Capítulo 3

Princípios genéticos para o manejo e a conservação de espécies arbóreas

Ronan Xavier Corrêa
Fernanda Amato Gaiotto

SciELO Books / SciELO Livros / SciELO Libros

CORRÊA, R.X., and GAIOTTO, F.A. Princípios genéticos para o manejo e a conservação de espécies arbóreas. In: SAMBUICHI, R.H.R., MIELKE, M.S., and PEREIRA, C.E., org. *Nossas árvores: conservação, uso e manejo de árvores nativas no sul da Bahia* [online]. Ilhéus, BA: Editus, 2009, pp. 45-67. ISBN: 978-85-7455-515-7. Available from: doi: [10.7476/9788574555157.0004](https://doi.org/10.7476/9788574555157.0004). Also available in ePUB from: <http://books.scielo.org/id/pkb78/epub/sambuichi-9788574555157.epub>.

All the contents of this work, except where otherwise noted, is licensed under a [Creative Commons Attribution 4.0 International license](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Todo o conteúdo deste trabalho, exceto quando houver ressalva, é publicado sob a licença [Creative Commons Atribuição 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Todo el contenido de esta obra, excepto donde se indique lo contrario, está bajo licencia de la licencia [Creative Commons Reconocimiento 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

CAPÍTULO 3

PRINCÍPIOS GENÉTICOS PARA O MANEJO E A CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES ARBÓREAS

Ronan Xavier Corrêa
Fernanda Amato Gaiotto

A diversidade pode ser mensurada em diferentes níveis: ecossistemas, comunidades, populações e indivíduos. Nos últimos dois níveis (populações e indivíduos) está incluída a diversidade genética, ou seja, a diversidade que se encontra nos genes de determinada espécie. Existem várias formas de conservar a biodiversidade, e a conservação da diversidade genética é tão importante quanto a conservação vista pelos demais ângulos. Trata-se da única possibilidade de sobrevivência de indivíduos de determinada espécie em dada região por um longo período de tempo.

Quanto maior a diversidade genética, maior a chance de perpetuação da espécie frente às adversidades do meio ambiente ou às alterações estocásticas. As chances de sobrevivência aumentam quanto mais genes distintos uma espécie possuir, porque a capaci-

dade de se adaptar a tais mudanças do ambiente está justamente nos genes. Assim, diz-se que “a diversidade genética é a matéria prima para a evolução”. Como a evolução envolve adaptação, então só haverá sobrevivência e capacidade de deixar descendentes para a próxima geração se houver diversidade genética para tal fim.

Neste capítulo, a conservação da biodiversidade será abordada com foco na diversidade genética das espécies arbóreas, em nível de populações e indivíduos. Para demonstrar alternativas de conservar a diversidade genética, serão apresentados alguns exemplos de caracterização da diversidade genética em algumas coleções de plantas e implicações no seu manejo. Além disso, serão feitas algumas recomendações para coleta de sementes que consideram a conservação da diversidade genética. Portanto, esperamos que o leitor possa conhecer alguns princípios genéticos e alguns procedimentos para aplicá-los na obtenção de sementes florestais de alto valor genético.

Bases genéticas da conservação

A princípio, se um indivíduo de determinada espécie arbórea for observado, mesmo que atentamente, será impossível perceber onde estão localizados os códigos que permitem que o indivíduo em questão possua essa ou aquela característica. Cada indivíduo possui características como padrão de folhagem, padrão do tronco, cor das flores, forma dos frutos, entre outras, que certamente serão transmitidas para seus descendentes. As características hereditárias são transmitidas de pais para

filhos por meio de regiões das moléculas de DNA chamadas de genes.

Se conseguíssemos dividir uma árvore em suas partes principais (frutos, flores, folhas, caule e raízes), ainda assim não seria possível visualizar os genes. Porém, se ampliássemos estas partes, veríamos que elas são formadas por tecidos específicos, os quais são compostos por células. Cada célula também é composta por partes importantes para seu funcionamento. No interior da célula encontra-se o núcleo celular. Ele abriga o conteúdo genético que será transmitido às gerações de cada espécie viva (Figura 1).

Figura 1 - Representação esquemática de uma árvore, evidenciando-se suas diferentes partes compostas de células, as quais possuem todas as informações genéticas da espécie. Em cada parte da planta, são expressos apenas os genes responsáveis pelas características típicas de cada órgão.

Em espécies arbóreas, durante a formação dos gametas masculinos e femininos, as células germinativas se dividem formando células haploides (com metade do conteúdo genético da célula original). Estas células haploides, os gametas, se unirão durante o processo reprodutivo formando as sementes, que serão dispersas (pelo vento, água ou animais) para ocorrer enfim a germinação e o desenvolvimento de um novo indivíduo.

Este processo de “mistura” de material genético entre indivíduos de uma mesma população ou de populações distintas é chamado de fluxo gênico. Uma população é formada por indivíduos de uma mesma espécie que se encontram em um mesmo local, em determinado tempo, e que têm igual probabilidade de se intercrossarem.

Quando uma população está isolada de outra, a tendência natural é que ocorra uma diferenciação genética entre elas. O isolamento reprodutivo, muitas vezes causado por efeitos de fragmentação de habitat, não permite que alelos novos surgidos a partir de mutações sejam compartilhados entre populações distintas. Com isso, a variabilidade genética de uma espécie fica compartimentada em áreas isoladas. Portanto, apenas parte dos indivíduos de uma espécie pode se beneficiar dos novos genes, caso eles confirmem algum tipo de adaptabilidade. Entretanto, tais genes “mutantes” podem não ter serventia no ambiente atual ou na área onde foram gerados, mas, se transmitidos entre populações ou ao longo das gerações, podem ser importantes para a sobrevivência local da espécie no futuro.

Neste contexto, tanto a reprodução aleatória entre indivíduos de populações próximas quanto a possibilidade de indivíduos distintos de uma mesma população

deixarem descendentes são eventos fundamentais para a conservação genética da espécie.

Temos como exemplo o caso de duas populações hipotéticas que se encontram isoladas (Figura 2 A). Ocorrem nessas populações genes que conferem características diferentes (cor da copa) para os indivíduos de cada população. Os genes para copa cinza e listrada são comuns às duas populações, já que provavelmente elas tiveram uma origem comum. No entanto, os genes para copa branca e preta são privativos de cada uma das duas populações do exemplo. Caso estas populações entrem em contato genético, ou seja, os indivíduos das duas populações possam se intercruzar (Figura 2 B), os genes (branco e preto) passam a ser comuns às duas populações, aumentando a variabilidade genética de ambas. Geneticamente, as duas populações pequenas passam a se comportar como uma única grande população, conhecida tecnicamente como “metapopulação”.

Figura 2 - Diagrama ilustrando duas populações arbóreas. A – duas populações isoladas; B – duas populações com fluxo gênico.

Com este exemplo, percebe-se que o fluxo gênico pode ser restabelecido em populações naturais. Isto ocorre atualmente através de estratégias de conservação que preveem corredores ecológicos que facilitem o trânsito de polinizadores e dispersores de sementes entre um fragmento e outro. As principais peças de um corredor ecológico são, sem dúvida, as espécies arbóreas.

Conservação genética em arbóreas através de ferramentas moleculares

As árvores possuem genes particulares que lhes conferem grande porte, longevidade e alta taxa reprodutiva. Estas características as tornam um grupo de seres vivos com modo e tempo evolutivo diferentes dos demais espécies de plantas. Além disso, as espécies arbóreas são as únicas a manter níveis elevados de diversidade enquanto acumulam novas mutações em uma única geração. Por este motivo, possuem elevada capacidade de adaptação local.

Apesar de muitos autores enfatizarem a importância da conservação *in situ* das Florestas Tropicais, esta tem sido realizada com base em dados empíricos ou pouco específicos das comunidades ou ecossistemas a serem conservados. A conservação *in situ* é realizada quando os indivíduos a serem conservados são mantidos em suas áreas de ocorrência natural e não em coleções botânicas, *freezers* ou viveiros.

Estratégias de conservação *in situ* devem ser desenvolvidas com base no conhecimento dos padrões de dispersão de pólen e sementes e da capacidade de regeneração de determinada espécie. Existe ainda uma grande importância em relacionar os estudos demográficos

aos genéticos, para que a conservação de populações naturais seja realizada de maneira eficiente, a fim de preservar a maior percentagem possível de indivíduos que representem geneticamente a espécie em questão. Além disso, tais conhecimentos são ainda relevantes para que a exploração de recursos genéticos vegetais tropicais seja realizada de maneira planejada e não predatória.

Vários fatores evolutivos tais como seleção e deriva genética podem trazer importantes consequências para a estrutura genética de populações, afetando sua dinâmica. Entretanto, a magnitude dos efeitos de deriva e seleção nos padrões de variação genética é dependente da habilidade reprodutiva dos indivíduos da população e de seu impacto no fluxo gênico. Estudos de sistemas de cruzamento e de dispersão de pólen são maneiras de investigar o fluxo de alelos e os níveis de diversidade genética dentro de populações. Desta maneira, o conhecimento da gênese da floresta tropical e, em particular, da sua biologia reprodutiva pode auxiliar na obtenção de estratégias de conservação desse ecossistema. Assim, é necessário o conhecimento detalhado de todos os aspectos reprodutivos para um bom entendimento da distribuição da diversidade alélica intra e interpopulacional, do fluxo gênico e da resultante estruturação das populações em espécies arbóreas tropicais.

Uma maneira de relacionar os estudos genéticos aos demográficos e de conservação é através do número efetivo populacional (N_e), que por ser quantificado a partir da variância alélica devida à amostragem, é uma medida de representatividade genética de indivíduos avaliados em determinada área.

As teorias de genética populacional mostram que mudanças nos índices de diversidade genética ocorrem

em função do tamanho efetivo populacional que, por sua vez, é determinado pela taxa de migração entre populações e pela variação no sucesso reprodutivo entre indivíduos distintos da mesma população. A variabilidade genética possui, portanto, um papel fundamental para a evolução da espécie, uma vez que a seleção natural é realizada com base nas diferenças existentes entre indivíduos de uma população, de maneira a permitir, principalmente, o sucesso reprodutivo daqueles mais adaptados ao meio ambiente em que se encontram. Portanto, quanto maior a variabilidade existente na população, maiores são suas chances de perpetuação. Desta forma, as estratégias de manejo ou conservação de populações naturais que não considerem as informações genéticas a respeito da variabilidade alélica intra e inter populacional poderão ser ineficientes.

As técnicas de obtenção das informações sobre os polimorfismos genéticos diretamente em nível do DNA passaram a ser bastante utilizadas durante a década de 90, não apenas na área de melhoramento vegetal, como também em estudos de conservação e biologia reprodutiva de populações naturais. Essas técnicas, conhecidas como ferramentas moleculares, recebem diferentes nomes a depender de sua base genética [por exemplo: sequenciamento de DNA, microssatélites, AFLP (*amplified fragment length polymorphism*) e RAPD (*random amplified polymorphic DNA*)]. Os dados gerados com essas técnicas são ideais para estudos de parentesco, identificação individual, fluxo gênico, sistema reprodutivo, estudos de genes fundadores, número efetivo populacional e estrutura genética em populações naturais. Além disso, os dados moleculares têm facilitado análises mais sofisticadas no campo da genética evolutiva, de eventos de

hibridização e da estrutura de metapopulações. Enfim, o grande avanço existente atualmente no “conhecimento biológico”, que pode ser utilizado nas estratégias de conservação, é devido, em parte, à ampla utilização de tecnologias genômicas baseadas em DNA.

As tecnologias de análise do DNA visam amostrar todo o genoma (todas as moléculas de DNA encontradas nas células que formam a árvore). Dessa forma, acredita-se que os polimorfismos genéticos detectados com as técnicas de biologia molecular representam os polimorfismos do genoma. Esses polimorfismos estão localizados tanto nas regiões não codificadoras do genoma (mais de 90% do genoma das plantas) como nas regiões correspondentes a genes. As regiões não codificadoras incluem diferentes tipos de DNA, tais como sequências repetitivas (microssatélites e minissatélites), centrômeros dos cromossomos e sequências não repetitivas. Os genes incluem no mínimo dois tipos de sequências de DNA: as sequências reguladoras e as sequências codificadoras das proteínas. Para um mesmo gene, podem ser encontradas diferenças nessas duas sequências nos cromossomos herdados do pai e da mãe do indivíduo, as quais correspondem ao que denominamos de alelos gênicos.

Estudos de casos sobre conservação da diversidade genética

O manejo, a conservação e a utilização dos recursos vegetais requerem o conhecimento sobre a diversidade genética dos genótipos (aqui entendidos como os diferentes indivíduos de uma população) a serem utilizados

para produção de sementes. Desta forma, vamos ilustrar a importância de alguns princípios de coleta de material com qualidade genética, explicitando alguns casos em que marcadores moleculares possibilitaram estudar materiais conservados *ex situ* (Figura 3 A e B) e *in situ* (Figura 3 C).

Figura 3 - Fotos de árvores utilizadas nos exemplos discutidos no texto, crescendo em diferentes ambientes. A – um agrupamento de jacarandá-da-bahia (*Dalbergia nigra*), em cabruca; B – pau-brasil (*Caesalpinia echinata*), em arborização urbana; C – guapuruvu ou ficheira (*Schizolobium parahyba*), em área de regeneração. Fotos: Ronan X. Corrêa.

A coleção de germoplasma de jacarandá-da-bahia (*Dalbergia nigra*) disponível na Estação Ecológica Pau-Brasil (ESPAB), Porto Seguro, BA, foi constituída há mais de 30 anos e possui cerca de 6.360 árvores dessa espécie. Naquela ocasião, as mudas foram obtidas a partir de diferentes localidades do sul da Bahia, em florestas que ainda representavam razoável diversidade dessa espécie. Ao comparar a diversidade genética de uma amostra de 163 plantas dessa coleção com aquela disponível em uma população isolada em um fragmento florestal, ficou evidente que ela possui uma diversidade genética maior do que a encontrada nas 87 plantas do fragmento natural. De fato, essa maior diversidade na coleção pode ser explicada pelo emprego de mudas provenientes de diversas populações naturais, as quais possuíam grande diversidade genética (intra e interpopulacional). Atualmente, a maioria das florestas de onde foram obtidas as mudas para constituir essa coleção não existe mais. Portanto, essa coleção ilustra um caso bem sucedido de conservação *ex situ* do jacarandá-da-bahia.

As plantas de pau-brasil (*Caesalpinia echinata*) plantadas no arboreto e na mata do *campus* da UESC (Universidade Estadual de Santa Cruz, em Ilhéus – BA) antes do ano 2000, quando analisadas quanto a sua diversidade genética com base em marcadores RAPD, revelaram-se pouco diversas. Em geral, apresentaram coeficientes de diversidade genética inferiores a 10%, ao passo que as plantas do grupo controle proveniente da ESPAB (Estação Ecológica Pau-Brasil, em Porto Seguro – BA) possuíam coeficientes de diversidade genética superiores a 40%. Essa baixa diversidade pode ser explicada pela origem não controlada das sementes utilizadas

para produzir as mudas, as quais foram provenientes de poucas matrizes produtoras de sementes.

Algumas populações naturais de guapuruvu (*Schizolobium parahyba*) amostradas nos municípios de Paraty, Ilha Grande, Itaguaí e Rio de Janeiro (na região litorânea) e Miguel Pereira (na região serrana), no estado do Rio de Janeiro, mostraram que a diversidade genética avaliada com base em marcadores RAPD foi nitidamente diferente entre as populações desses cinco municípios, sendo que as árvores de Miguel Pereira (provenientes de solos, clima e altitude diferentes das demais) foram as mais divergentes. Esses dados evidenciam que os locais em que as populações se encontram devem ser considerados no manejo da biodiversidade.

As populações arbóreas levam muito tempo para se recuperar de estrangulamentos no tamanho de suas populações. Em experimentos laboratoriais com base em organismos modelos de ciclo de vida mais rápidos, ao tomar aleatoriamente uma amostra de 10 a 20 indivíduos de uma população com tamanho efetivo de 200 indivíduos, geneticistas demonstraram que seriam necessárias mais de 12 gerações para que houvesse a recuperação de uma nova população com tamanho efetivo de 50. Além disso, os alelos mais raros seriam perdidos e a diversidade genética da nova população permaneceria menor por centenas de anos. Essa situação torna-se mais preocupante em árvores cujos ciclos de vida são mais demorados, de modo que são requeridas centenas de anos para perfazer 12 gerações.

As recomendações para conservação genética de longo prazo mostram que, para conservar cerca de 95% dos genes de uma população inicial por 50 gerações, é necessário que se conserve indivíduos que correspon-

dam a um tamanho efetivo populacional de 500, estimado por dados de simulação. Portanto, as evidências moleculares dentre os três exemplos que citamos anteriormente, combinados com os estudos de simulação, permitem inferir que a coleção de jacarandá representa um excelente exemplo de conservação *ex situ*. Por outro lado, o arboreto de pau-brasil da UESC não representa uma situação ideal de conservação por causa do reduzido tamanho associado ao uso de mudas não representativas da diversidade genética de uma população razoavelmente diversa. No caso do guapuruvu, constatou-se que cerca de 90% da diversidade é intrapopulacional e 10% interpopulacional, uma distribuição típica para espécies alógamas. Desta forma, concluiu-se que a conservação *ex situ* dessas cinco populações é adequada.

Vamos retornar aos nossos dois exemplos típicos: a coleção de germoplasma de jacarandá da ESPAB; e o arboreto de pau-brasil da UESC. Claramente, a coleção de germoplasma da ESPAB representa uma situação ideal de conservação genética e de produção de sementes com elevada diversidade genética. As mudas foram obtidas a partir de diversas populações, as quais ainda apresentavam grande número de plantas e considerável diversidade genética. Além disso, o número de indivíduos conservados é maior do que aquele considerado como mínimo em simulações para conservação em médio prazo (50 gerações).

O arboreto original da UESC não permitiria produzir essas sementes de alta qualidade. No entanto, nos últimos oito anos, o número de árvores de pau-brasil do *campus* da UESC foi ampliado, ultrapassando 50 plantas em idade reprodutiva. Além disso, as mudas são provenientes de localidades diferentes das que originaram as primeiras plantas cultivadas no *campus*. Desta forma, provavelmente

te esse conjunto de árvores tenha passado a representar uma boa quantidade de diversidade genética, após o ano 2000. Neste novo cenário (mais de 50 árvores em estado reprodutivo), provavelmente as árvores de pau-brasil da UESC passarão a representar uma razoável diversidade genética, bem como uma condição adequada para as recombinações genéticas. Por exemplo, em 2009, mais de 25 árvores floresceram e produziram sementes. Essas sementes representam um excelente lote (mais de 15 plantas em condições ideais para fecundação cruzada). O antigo arboreto que antes apresentava apenas utilidade educativa e de turismo (mostrar as características das plantas, criar diversidade de espécies no *campus*...) foi ampliado de forma a representar uma condição mais adequada à produção de sementes. Vejam, portanto, que as áreas reflorestadas sem levar em conta os critérios de diversidade genética podem ser restauradas de modo a passar a representar uma parcela significativa de diversidade. Se alcançarmos várias centenas de iniciativas como esta, no conjunto elas poderiam representar algum efeito de conservação genética.

Coleta de matrizes para fins de conservação genética

As iniciativas de recuperação de áreas degradadas nem sempre dispõem de mudas em quantidade suficiente, muito menos com qualidade adequada para conciliar cobertura vegetal e conservação eficiente da diversidade genética. Dentre essas iniciativas, apenas as de caráter acadêmico ou ações isoladas de organizações que buscam reconhecimento de mercado contemplam os critérios de qualidade física, fisiológica e genética das sementes e

mudas. Consequentemente, as áreas replantadas tendem a apresentar “populações” com baixa diversidade genética. Como discutido anteriormente, isso pode limitar a aptidão dos indivíduos aos locais reflorestados ou resultar em populações com baixa habilidade de responder às pressões que exercem seleção natural. Desta forma, justifica-se enriquecer a diversidade genética das áreas revegetadas ou iniciar programas de restauração florestal com sementes com grande diversidade genética.

Deve-se destacar que a maioria das arbóreas tropicais é alógama. Inclusive, algumas delas possuem mecanismos de autoincompatibilidade que previnem a autofertilização. Contudo, mesmo nas que não têm esses mecanismos, as autofertilizações podem levar à depressão endogâmica, ocasionando baixa capacidade adaptativa da progênie. Portanto, o manejo das coleções de plantas no campo ou das áreas de restauração florestal deve considerar medidas práticas que favoreçam o intercruzamento entre as plantas.

Nossos dois exemplos de conservação *ex situ* permitem também evidenciar algumas finalidades e justificativas para que sejam colhidas sementes segundo padrões de conservação da diversidade genética. A coleção de germoplasma representa um exemplo concreto de conservação da diversidade genética em jacarandá-da-bahia. Por outro lado, a baixa diversidade constatada no arboreto da UESC, seguida de seu enriquecimento recente com o plantio de maior número de árvores, ilustram que: (i) o diagnóstico molecular da diversidade serve para demonstrar numericamente a necessidade de enriquecer seletivamente as áreas de restauração florestal; (ii) o enriquecimento de áreas revegetadas permite habilitá-las como local de conservação da diversidade genética da espécie; (iii) o enriquecimento de áreas revegetadas que se baseia em lotes

de sementes com elevada diversidade genética é estratégia necessária e suficiente para habilitar essas áreas como produtoras de sementes de alta qualidade genética.

Para as espécies ameaçadas de extinção, não há grandes populações disponíveis para coletas. Além disso, a maioria das florestas sofreu grande devastação, restando apenas fragmentos descontínuos de florestas. Desta forma, vamos ilustrar com alguns critérios e procedimentos de coletas que resultam em coleções de grande diversidade genética e propor algumas generalizações para coletas de sementes de árvores.

Um dos primeiros critérios a considerar é a dimensão da floresta e o tamanho da população em que será feita a coleta das sementes. As florestas grandes, nas quais haja pelo menos uma centena de indivíduos de cada uma das espécies escolhidas para a produção de sementes, são ideais para marcar as matrizes produtoras de sementes (Figura 4 B). As principais razões para essa escolha decorrem dos seguintes aspectos: (i) nos fragmentos pequenos e isolados, as espécies perdem diversidade genética e sofrem com a endogamia (ou acasalamento entre aparentados); (ii) a cada redução em 10 vezes o tamanho do fragmento florestal, perde-se cerca de 30% das espécies; (iii) o efeito de borda nos fragmentos reduz a diversidade de espécies, o número de indivíduos por espécie e, conseqüentemente, a diversidade genética; (iv) cerca de 70% das espécies arbóreas têm menos de 50 indivíduos em fragmentos de 10 hectares. Nas populações naturais grandes e com populações acima de 100 árvores da espécie a ser coletada, as principais recomendações para coleta são:

- a) marcar no mínimo 12 árvores matrizes, distanciadas de pelo menos 50 m entre si, em cada po-

pulação, uma vez que árvores mais distantes tendem a ter menor grau de parentesco e representam melhor a diversidade da população local;

- b) considerar as árvores agrupadas como uma só matriz de coleta, visto que elas em geral consistem de indivíduos aparentados, podendo ser algumas vezes clones que surgem por estacas ou brotamento ou resultar da produção de sementes de uma única árvore.

Figura 4 - Exemplos de diferentes locais disponíveis para coletas de sementes. A – fragmentos de florestas próximas a centros urbanos, Itabuna, BA; B – florestas de grandes dimensões, Ilhéus, BA; C – fragmentos de floresta adjacentes a áreas de cultivo, Ilhéus, BA. Fotos: Ronan X. Corrêa.

A maioria das florestas remanescentes e disponíveis para estabelecer como áreas produtoras de sementes caracterizam-se como fragmentos de florestas próximas a centros urbanos (Figura 4 A) ou a fragmentos de floresta adjacentes às áreas de cultivo (Figura 4 C), os quais geralmente são fragmentos de florestas muito pequenos (menores que 10 hectares). Nesses tipos de floresta, nota-se forte influência antrópica, notadamente para caça, retirada de madeira e extração de plantas medicinais e ornamentais. Além disso, o número de árvores de cada espécie geralmente é inferior a 100 indivíduos por fragmento. Portanto, os processos ecológicos são fragilizados, especialmente aqueles relacionados com a movimentação de pólen entre as árvores e de sementes a média e longa distâncias. Por causa desses problemas, os seguintes cuidados devem ser observados na coleta de sementes:

- a) marcar no mínimo 12 árvores matrizes por conjunto de fragmentos florestais, distanciados a pelo menos 50 m entre si, de modo que o conjunto de fragmentos que constituirá o lote de sementes some pelo menos 50 árvores no total (observe que se cada fragmento tem apenas 5 árvores da espécie alvo, serão necessários 10 fragmentos em uma mesma região para constituir um lote de sementes com alta diversidade genética);
- b) considerar as árvores agrupadas como uma só matriz de coleta;
- c) a curto prazo, caso os fragmentos pertençam a diferentes proprietários, a associação entre eles

para constituir os lotes de sementes com grande diversidade é necessária;

- d) a longo prazo, cada proprietário poderá buscar sua autonomia como produtor de sementes de determinadas espécies, desde que ele enriqueça sua floresta com materiais que representem grande diversidade genética, isto é, que ele plante árvores produtoras de sementes, a partir de mudas produzidas segundo o padrão de qualidade em relação à diversidade genética;
- e) o enriquecimento de florestas naturais somente deve ser feito com materiais provenientes da mesma região, visto que a introdução de material de áreas muito diferentes quanto ao clima e solo pode estar relacionada com o risco de trazer variedades muito diferentes, porém pouco adaptadas à região.

Em situações extremas, pode-se recorrer a coletas fora de florestas. Contudo, mesmo assim, há que se considerar alguns critérios mitigadores de estrangulamentos genéticos:

- a) a regra é não coletar sementes em árvores isoladas (muito distantes de florestas ou em ruas e praças), uma vez que suas sementes provavelmente resultaram de autopolinização (problemas de endogamia) e suas sementes terão baixa diversidade genética (geralmente as mudas produzidas para arborização urbana não representam qualidade genética ideal para uma matriz produtora de sementes);

- b) para coletar em árvores fora de florestas, oriente-se pela eficiência do polinizador para inferir se a árvore encontra-se isolada: (i) árvores polinizadas por insetos de pequenos voos devem estar, no máximo, a 50 m de fragmentos florestais contendo outras árvores da mesma espécie; (ii) se polinizadas por insetos médios e grandes, devem estar, no máximo, até 100 m; (iii) se polinizadas por aves, considerar como não isoladas se estão, no máximo, até 500 m de distância; (iv) se polinizadas por mamíferos, até 1000 m.

Os lotes de sementes representativos da diversidade da espécie devem ser também considerados quanto à origem geográfica. Nesse sentido, recomendam-se os seguintes procedimentos:

- a) regionalizar a coleta para aproveitar as potencialidades de produção de sementes nas regiões próximas às áreas de plantio (programas de restauração florestal, pontos adequados para enriquecimento de florestas etc.);
- b) regionalizar o plantio para aproveitar melhor o potencial de adaptação das espécies, mesmo as de ocorrência ampla;
- c) classificar os lotes de sementes quanto aos critérios genéticos e ecológicos (que ao menos considere o número mínimo recomendado de matrizes caracterizadas como representativas de diversidade e que as sementes sejam provenientes de florestas em que ocorrem os polinizadores).

Para todos os tipos de população ou esquemas de formação de lotes de sementes, deve-se considerar que a produção de sementes em locais com clima e solo com as mesmas características dos locais em que as mudas serão plantadas aumentam as chances de adaptação ao local. Isto ocorre porque os processos evolutivos atuaram nas florestas naturais por longo tempo, de modo que a seleção natural operou no sentido de favorecer genótipos mais adaptados.

A busca da conservação da diversidade genética deve ser feita por todos os envolvidos com as atividades agrícolas e florestais. Desta forma, o agricultor deve considerar os critérios genéticos e ecológicos com medidas práticas de coleta de sementes para produção de mudas para seu uso ou comercialização. As organizações mantenedoras de áreas destinadas à preservação da biodiversidade, bem como de bancos ativos de germoplasmas, devem considerar os critérios genéticos e o uso de marcadores moleculares para caracterizar e monitorar a diversidade genética dos acessos. Ações extensionistas dessas organizações, especialmente as universidades e instituições públicas de pesquisa, devem expandir a aplicação de estratégias mais precisas junto aos demais setores da sociedade, especialmente aos agricultores. As organizações privadas também devem ser orientadas a considerar os critérios de conservação da diversidade genética.

Bibliografia

ALLENDORF, F. W.; LUIKART, G. **Conservation and the genetics of populations**. Victoria: Blackwell Publishing, 2007. 642 p.

ALMEIDA, M.O. **Avaliação da diversidade genética de acessos ex situ de jacarandá-da-bahia (*Dalbergia nigra* Vell. Allemão ex Benth.) por meio de marcadores RAPD, como subsídio para sua conservação**. Dissertação (Mestrado), Universidade Estadual de Santa Cruz, 2001. 90p.

BROWN, A. H. D. Isozymes, plant population genetic structure and genetic conservation. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 52, p. 145-157, 1978.

CUPERTINO, F. B.; MELO, S. C. O.; CORRÊA, R. X. Diversidade genética de acessos de pau-brasil (*Caesalpinia echinata* Lam.) do arboreto da UESC por meio da técnica de RAPD. In: Simpósio de Iniciação Científica da UESC, 8, 2002, Ilhéus. **Resumos...** Ilhéus: Editus, UESC, 2002. p. 122-125.

FREIRE, J. M.; PIÑA-RODRIGUES, F. C. M.; LIMA, E. R.; SODRÉ, S. R. C.; CORRÊA, R. X. Estrutura genética de populações de *Schizolobium parahyba* (Vell.) Blake (guapuruvu) por meio de marcadores RAPD. **Scientia Forestalis**, v. 74, p. 27-35, 2007.

JUCHUM, F. S.; LEAL, J. B.; SANTOS, L. M.; ALMEIDA, M. P.; AHNERT, D.; CORRÊA, R. X. Evaluation of genetic diversity in a natural rosewood population (*Dalbergia nigra* vell. Allemão ex benth.) using RAPD markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 3, p. 543-553, 2007.

GRATTAPAGLIA, D.; CIAMPI, A. Y.; GAIOTTO, F. A.; SQUILASSI, M. G.; COLLEVATTI, R. G.; RIBEIRO, V. J.; REIS, A. M.; GANDARA, F. B.; WALTER, B. M. T.; BRONDANI, R. P. V. DNA technologies for forest tree breeding and conservation. In: BRUNS, S.; MANTELL, S.; TRAGARDH, C.; VIANA, A. M. (Orgs.). **Recent advances in biotechnology for tree conservation and management**. Florianópolis: International Foundation for Science Publishing, 1998. p. 50-61.

HAMRICK, J. L.; NASON, J. D. Consequences of dispersal in plants. In: RODHES, O. E. J.; CHESSER, R. K.; SMITH, M. H. (Ed.) **Population dynamics in ecological space and time**. Chicago: The University of Chicago Press, 1996. p. 203-236.

KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B. **Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas**. Serie Técnica do IPEF, v. 12, n. 32, p. 65-70, 1998.

PETIT, R. J.; HAMPE, A. Some evolutionary consequences of being a tree. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 37, p. 187-214, 2006.

PIÑA-RODRIGUES, F.C.M. **Guia prático para a colheita e manejo de sementes florestais tropicais**. Rio de Janeiro: Idaco, 2002. 40 p.

SCARIOT, A. Forest fragmentation effects on palm diversity in central Amazonia. **Journal of Ecology**, v. 87, p. 66-76, 1999.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of Representativeness Used in Genetic Resources Conservation and Plant Breeding. **Crop Science**, v. 43, p. 1912-1921, 2003.