não apresenta diferenças significativas entre os parâmetros de caracterização da diversidade genética, nas duas populações analisadas no município de Lages-SC.

Não há evidências de que a diversidade genética de *Mimosa scabrella* tenha sido influenciada pelos diferentes históricos de uso das paisagens onde se inserem as populações da Fazenda Experimental do CAV/UDESC e do Parque Natural Municipal, ambas em Lages-SC.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALFENAS, A. C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins** – Fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos. Viçosa: Ed. UFV, 1998. 574 p.
- ALMEIDA, F. V.; LOPES, M. T. G.; VALENTE, M. S. F.; BENTES, J. L.S. Diversidade genética entre e dentro de populações de *Cenostigma tocantinum* Ducke. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 43, n. 108, p. 753-762, 2015.
- AZEVEDO, M. S.; SERAGLIO, S. K. T.; ROCHA, G.; BALDERAS, C. B.; PIOVEZAN, M.; GONZAGA, L. V.; FALKENBERG, D. B.; FETT, R.; OLIVEIRA, M. A. L. de.; COSTA, A. C. O. Free amino acid determination by GC-MS combined with a chemometric approach for geographical classification of bracatinga honeydew honey (*Mimosa scabrella* Benth). **Food Control**, Wageningen, v. 78, p. 383-392, 2017.

BRANDÃO, M. M.; VIEIRA, F. A.; NAZARENO, A. G.; CARVALHO, Dulcinéia de. Genetic diversity of neotropical tree *Myrcia splendens* (Myrtaceae) in a fragment–corridor system in the Atlantic rainforest. **Flora**, v. 216, p. 35–41, 2015.

BREED, M. F.; OTTEWELL, K. M.; GARDNER, M. G.; MARKLUND, M. H. K. DORMONTT, E. E.; LOWE, A. J. Mating patterns and pollinator mobility are critical traits in forest fragmentation genetics. **Heredity**, Londres, v. 115, p. 108–114, 2015.

BROWN, A. H. D.; WEIR, B. S. Measuring genetic variability in plant population. In: TANSKLEY, S. D.; ORTON, T. J. (Ed.). **Isozymes in plants genetics and breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1983. p. 219-239.

CABALLERO, A.; RODRÍGUEZ-RAMILO, S. T.; ÁVILA, V.; FERNÁNDEZ, J. Management of genetic diversity on subdivided populations in conservation programmes. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 11, p. 409- 419, 2010.

CLIMATE. **Dados climáticos para cidades mundiais**: *Oedheim*: 2018. Disponível em: < <https://pt.climate-data.org/location/3452/> >. Acesso em: 22 out. 2018.

CONTE, R.; REIS, M. S.; MANTOVANI, A.; VENCOVSKY, R. Genetic structure and mating system of *Euterpe edulis* Mart. populations: a comparative analysis using microsatellite and allozyme markers. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 99, n. 5, p. 476-482, 2008.

FERREIRA, P. I.; GOMES, J. P.; BATISTA, F.; BERNARDI, A. P.; COSTA, N. C. F. da.; BORTOLUZZI, R. L. C.; MANTOVANI, A. Espécies Potenciais para Recuperação de Áreas de Preservação Permanente no Planalto Catarinense. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 20, n. 2, p. 173-182, 2013.

FRIEDERICH, G.; BRAND, M. A.; CARVALHO, A. F. de.; KÜSTER, L. C. Qualidade da madeira e do carvão vegetal de bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.). **Ciência da Madeira**, Pelotas, v. 6, n. 2, p. 79-87, 2015.

GOIS, I. B.; FERREIRA, R. A.; SILVA-MANN, R. Variabilidade genética em populações naturais de *Cassia grandis* L. f. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 25, n. 4, p. 1-10, 2018.

HARTL, D. L.; CARK, A. G. **Princípios de genética de populações**. 4. ed. Porto Alegre: Artmed, 2010, 660 p.

LIMA, L. C. **Processo de planejamento e implantação do Parque Natural Municipal de Lages-SC com ênfase na conservação de bacias hidrográficas e na percepção da comunidade do entorno**. 2007. 186 p. Tese (Doutorado em Engenharia Ambiental) – Centro Tecnológico, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2007.

LIMA, R. A.; LOPES, M. T. G.; BENTES, J. L. S.; VALENTE, M. S. F.; PEREIRA, J. O.; MUNIZ, G. I. B. de. Diversidade e estrutura genética de *Senna reticulata*. **Floresta**, Curitiba, v. 45, n. 3, p. 507 - 514, 2015.

MAZUCHOWSKI, J. Z.; RECH, T. D.; TORESAN, L. (Orgs.). **Bracatinga, Mimosa scabrella Benth**: cultivo, manejo e usos da espécie. Florianópolis: Epagri, 2014. 365 p.

MELLO, A. A.; NUTTO, L.; WEBER, K. S.; SANQUETTA, C. E.; MATOS, J. L. M.; BECKER, G. Individual Biomass and Carbon Equations for *Mimosa scabrella* Benth. (Bracatinga) in Southern Brazil. **Silva Fennica**, Vantaa, v. 46, n. 3, p. 333-343, 2012.

MOREIRA, P. A.; STEENBOCK, W.; PERONI, N.; REIS, M. S. dos. Genetic diversity and mating system of bracatinga (*Mimosa scabrella*) in a re-emergent agroforestry system in southern Brazil. **Agroforestry System**, v. 83, n. 2, p. 245-256, 2011.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. **Bioinformatics**, Oxford, v. 28, n. 19, p. 2537–2539, 2012.

REIS, M. S.; MANTOVANI, A.; SILVA, J. Z. D.; MARIOT, A.; BITTENCOURT, R.; NAZARENO, A. G.; FERREIRA, D. K.; STEINER, F.; MONTAGNA, T.; SILVA, F. A. L. S.; FERNANDES, C. D.; ALTRAK, G.; FIGUEREDO, L. G. U. Distribuição da diversidade genética e conservação de espécies arbóreas em remanescentes florestais de Santa Catarina. In: VIBRANS, A. C.; SAVEGNANI, L.; GASPER, A. L.; LINGNER, D. V. (Eds.). **Diversidade e conservação dos remanescentes florestais**. Blumenau: Edifurb, 2012. p. 143-169. (Inventário florístico florestal de Santa Catarina, v.1).

RIBEIRO, N. P.; SANCHES, C. C.; OLIVEIRA, M. A. C.; COSTA, R. B. DA. Biodiversidade e conservação de recursos genéticos de espécies arbóreas. **Multitemas**, Campo Grande, v. 21, n. 50, p. 31-49, 2016.

SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; ZANATTO, A. C. S. Sistemas 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.

SILVA, S. M. M.; MARTINS, K.; MESQUITA, A. G. G.; WADT, L. H. O. Parâmetros genéticos para a conservação de *Hymenaea courbaril* L. na Amazônia Sul-Occidental. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 24, n. 1, p. 87-95, 2014.

SOBIERAJSKI, G. R.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em nove populações de *Mimosa scabrella* Benth (Leguminosaceae). **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 37- 49, 2006.

SOUZA, D. C. L.; SILVA-MANN, R.; MELO, M. F. V. Indicadores de sustentabilidade para conservação genética de *Erythrina velutina* Willd., em área de mata ciliar. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 38, n. 6, p.1103-1113, 2014.

Recebido em: 27/10/2018
Aceito em: 28/03/2019