



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

***Erythrina velutina* WILLD. E *Schinus terebinthifolia* RADDI
EM ÁREAS DE REFLORESTAMENTO E REMANESCENTES
DE MATA ATLÂNTICA E CAATINGA**

ERICA MORAES SANTOS DE SOUZA

2018



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

ERICA MORAES SANTOS DE SOUZA

***Erythrina velutina* WILLD. E *Schinus terebinthifolia* RADDI
EM ÁREAS DE REFLORESTAMENTO E REMANESCENTES DE MATA
ATLÂNTICA E CAATINGA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Doutorado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Doutora em Ciências”.

Orientador
Prof. Dr. Robério Anastácio Ferreira

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL
2018

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE

S729e Souza, Erica Moraes Santos de.
Erythrina velutina WILLD. E *Schinus terebinthifolia*
RADDI em áreas de reflorestamento e remanescentes de Mata
Atlântica e Caatinga / Erica Moraes Santos de Souza;
orientador Robério Anastácio Ferreira. – São Cristóvão, 2018.
96 f.: il.

Tese (doutorado em Agricultura e Biodiversidade) –
Universidade Federal de Sergipe, 2018.

1. Sementes. 2. Reflorestamento. 3. Diversidade biológica.
I. Ferreira, Robério Anastácio, orient. II. Título.

CDU 631.531

ERICA MORAES SANTOS DE SOUZA

***Erythrina velutina* WILLD. E *Schinus terebinthifolia* RADDI
EM ÁREAS DE REFLORESTAMENTO E REMANESCENTES DE MATA
ATLÂNTICA E CAATINGA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Doutorado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Doutora em Ciências”.

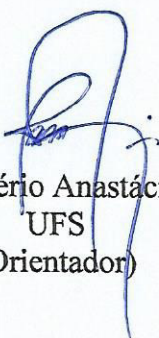
APROVADA em 01 de fevereiro de 2018.

Profa. Dra. Marília Freitas Vasconcelos Melo
UFAL

Prof. Dr. Renato Delmondez de Castro
UFBA

Profa. Dra. Renata Silva-Mann
UFS

Prof. Dra. Sheila Álvares Carvalho
UFS


Prof. Dr. Robério Anastácio Ferreira
UFS
(Orientador)

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL

*Aos meus pais, Carlos e Edna, e ao meu
esposo David, com a minha mais profunda
gratidão.
Dedico*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, toda honra, toda glória e todo louvor Àquele que é o autor e consumidor da minha fé: JESUS CRISTO, sem Ele eu não teria alcançado vitórias!

Aos meus pais, Carlos Augusto de Souza (*in memoriam*) e Edna Moraes de Souza, pelos ensinamentos e por proporcionarem a educação que tenho hoje.

À minha avó materna, Edith Moraes dos Santos, pelo exemplo de fé e oração!

Ao meu esposo, David Santos de Sousa, que respeitou os inúmeros momentos em que estive ausente, mesmo estando presente fisicamente. Sem você, tenho certeza que a jornada seria muito mais difícil. TE AMO!

Ao meu irmão Edicarlos Moraes de Souza e demais familiares, pela motivação e torcida.

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe – IFS, ao qual faço parte como docente, pelos quatro anos concedidos para minha capacitação profissional. Tenha certeza que irei somar para a melhoria do ensino em nossa Instituição.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade e todo o seu corpo docente, que não poupam esforços para manterem qualidade na educação e na pesquisa.

Aos meus eternos mestres, Dr. Robério Anastácio Ferreira e Dra. Renata Silva-Mann, pelo exemplo de compromisso e ética profissional.

À professora Dra. Sheila Valéria Álvares Carvalho, pelas orientações, por disponibilizar seu tempo ouvindo meus desabafos e por mostrar que sempre há uma saída e que podemos sempre melhorar o que nos propomos a fazer. Sei que encontrei uma amiga!

À Empresa Votorantim Cimentos S.A. (CIMESA), por permitir o desenvolvimento desse trabalho na área de sua propriedade.

Aos colegas do GENAPLANT, em especial Daniel Ornelas e Olavo José, por estarem sempre dispostos a irem ao campo realizar coletas. À Laura e Lenise nas atividades laboratoriais.

À minha amiga Adrielle Naiana, por sempre ter uma palavra de força e determinação.

E a todos que torceram para que eu chegasse até aqui, Deus vos abençoe!

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	i
LISTA DE TABELAS	ii
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Fragmentação florestal e implicações genéticas	3
2.2 Restauração florestal e restauração genética	4
2.3 Seleção de matrizes e coleta de sementes para fins de restauração	6
2.4 Ferramentas para caracterização e conservação <i>in situ</i> de espécies florestais.....	8
2.4.1 Marcadores moleculares para estudo de genética de populações.....	8
2.4.2 Modelagem de distribuição em espécies nativas	10
2.5 Espécies alvo	12
2.5.1 <i>Erythrina velutina</i> Willd.	12
2.5.2 <i>Schinus terebinthifolia</i> Raddi	14
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	17
4. ARTIGO 1: UM QUADRO COMPARATIVO DAS ÁRVORES DA ESPÉCIE <i>Erythrina velutina</i> EM ÁREA REFLORESTADA E EM POPULAÇÕES NATIVAS ..	30
Resumo.....	30
Abstract	31
4.1. Introdução	31
4.2. Material e Métodos	32
4.2.1. Áreas do estudo e material vegetal	32
4.2.2. Amplificação via PCR	32
4.2.3. Análise dos dados	33
4.3. Resultados	33
4.3.1. Polimorfismo detectado por análise ISSR	33
4.3.2. Diversidade e estrutura genética	33
4.3.3. Similaridade genética	34
4.4. Discussão	34
4.5. Referências Bibliográficas	36
Figuras e Tabelas	38
5. ARTIGO 2: <i>Erythrina velutina</i> Willd.: ESTRATÉGIAS DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA SOB CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS E DA PAISAGEM .	42
Resumo.....	42
Abstract	43
5.1. Introdução	43
5.2. Material e Métodos	44
5.2.1. Região de estudo, amostragem e parâmetros genéticos	44
5.2.2. Modelagem de distribuição de <i>E. velutina</i>	45
5.3. Resultados	46
5.3.1. Genética de populações	46
5.3.2. Modelagem de distribuição de <i>E. velutina</i>	46
5.4. Discussão.....	47
5.5. Referências Bibliográficas	49
Figuras e Tabelas	54

6. ARTIGO 3: <i>Schinus terebinthifolia</i> Raddi: FLUXO GÊNICO EM ÁREA EM PROCESSO DE RESTAURAÇÃO	58
Resumo.....	58
Abstract	59
6.1. Introdução	59
6.2. Material e Métodos	60
6.2.1. Coleta de material vegetal de <i>Schinus terebinthifolia</i>	60
6.2.2. Genotipagem	61
6.2.3. Análise genética	61
6.3. Resultados	62
6.4. Discussão	62
6.5. Referências Bibliográficas	64
Figuras e Tabelas	67
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS	70
ANEXOS	71

LISTA DE FIGURAS

ARTIGO 1

Figura		Página
1	Mapa de localização das populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. (Natural: 1. Carmópolis; 2. Lagarto; 3. Laranjeiras; 4. Pinhão; 5. Santana do São Francisco e 6. Restaurada). Sergipe, Brasil.....	40
2	Coordenadas principais de 108 indivíduos de seis populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. (LA: Laranjeiras, CA: Carmópolis, PI: Pinhão, SF: Santana do São Francisco, LR: Lagarto e RP: Restaurada), Sergipe, Brasil.....	40
3	Dendrograma gerado usando o método de ligação média não ponderada (UPGMA) para diferentes populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. baseado na F_{ST}	41

ARTIGO 2

Figura		Página
1	Correlogramas do coeficiente de parentesco (F_{ij}) por classes de distância nas cinco populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd., no estado de Sergipe. As linhas tracejadas representam os intervalos de confiança (95%) para cada valor de F_{ij} que foi obtido por reamostragem Jackknife	56
2	Mapas das distribuições potenciais atuais (A e B) e futuras (C e D) de <i>Erythrina velutina</i> Willd. no estado de Sergipe, com o registro de 85 indivíduos do estudo genético. Nas áreas (B) e (D), eles eram aptos para a ocorrência da espécie quando em relação ao uso e ocupação do solo. A escala de cinza indica a adequação ambiental das áreas para a presença da espécie. Em (A), $\Delta k = 5$ é representado pelas diferentes cores (azul, amarelo, verde, rosa e vermelho)	57

ARTIGO 3

Figura		Página
1	Correlogramas do coeficiente de coancestria (F_{ij}) de <i>Schinus terebinthifolia</i> Raddi, por classes de distância, nas populações Nat (natural) e Reflo (Reflorestada) nos diferentes estádios de vida. As linhas tracejadas representam o intervalo de confiança, a 95% de probabilidade	69

LISTA DE TABELAS

ARTIGO 1

Tabela		Página
1	Número de indivíduos (n), localização geográfica e altitude de populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. Sergipe, Brasil	38
2	Temperatura de anelamento do <i>primer</i> (T_m), número de fragmentos (NF), número de fragmentos polimórficos (NFP) e porcentagem de polimorfismo gerada por cada <i>primer</i> para <i>Erythrina velutina</i> Willd.....	38
3	Número de amostras (n), locos polimórficos (K), número de alelos (N_A), número de alelos efetivos (N_e), diversidade genética de Nei (H), Índice de Shannon (I) e porcentagem de locos polimórficos ($P\%$) em populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd.	39
4	Análise da variância molecular (AMOVA) de 108 indivíduos de <i>Erythrina velutina</i> Willd.	39
5	Valores de distância genética (F_{ST}) (abaixo da diagonal) e distância geográfica (km) (acima da diagonal) entre pares de populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd.	39

ARTIGO 2

Tabela		Página
1	Número de indivíduos (N), localização geográfica e altitude das populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. Sergipe, Brasil. PMA: Precipitação média anual..	54
2	Número de alelos (N_A), número de alelos efetivos (N_e), diversidade genética de Nei (H_e), Índice de Shannon (I), porcentagem de loci polimórficos ($P\%$) e locos com excesso de heterozigosidade em populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. no estado de Sergipe. Laranjeiras (LA), Carmópolis/Rosário do Catete (CA), Pinhão (PI), Santana do São Francisco (SF) e Lagarto (LR)	54
3	Valores de F_{ST} (acima da diagonal) e N_m (abaixo da diagonal) entre pares de populações de <i>Erythrina velutina</i> Willd. Laranjeiras (LA), Carmópolis/Rosário do Catete (CA), Pinhão (PI), Santana do São Francisco (SF) e Lagarto (LR), Sergipe, Brasil.....	54
4	Percentual de contribuição (%) das variáveis para a geração dos modelos de distribuição potencial (atual e futuro) de <i>Erythrina velutina</i> Willd. para o estado de Sergipe, Brasil	55

ARTIGO 3

Tabela		Página
1	Frequências dos alelos em cinco locos microssatélites de <i>Schinus terebinthifolia</i> Raddi localizados em diferentes populações e em diferentes estádios de desenvolvimento. Natural (Nat), Reflorestada (Reflo), número total de indivíduos amostrados (N) e número de indivíduos heterozigotos (n).	67
2	Índices médios de diversidade genética para cinco locos microssatélites de <i>Schinus terebinthifolia</i> Raddi localizados em diferentes populações e em diferentes estádios de desenvolvimento.....	68
3	Tamanho amostral (n), tamanho efetivo populacional (N_e), relação entre o tamanho efetivo populacional e o tamanho amostral (N_e/n), população mínima viável com tamanho efetivo de referência PMV ($N_{e_{ref}} = 150$) e PMV ($N_{e_{ref}} = 1000$) e coeficiente de coancestria (F_{ij}) das populações natural (Nat) e reflorestada (Reflo) de <i>Schinus terebinthifolia</i> Raddi em população	68

RESUMO

SOUZA, Erica Moraes Santos de. *Erythrina velutina* Willd. e *Schinus terebinthifolia* Raddi em área de reflorestamento e remanescentes de Mata Atlântica e Caatinga. São Cristóvão: UFS, 2018. 84p. (Tese - Doutorado em Agricultura e Biodiversidade).*

Aspectos relacionados à diversidade genética de espécies florestais são recentes nos projetos de restauração florestal e devem ser considerados tanto para formar novas florestas como para melhorar áreas de restauração mais antigas. O uso de ferramentas como os marcadores moleculares (ISSR e SSR) e a modelagem de distribuição de espécies (MDE) fornecem informações importantes para coleta de material vegetal. Essas ferramentas indicam áreas para plantio e conservação da biodiversidade, além de orientar na elaboração de planos de manejo florestal. *Erythrina velutina* Willd. (Fabaceae-Papilionoideae) e *Schinus terebinthifolia* Raddi (Anacardiaceae) são duas espécies que se destacam em projetos de restauração florestal no estado de Sergipe, devido ao seu rápido crescimento, rusticidade e plasticidade, mas pouco se sabe sobre sua diversidade genética em áreas de reflorestamento. Portanto, os objetivos deste estudo foram: i) estimar e comparar a diversidade genética de *E. velutina* e *S. terebinthifolia* em uma área de reflorestamento misto após 12 anos de plantio e em remanescentes florestais naturais em Sergipe; ii) avaliar a capacidade de autossustentabilidade genética das populações na área reflorestada e; iii) subsidiar estratégias de conservação e coleta de sementes para futuros projetos de restauração. Os indivíduos amostrados de *E. velutina* e *S. terebinthifolia* da área reflorestada apresentaram maiores índices de diversidade genética em relação aos remanescentes naturais, indicando que a área foi estabelecida com mudas de alta diversidade genética. As populações de *E. velutina* localizadas na área de reflorestamento e em populações naturais (Laranjeiras e Carmópolis/Rosário do Catete) exibiram um número significativo de locos com excesso de heterozigosidade, inferindo na existência de gargalo genético recente. Análises de MDE indicam que haverá até o ano de 2050 uma expansão das áreas com alta adequação ambiental para o desenvolvimento de *E. velutina*, o que contribui para planos de conservação da espécie. Porém, o fator humano é a variável de maior impacto para sua ocorrência. Para *S. terebinthifolia* foram encontrados maiores coeficientes de endogamia e coancestria na população reflorestada. Também foi observada a redução da diversidade genética em juvenis. O tamanho efetivo populacional em ambas as populações (reflorestada e natural) foi menor do que o recomendado para a conservação de populações em curto e longo prazo. A coleta de sementes de *E. velutina* e *S. terebinthifolia* pode ser realizada nos remanescentes naturais estudados, desde que respeitem os critérios estabelecidos, como a distância mínima entre indivíduos, evitar árvores isoladas e indivíduos aparentados. Os resultados evidenciam que é necessário a aplicação de técnicas que promovam a conectividade entre fragmentos, permitindo redução dos efeitos da deriva genética e, consequentemente, a persistência da população reflorestada.

Palavras-chave: Coleta de sementes, diversidade genética, distribuição potencial, mulungu, pimenta-rosa.

* Comitê Orientador: Prof. Dr. Robério Anastácio Ferreira - UFS (Orientador), Profa. Dra. Renata Silva Mann - UFS.

ABSTRACT

SOUZA, Erica Moraes Santos de. *Erythrina velutina* Willd. and *Schinus terebinthifolia* Raddi in areas of reforestation and of remnants of Atlantic Forest and Caatinga. São Cristóvão: UFS, 2018. 84p. (Thesis - Doctor of Science in Agriculture and Biodiversity).*

The aspects related to the genetic diversity of forest species have been discussed in recent forest restoration projects. These aspects have needed to be seriously considered for the formation of new forests and in order to improve the older restoration areas. The use of tools, such as molecular markers (ISSR and SSR) and species distribution modeling (MDE), provide important information for collecting plant materials. Both of these are useful tools for indicating areas for planting and for biodiversity conservation, as well as being a guide in the elaboration of forest management plans. *Erythrina velutina* Willd. (Fabaceae-Papilionoideae) and *Schinus terebinthifolia* Raddi (Anacardiaceae) are two species that stand out the most in present forest restoration projects in the State of Sergipe, Brazil, due to their fast growth, their rusticity and their plasticity. However, little is known about their genetic diversity in reforestation areas. Therefore, the objectives of this study were: i) to estimate and to compare the genetic diversity of *E. velutina* and *S. terebinthifolia* in an area of mixed reforestation, after 12 years of planting and in the native forest remnants in the State of Sergipe; ii) to evaluate the genetic self-sustainability capacities for those populations in the reforested area; and iii) to subsidize strategies for their conservation and their seed collection in future restoration projects. The individuals of *E. velutina* and *S. terebinthifolia* that were sampled from the reforested area presented high rates of genetic diversity, when in relation to the natural remnants. This indicated that the area was established with a high genetic diversity of the seedlings. The *E. velutina* population that was located in the reforestation area, together with the Carmópolis/Rosário do Catete and the Laranjeiras natural populations, showed a significant number of loci with an excess of heterozygosity, inferring the existence of a recent genetic bottleneck. The MDE analyzes indicated that until the year 2050, there would be an expansion of areas with a high environmental suitability for the development of *E. velutina*, which would contribute to the species conservation plans. However, the human factor is always the variable with the greatest of impacts for this occurrence. For the *S. terebinthifolia*, there were found higher coefficients of endogamy and coancestry within the reforested population. A reduction of genetic diversity in the juveniles was also observed. The effective population size in both of the populations (reforested and natural) was lower than that recommended for the conservation of populations in the short and long terms. The future seed collections of *E. velutina* and *S. terebinthifolia* can be carried out in the natural remnants being studied, provided that they respect the established criteria, such as a minimum distance between the individuals, whilst avoiding isolated trees and their related individuals. The studied results have supported the fact that it is necessary for the application of techniques that promote a connectivity among the fragments, allowing for a reduction of the effects of genetic drift and the persistence of the reforested population.

Key-words: Seed collection, genetic diversity, potential distribution, mulungu, pink pepper.

* Supervising Committee: Prof. Dr. Robério Anastácio Ferreira - UFS (Advisor), Profa. Dra. Renata Silva Mann - UFS.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O último relatório da FAO (2016a) colocou o Brasil em primeiro lugar entre os dez países que mais perdem florestas em todo o mundo. Por outro lado, nosso país apresenta a maior porcentagem de suas florestas dentro de áreas protegidas (42% do total de florestas), o que pode contribuir para conservação da sua biodiversidade.

Além da criação de áreas protegidas, que no Brasil conhecemos como Unidades de Conservação (SNUC - Lei 9.985/2000), o interesse de evitar a perda da biodiversidade, a desertificação e, conseqüentemente, o agravamento das alterações climáticas, demanda que outras ações mitigatórias em todo o mundo sejam realizadas. No Brasil, a criação da Política Nacional sobre Mudança do Clima - PNMC, instituída pela Lei nº 12.187/2009 e regulamentada pelos Decretos nº 7.390/2010 e nº 7.643/2011, visa à preservação, conservação e recuperação dos recursos ambientais, com particular atenção aos grandes biomas naturais tidos como Patrimônio Nacional (Amazônia brasileira, Mata Atlântica, Pantanal, Caatinga e Cerrado). Também incentiva os reflorestamentos e a recomposição da cobertura vegetal em áreas degradadas.

Em Sergipe, as formações florestais encontradas em maior parte pertencem aos biomas Mata Atlântica e Caatinga, sendo estes ricos em biodiversidade e em espécies endêmicas, muitas delas com potencial econômico nas indústrias farmacêutica e alimentícia, a exemplo de *Erythrina velutina* Willd. e *Schinus terebinthifolia* Raddi. Porém, hoje a maior parte das áreas destes domínios e associações está fragmentada e ocupada por empreendimentos urbanos, pastagens e agricultura, o que compromete seriamente a conservação destas espécies.

Em paisagens cujos fragmentos estão isolados e/ou degradados a regeneração natural pode demandar por muito tempo e pode não ser suficiente para a devida conservação da biodiversidade em médio e longo prazos (BECKER et al., 2007; CHAZDON et al., 2009). Em menor prazo, uma alternativa para minimizar os efeitos negativos do isolamento das populações e da degradação de áreas é a regeneração artificial por meio de plantio de mudas, e o conhecimento dos padrões de diversidade genética das espécies implantadas pode contribuir para o aperfeiçoamento dos protocolos de restauração (HUFFORD et al., 2013).

Diante do exposto, projetos de restauração florestal ocupam posição importante como estratégia para a conservação da biodiversidade, e estes devem ter como objetivo não apenas o resgate da representatividade das espécies, antes existentes naquele ecossistema, mas também a autossustentabilidade das novas populações, que é dada pela diversidade genética introduzida (KAGEYAMA et al., 1998). Porém, se as sementes que darão origem às mudas do plantio são coletadas de populações pequenas e isoladas, mesmo um número relativamente elevado de árvores amostradas pode não ser suficiente para evitar os efeitos fundadores (baixa variabilidade genética, pequeno tamanho efetivo, alto coeficiente de endogamia e reduzido número de alelos) (MIJNSBRUGGE et al., 2010).

Ferramentas tais como marcadores moleculares, que auxiliam na escolha de matrizes de sementes por meio do estudo genético destes indivíduos, e a modelagem de distribuição de espécies (MDE), que informa as possíveis áreas de sua ocorrência, podem guiar na escolha das fontes potenciais de sementes, permitindo melhores esforços durante a elaboração do projeto de restauração (THOMAS et al., 2014). A MDE também pode inferir nos possíveis impactos das mudanças climáticas sobre a persistência e distribuição das espécies nos remanescentes florestais.

Logo, devido à importância da variabilidade genética na sobrevivência das espécies, mesmo quando há alteração repentina do ambiente pelas mudanças climáticas decorrentes das ações antrópicas, faz-se necessário o conhecimento da variabilidade genética contida nas populações em áreas restauradas.

As espécies escolhidas para este estudo foram *E. velutina* e *S. terebinthifolia*, ambas frequentemente utilizadas nos projetos de restauração no estado de Sergipe. *E. velutina* (mulungu) possui potencial fitoterápico, entretanto, devido à supressão pela agricultura,

pecuária e urbanização nas áreas de sua ocorrência natural, encontra-se em caráter de raridade em algumas regiões do estado, como no Baixo São Francisco (GONÇALVES et al., 2014; MELO et al., 2015). *S. terebinthifolia* (pimenta-rosa) produz frutos que hoje são apreciados como condimento no mercado local e internacional. Porém, a coleta não sustentável destes frutos pode comprometer a regeneração natural da espécie e, consequentemente, reduzir a variabilidade genética das populações naturais existentes (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2015).

Assim, considerando-se o relatado, este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar a variabilidade genética de *E. velutina* e *S. terebinthifolia*, em uma área de reflorestamento misto com 12 anos de implantação e em áreas nativas de Mata Atlântica e Caatinga do estado de Sergipe, visando avaliar a capacidade de autossustentabilidade genética das populações no plantio de reflorestamento, bem como subsidiar estratégias de conservação e coleta sustentável de sementes para futuros projetos de restauração, que também possam futuramente viabilizar a exploração sustentável do potencial econômico de ambas as espécies.

Para uma melhor compreensão do trabalho realizado, a tese foi dividida em três capítulos: o primeiro caracteriza e compara a diversidade genética de *E. velutina* em um povoamento misto após 12 anos de sua implantação com outras cinco populações naturais do estado de Sergipe (Laranjeiras, Carmópolis/Rosário do Catete, Santana do São Francisco, Pinhão e Lagarto). No segundo capítulo, combinamos informações sobre diversidade genética e previsão de distribuição de espécies para prever os impactos prováveis das mudanças climáticas na distribuição das populações de *E. velutina* em Sergipe e auxiliar com estratégias para a gestão e conservação da espécie, bem como identificar potenciais novas áreas para a futura coleta de sementes e materiais genéticos.

O terceiro capítulo foi elaborado para a apresentação da comparação da diversidade genética de indivíduos adultos e juvenis de *S. terebinthifolia* da população reflorestada com uma população natural localizada no Povoado Pindoba município de Neópolis (SE), avaliando-se a necessidade de ações que permitam a autossustentabilidade do povoamento implantado e a possibilidade de coleta de sementes nestas áreas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Fragmentação florestal e implicações genéticas

Segundo o último relatório da Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO (2016a), o Brasil perdeu 984 mil ha de florestas entre os anos de 2010 e 2015, ficando na primeira colocação entre os dez países do mundo que mais perderam florestas durante no mesmo período (Figura 1). A redução das áreas de florestas implica no aumento da fragmentação, que é o processo de formação de ilhas de vegetação de diferentes tamanhos, decorrente principalmente de ações antrópicas, que por sua vez tem contribuído significativamente para as mudanças climáticas e seus comprovados efeitos deletérios em nosso planeta (INTERGOVERNAMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE - IPCC, 2014). E como consequência, ocorrem alterações impactantes nos ecossistemas, tanto em sua estrutura (tamanho, densidade e conectividade dos fragmentos) quanto no seu funcionamento (polinização e dispersão de sementes), podendo levar à perda de algumas espécies (JACKSON e SAX, 2010; ALOFS et al., 2014).

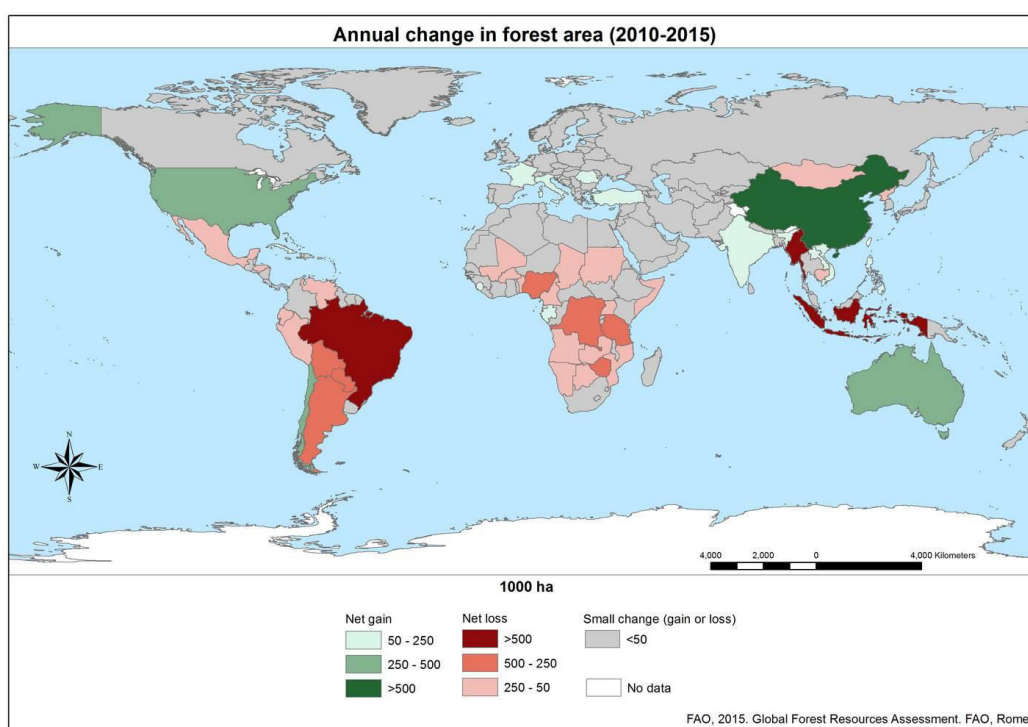


Figura 1. Mudança anual na área de floresta entre os anos de 2010 e 2015. Fonte: Food and Agriculture Organization of the United Nations - FAO (2016b).

O aumento na proporção de bordas dos fragmentos resulta em mudanças nas condições de luminosidade e temperatura, alterando o padrão fenológico das plantas (CAMARGO et al., 2011). Também altera a composição florística dentro do fragmento, em que as árvores de sucessão tardia são substituídas por espécies de sucessão inicial (SANTOS et al., 2008; TABARELLI et al., 2008). A reprodução das espécies florestais também é afetada pela fragmentação, pois a interação específica entre planta-polinizador e planta-dispersor é alterada, o que contribui para a redução do fluxo gênico entre populações (LOPES et al., 2009; LLORENS et al., 2012). O aumento da endogamia e do número de acasalamentos entre indivíduos geneticamente próximos, resultante da alta frequência da dispersão do pólen em curtas distâncias, trazem consequências como aumento na diferenciação genética entre populações e na estruturação genética espacial (*Spatial Genetic Structure* - SGS) dentro da população, afetando a diversidade genética das futuras gerações (SEBBENN et al., 2011).

Os efeitos negativos da fragmentação florestal podem ser mais graves para espécies autoincompatíveis e dioicas, aquelas com árvores masculinas e femininas. As espécies dioicas dependem da presença de plantas de ambos os sexos dentro do mesmo fragmento ou que ocorra fluxo gênico suficientemente grande entre fragmentos (MURCIA, 1996; CHÁVEZ-PESQUEIRA et al., 2014). Tal fato já foi reportado quanto à estrutura e à diversidade genética em oito populações naturais de pimenta-rosa (*Schinus terebinthifolia* - Anacardiaceae, espécie dioica) situadas nos estados de Minas Gerais, Espírito Santo e Sergipe, em que foram observados baixos níveis de diversidade genética ($H_{e\text{total}} = 0,30$), quando comparado aos valores relatados para a mesma espécie e para outras espécies de árvores tropicais usando marcadores de microssatélites, em que três das populações estudadas de *S. terebinthifolia* apresentaram evidências de gargalo genético recente, provavelmente por estarem inseridas em áreas com elevada fragmentação, baixa regeneração natural e presença de barreiras que impedem o fluxo gênico entre populações (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2016).

Espécies de ciclo curto são mais propensas às consequências negativas da fragmentação e expressam a perda da diversidade genética mais cedo do que as espécies perenes, ou de ciclo longo (ELLSTRAND e ELAM, 1993). Nestas últimas, os efeitos negativos da fragmentação do habitat podem não ser detectados na população adulta, mas sim na sua progênie ou na fase juvenil (AGUILAR et al., 2008), tornando importante a comparação do estudo genético entre as gerações de plantas de um fragmento.

Diante disso, a causa da redução da diversidade genética em habitats fragmentados não deve ser atribuída a um único fator, mas sim à interação de efeitos diversos, tais como o tamanho da população, grau de isolamento e características da matriz da paisagem (EZARD e TRAVIS, 2006). Um estudo sobre o sistema de acasalamento e fluxo de genes contemporâneo demonstrou redução da diversidade genética em progênies e regenerantes em comparação com indivíduos adultos de *Cariniana estrellensis* (Raddi Kuntze) (jequitibá-branco – Lecythidaceae), espécie arbórea tropical polinizada e dispersada pelo vento. Entretanto, a ausência de endogamia e de estruturação genética espacial nos diferentes estádios de vida da *C. estrellensis* foram atribuídos à elevada taxa de imigração gênica (36,5 %), indicando que a população desta espécie não estaria geneticamente isolada (GUIDUGLI et al., 2016). Este fato corrobora a necessidade de estratégias de conservação para preservar a diversidade genética ao longo das gerações.

Do ponto de vista da paisagem, os fragmentos florestais mesmo pequenos e alterados podem contribuir para manutenção dos níveis locais de diversidade genética por meio da conectividade funcional entre os fragmentos, proporcionando a conservação da diversidade genética em uma escala de paisagem (RIBEIRO et al., 2009; FINGER et al., 2012; VILLARD et al., 2014; GANZHORN et al., 2015; MARTINS et al., 2016). Em contrapartida, torna-se difícil a seleção de matrizes produtoras de sementes em alguns remanescentes florestais pequenos e prioritariamente isolados, uma vez que os indivíduos da mesma espécie podem apresentar elevado grau de parentesco, implicando na necessidade do conhecimento da estruturação genética do fragmento para a elaboração de medidas de manejo e conservação dos recursos genéticos florestais.

Em paisagens fragmentadas, a regeneração natural dos remanescentes florestais pode não ser suficiente para a devida conservação da biodiversidade em médio e longo prazos (BECKER et al., 2007; CHAZDON et al., 2009). No entanto, a regeneração artificial por meio de plantio de mudas serve como ferramenta importante para minimizar os efeitos negativos do isolamento das populações, e o conhecimento dos padrões de diversidade genética das espécies implantadas pode contribuir para o aperfeiçoamento dos protocolos de restauração (HUFFORD et al., 2013).

2.2 Restauração florestal e restauração genética

Na tentativa de compensar os danos gerados pelas atividades antrópicas sobre a composição florestal, são desenvolvidas ações como a criação de unidades de conservação e aumento da área florestada por meio da restauração florestal. Podemos citar como exemplo o

‘Pacto pela Restauração da Mata Atlântica’, que visa recuperar 15 milhões de hectares de floresta até 2050 (RODRIGUES et al., 2011). A restauração florestal é tida como ferramenta fundamental para se alcançar a conservação *in situ* da biodiversidade, por meio da mitigação e adaptação às mudanças climáticas, melhorando os serviços dos ecossistemas e o bem-estar humano (SOCIETY FOR ECOLOGICAL RESTORATION - SER, 2017).

O papel da restauração é de auxiliar na recuperação, sendo recomendado que os profissionais desenvolvam projetos de restauração baseados em ecossistemas nativos locais, e que estejam prontos para adaptar estes projetos diante das mudanças observadas e prováveis nestes ecossistemas, baseando-se nas práticas e pesquisas adequadas (MCDONALD et al., 2016). A ciência que trata da restauração de um ecossistema que foi degradado, danificado ou destruído é a ‘Ecologia da Restauração’, e a tentativa de devolver a um sistema danificado um estado ecológico que esteja dentro de alguns limites aceitáveis em relação a um sistema menos perturbado é denominado de ‘Restauração Ecológica’ (FALK et al., 2001).

A restauração frequentemente envolve a translocação de uma gama de genótipos, e as ferramentas da genética podem ser altamente informativas para melhor planejar e executar essa prática. Os marcadores moleculares permitem a identificação das populações de origem, seleção dos fundadores, variação adaptativa, dentre outros. Eles podem também auxiliar na avaliação de um projeto de restauração, a exemplo da quantificação do fluxo gênico ou mudanças demográficas nas populações-alvo (MIJANGOS et al., 2015). A contribuição da genética para restauração tornou-se tão fundamental, que levou a criação de uma nova área de pesquisa designada ‘Restauração Genética’ (FALK et al., 2001; MCKAY et al., 2005).

A variabilidade genética pode exercer papel decisivo na sobrevivência das espécies quando há alteração repentina do ambiente, como as decorrentes das mudanças climáticas que geralmente resultam do impacto antrópico, sendo cada vez mais significativa como agente determinante do sucesso das ações de restauração ecológica (RODRIGUES et al., 2009a). Deste modo, além da restauração da diversidade florística, os novos projetos de restauração necessitam também considerar a restauração da diversidade genética dessas comunidades (KAGEYAMA e GANDARA, 2004; RODRIGUES et al., 2009b).

Nos últimos anos, houve um aumento no número de pesquisas que envolvem a contribuição da genética nos projetos de restauração em todo mundo. Diagnósticos recentes demonstram que entre os anos de 1995 e 2013, os continentes onde predominam países desenvolvidos foram responsáveis por 85% de todos os estudos (41% na América do Norte, 23% na Austrália e 21% na Europa), enquanto nos continentes onde predominam países em desenvolvimento o percentual foi de 15% (11% na Ásia, 4% na América Latina e nenhum na África). Também foram diagnosticados que 59% dos estudos revisados entre 2010 e 2013 forneceram informações genéticas para orientar os processos de tomada de decisões antes da restauração e 41% usaram informações genéticas para avaliar ou monitorar a restauração (MIJANGOS et al., 2015). Diante deste quadro, são necessários mais estudos voltados à avaliação do sucesso dos projetos de restauração, buscando medidas, quando necessárias, de manejo e conservação dessas áreas, pois o grande desafio é fazer com que as florestas restauradas assumam gradativamente características semelhantes às florestas naturais, principalmente por meio da interligação dos fragmentos remanescentes na paisagem pelo fluxo gênico (RODRIGUES et al., 2009a).

No Brasil, os primeiros trabalhos que consideraram o papel da genética estavam ligados à coleta de sementes para conservação de espécies arbóreas nativas tanto *ex situ* (banco ativo de germoplasma) quanto de restauração *in situ* (VENCOVSKI, 1987; SEBBENN, 2002; VENCOVSKI e CROSSA, 2003). Porém, trabalhos avaliando o sucesso do reflorestamento são mais recentes (RODRIGUES, 2013; BAJAY, 2014; CRUZ NETO et al., 2014; SCHWARCZ, 2014; GRANDO, 2015; SOUZA et al., 2016; ÁLVARES-CARVALHO et al., 2017; SUJII et al., 2017; ZUCCHI et al., 2017).

Em um estudo genético com duas espécies arbóreas do Cerrado pertencentes à família Fabaceae (jatobá-do-cerrado - *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne e cumaru - *Dipteryx*

alata Vogel) localizadas em áreas de restauração e em populações naturais, observou-se para as espécies maior número de alelos e diversidade genética nas áreas de restauração, provavelmente devido a uma mistura de sementes de diferentes fragmentos florestais. Porém, os coeficientes de endogamia estimados por meio dos indivíduos regenerantes, indicam que as populações em plantios de restauração são endogâmicas, apresentando excesso de homozigotos, o que pode comprometer a manutenção destas populações (RODRIGUES, 2013).

Ao comparar a diversidade e a estrutura genética entre adultos e regenerantes de *Inga vera* Willd. (ingá do brejo - Fabaceae) em povoamentos naturais e restaurados localizados na Mata Atlântica entre os estados de Alagoas e Pernambuco, foi observado menor diversidade genética em indivíduos adultos em locais de restauração ($H_e = 0,696$ e $0,885$ restaurado e natural, respectivamente), inferindo que a baixa diversidade genética dos povoamentos restaurados pode ser decorrente do plantio de mudas originadas de sementes de poucas árvores (efeito fundador - poucos fundadores não contém a variação genética total da população original. Assim, a nova população apresenta uma variação genética reduzida). Porém, houve um aumento da diversidade genética em regenerantes para ambos os povoamentos, provavelmente, devido ao fluxo de genes entre os remanescentes naturais e os povoamentos de restauração (CRUZ NETO et al., 2014).

Outro trabalho avaliando a diversidade genética de quatro espécies arbóreas (de diferentes estágios de sucessão), em duas áreas de restauração na Mata Atlântica brasileira, ratificou que a recuperação da diversidade genética por meio dos projetos de restauração é influenciada tanto pelo planejamento de coleta de sementes como pelas características ecológicas das espécies (densidade populacional e quantidade de sementes por árvore). Espécies pioneiras, cuja produção de sementes é elevada, favorecem a coleta de sementes em uma ou em poucas árvores próximas umas das outras. No entanto, espécies que impõem barreiras para a coleta de sementes, como a redução da abundância de árvores e o menor rendimento de sementes, podem exigir maior esforço de amostragem para atingir a quantidade desejada de sementes para a produção de plântulas em viveiros, capturando uma diversidade mais ampla. Os autores também sugerem a seleção de sítios de restauração com base na conectividade paisagística, servindo estas novas populações como fontes de alelos para outras menores e isoladas (ZUCCHI et al., 2017).

Independentemente da escala de restauração, o acesso a sementes com qualidade e origem adequadas é uma consideração primordial para melhorar o sucesso do plantio e garantir que as novas populações se tornem funcionais, autossustentáveis e resilientes aos desafios ambientais (BROADHURST et al., 2008).

2.3 Seleção de matrizes e coleta de sementes para fins de restauração

Ações de restauração geralmente requerem a introdução de grande quantidade de sementes e o estoque disponível pode ser derivado de fontes limitadas (poucas árvores) ou de longas distâncias (em relação ao local a ser restaurado). Considerando-se que a aptidão da população e a sustentabilidade no longo prazo estão entre os objetivos da restauração, os riscos de endogamia e depressão exogâmica (*outbreeding depression*) devem ser observados ao selecionar fontes de sementes para locais de restauração (MCKAY et al., 2005; MIJNSBRUGGE et al., 2010; BYRNE et al., 2011; BREED et al., 2013).

Enquanto a endogamia refere-se ao cruzamento entre indivíduos aparentados e à autofecundação, levando à redução de 50% na heterozigosidade de cada geração (CARR e DUDASH, 2003), a depressão exogâmica refere-se à redução da adaptação de indivíduos originados por meio da hibridização entre parentais de populações geneticamente distintas, podendo ocorrer devido à quebra dos complexos de genes coadaptados (HUFFORD e MAZER, 2003). A importância da depressão exogâmica ainda é pouco compreendida, sendo que se trata de um aspecto da genética da conservação que requer mais pesquisas (MIJNSBRUGGE et al., 2010).

A coleta de sementes em árvores matrizes de populações próximas ao local de plantio é baseada na suposição de que os indivíduos destas populações tenham sofrido seleção natural restando genótipos melhores adaptados às condições ambientais locais da área de restauração (MCKAY et al., 2005; SGRÒ et al., 2011; BREED et al., 2013). Porém, este pressuposto nem sempre está correto, uma vez que a adaptação local pode ser impedida por fluxo gênico, deriva genética e falta de variação genética (BISCHOFF et al., 2010). Assim, a qualidade genética dos fragmentos locais (próximos à área de plantio) deve ser analisada antes da coleta, implicando na seleção ou não de fontes mais distantes, porém com condições ecológicas semelhantes (THOMAS et al., 2014).

Ao avaliar os parâmetros genéticos de indivíduos adultos e juvenis de *Centrolobium tomentosum* Guillemim ex Benth. (araribá - Fabaceae) em fragmentos naturais e em plantações de restauração (28 e 60 anos de idade) na Mata Atlântica, foram observados níveis semelhantes de diversidade genética e endogamia, para adultos e juvenis nas diferentes populações restauradas e naturais. Também foram encontrados alelos exclusivos somente em juvenis das áreas de restauração, inferindo em fluxo de genes entre as populações restauradas e as populações naturais vizinhas. Porém, para as áreas restauradas, os indivíduos juvenis obtiveram menor diversidade de haplótipos em relação aos adultos (SUJII et al., 2017). Este resultado pode ser consequência do pequeno tamanho da população em áreas de restauração ou devido à depressão exogâmica, quando na restauração são utilizadas sementes com baixo vigor, resultantes do acasalamento entre indivíduos adaptados a diferentes condições (PINHEIRO et al., 2013). Assim, altos níveis de diversidade genética, especialmente quando obtidos em populações muito distantes, nem sempre são benéficas para o sucesso da restauração. Deste modo, a coleta de sementes em populações localizadas em condições ecológicas semelhantes ao local de plantio é mais indicada para evitar a depressão futura.

Em domínio de Mata Atlântica, vários fragmentos florestais são secundários, ou seja, originados a partir da regeneração natural após distúrbios naturais ou antrópicos. Nesse tipo de situação, a restauração pode se dar sob forte efeito do fundador (SENZEN et al., 2005), no qual as sementes coletadas de alguns poucos indivíduos colonizam a área perturbada e passam a representar a espécie naquele local com baixos níveis de diversidade genética na população. A depressão endogâmica e deriva genética são potenciais causas para tais efeitos fundadores. Portanto, se as sementes são coletadas de populações pequenas e isoladas, mesmo um número relativamente elevado de árvores amostradas pode não ser suficiente para evitar os efeitos fundadores (baixa variabilidade genética, pequeno tamanho efetivo, alto coeficiente de endogamia e reduzido número de alelos) (MIJNSBRUGGE et al., 2010).

Dessa forma, em alguns casos, a coleta de sementes a partir de matrizes presentes em diferentes fragmentos pode aumentar a representatividade da diversidade genética da espécie em comparação com a coleta de sementes de vários indivíduos em um mesmo fragmento, aumentando ainda mais a importância de cada remanescente de vegetação nativa para as futuras ações de restauração florestal (TURNER e CORLETT, 1996).

Um parâmetro importante para a conservação dos recursos naturais é o tamanho efetivo populacional (N_e), definido como o tamanho de uma população ideal que tem a mesma quantidade de deriva na frequência do alelo, ou a mesma taxa de diminuição da heterozigosidade, como a população atual (WRIGHT, 1931). É um parâmetro crítico na genética de populações porque mede a taxa de deriva genética e endogamia e permite a estimativa e comparação com o tamanho mínimo viável ou mínimo adequado, o qual assegura que a população mantenha a viabilidade ao longo do tempo e que exista sustentabilidade genética na sua descendência (VENCOVSKY, 1992; VENCOVSKY e CROSSA, 2003). O tamanho efetivo populacional de $N_e = 50$ foi recomendado para evitar a depressão por endogamia em cinco gerações (FRANKLIN, 1980). Alternativamente, é possível considerar $N_e = 100$ para evitar efeitos de deriva e depressão endogâmica em curto prazo (cinco gerações) e ao menos $N_e = 1.000$ para manter o potencial evolutivo para a aptidão em perpetuidade (SEBBENN, 2006; FRANKHAM et al., 2014).

Associado ao Ne tem-se o número de árvores matrizes que, para reflorestamentos, devem ser coletadas sementes de 30 matrizes distantes no mínimo 100 metros ou a uma distância equivalente a duas vezes a altura da árvore para evitar a coleta de sementes de indivíduos aparentados (SEBBENN, 2006). Contudo, em algumas regiões, devido ao número reduzido de indivíduos (menor que 30, como recomendado), a coleta fica comprometida ao adotar os parâmetros anteriormente citados. A exemplo, em estudos sobre a diversidade genética de *Erythrina velutina* foram encontrados somente vinte indivíduos em uma área de 100 ha (10 km de extensão e 100 m de largura), área de mata ciliar na região do Baixo Rio São Francisco, no estado de Sergipe (GONÇALVES et al., 2014; MELO et al., 2015). Logo, uma alternativa para maximizar a amostragem é a coleta de sementes em diversos fragmentos.

A amostragem composta, aquela cujas sementes são de árvores próximas ao local de plantio, mas também de fontes mais distantes, ecogeograficamente combinadas, também tem sido proposta como uma estratégia para aumentar o potencial de adaptação do material implantado, pois facilita a produção de novas combinações de genes potencialmente capazes de responder às mudanças ambientais (BROADHURST et al., 2008).

2.4 Ferramentas para caracterização e conservação *in situ* de espécies florestais

A associação de ferramentas para conservação de espécies florestais nativas pode otimizar o trabalho dos pesquisadores. Deste modo, a modelagem de distribuição de espécies (MDE) pode ser o primeiro passo para guiar a escolha das fontes potenciais de sementes. A MDE pode ser usada em combinação com dados de caracterização genética entre e dentro de populações de origem, obtidos por meio de ferramentas como os marcadores moleculares, permitindo melhores esforços durante a elaboração do projeto de restauração (THOMAS et al., 2014).

2.4.1 Marcadores moleculares para estudo de genética de populações

O estudo da variabilidade genética de populações foi possível após a década de 60, com o advento da eletroforese de isoenzimas (marcadores bioquímicos). Com os avanços das técnicas, na década de 80, foram desenvolvidos os marcadores em nível de DNA, os quais podem ser utilizados a partir de amostras da planta (folhas, embriões, cotilédones, pólen etc.) em qualquer estágio de desenvolvimento (FALEIRO, 2007).

Os marcadores moleculares são ferramentas úteis para detectar variações no genoma, possibilitando quantificar por meio destes a diversidade genética entre indivíduos e populações. São definidos como sequências identificáveis de DNA, encontradas em localizações específicas do genoma, transmitidas pelas leis comuns de herança de uma geração para a outra. Permitem análises rápidas pelo acesso direto ao genótipo do indivíduo, eliminando a influência do ambiente nos resultados (SEMAGN et al., 2006).

Dependendo das técnicas utilizadas, os marcadores podem ser classificados como marcadores baseados em hibridização, RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*); e baseados em reação em cadeia da polimerase (PCR), RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) e SSR (*Simple Sequence Repeat*). No sistema de marcador baseado em PCR, a amplificação de determinadas sequências de DNA é realizada com a ajuda de iniciadores escolhidos especificamente ou aleatoriamente e uma enzima termoestável, chamada Taq DNA polimerase. Os fragmentos amplificados são separados eletroforeticamente em géis de poliacrilamida ou de agarose e os padrões de bandas são detectados por coloração (brometo de etídio ou nitrato de prata) ou luz ultravioleta (corantes fluorescentes de ácidos nucleicos) (VIJAYAN, 2005).

Quanto à natureza dos marcadores, estes podem ser divididos em dominantes (RAPD, ISSR e AFLP) e co-dominantes (SSR). Por meio dos marcadores dominantes podemos identificar pela presença de banda [1] os genótipos heterozigoto ou homozigoto dominante, e quando na ausência da banda [0] infere-se que o genótipo é homozigoto recessivo para aquele

loco (WOLFE, 2005). Deste modo, a informação genotípica não está disponível completamente a partir de marcadores dominantes, sendo as frequências alélicas da população estimadas indiretamente (KINDT et al., 2009).

Na técnica de ISSR usa-se iniciadores (sequências de DNA entre duas regiões microssatélites, repetidas em tandem) mais longos em comparação com os de RAPD, o que permitem o uso de alta temperatura de anelamento (45 a 65°C), que garante maior estrringência. Os produtos amplificados são geralmente de 200 a 2.000 pb de comprimento e podem ser detectados por eletroforese em gel de poliacrilamida ou agarose (ZIETKIEWICZ et al., 1994).

A geração de marcadores ISSR faz uso de sequências de microssatélites que são altamente variáveis e distribuídas por todo o genoma, ao mesmo tempo que conseguem uma maior reprodutibilidade em comparação com o uso de RAPD e custam menos em termos de tempo e dinheiro em comparação com o uso de AFLP (ZIETKIEWICZ et al., 1994; REDDY et al., 2002). Todas estas características tornam a técnica de ISSR viável para estudos sobre diversidade genética.

Dez marcadores do tipo ISSR foram utilizados para investigar se o corte seletivo de *Plathymenia reticulata* Benth. (amarelinho - Fabaceae), espécie com madeira de potencial econômico, altera os índices de diversidade e a estrutura genética de adulto, progênies e regenerantes em dois fragmentos de floresta (149 indivíduos ao total) no sul do Espírito Santo. Foram obtidos 156 fragmentos, dos quais 101 foram polimórficos (64,74%). O índice de diversidade genética de Nei foi alto para os três grupos ($H = 0,419, 0,348$ e $0,383$, adultos, progênies e regenerantes, respectivamente) inferindo que mesmo com o corte seletivo desta espécie, esta consegue manter as taxas de diversidade genética, principalmente pela proximidade entre os fragmentos, o que possibilita o fluxo gênico entre eles. As árvores adultas foram sugeridas como potenciais matrizes para a coleta de sementes (SOUZA et al., 2017).

Com o objetivo de definir áreas prioritárias para conservação de *Schinus terebinthifolia* Raddi. (pimenta-rosa - Anacardiaceae), espécie com valor econômico agregado a suas sementes devido ao seu uso como condimento no mercado interno e externo, foram utilizados onze *primers* ISSR para estudar a diversidade e estrutura genética de três populações distintas localizadas na Caatinga, Ecótono e Mata Atlântica (30, 85 e 47, respectivamente). Os marcadores ISSR apresentaram alto polimorfismo (86,74%). Para a diversidade genética (H_e) observou-se uma média de 0,20 (0,20 a 0,21). A maior diferenciação genética foi encontrada entre as populações do Ecótono e da Mata Atlântica ($F_{ST} = 0,33$), com uma taxa de fluxo gênico de 1,7 e a menor diferenciação genética foi entre as populações da Caatinga e Mata Atlântica ($F_{ST} = 0,14$ e o fluxo gênico superior a 4,0). Por meio de agrupamento bayesiano identificou-se nove clusters genéticos. Foi observado um número significativo de locos com excesso de heterozigosidade, sugerindo um gargalo genético. Porém, foi possível identificar um total de trinta locos exclusivos (19 na população do Ecótono, 9 para a população da Mata Atlântica e 2 para população da Caatinga), o que fornece evidências para apoiar a definição dessas populações como unidades de gerenciamento potenciais para conservação (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2015).

Apesar da eficácia na quantificação da diversidade genética entre indivíduos e no estabelecimento de estratégias de conservação, os ISSRs não permitem estimar grau de parentesco e fluxo gênico contemporâneo (padrões de cruzamento). Os ISSRs permitem apenas quantificar indiretamente o fluxo gênico histórico, baseado na diferença genética entre populações (F_{ST}) (HARTL e CLARK, 1997). Assim, o uso de microssatélites (SSR) são fundamentais para estas análises.

Os locos microssatélites (SSR) são regiões do DNA compostas de pequenos motivos de 1 a 6 nucleotídeos repetidos em tandem (TÓTH et al., 2000). São amplificados via PCR, com pouca quantidade de DNA e com uso de iniciadores específicos (sequências de DNA que flanqueiam os microssatélites) para a espécie estudada, o que implica em custo elevado para o desenho destes. Os produtos da amplificação são separados por eletroforese em gel de poliacrilamida, gel de agarose de alta resolução, ou por sequenciador automático. Cada tamanho

de fragmento diferente de DNA representa um alelo daquele loco específico (OLIVEIRA et al., 2006).

Possuem elevado nível de diversidade alélica e, devido a erros que podem ocorrer durante a replicação do DNA, diferentes indivíduos de uma mesma espécie podem apresentar um número variado de repetições dentro de um mesmo microssatélite, os quais constituem diferentes alelos (ELLEGREN, 2004). Assim, o alto polimorfismo desses marcadores é uma vantagem em estudos de fluxo gênico, padrões de diferenciação e níveis de endogamia entre populações (KASHYAP et al., 2006).

No Brasil, o número de trabalhos utilizando marcadores SSR tem aumentado nos últimos anos, principalmente para espécies de interesse ecológico e econômico (TAMBARUSSI et al., 2013; SCHWARCZ et al., 2014; GRANDO et al., 2015; SUJII et al., 2015; LÓPEZ-ROBERTS et al., 2016). Por meio de seis locos SSR foram avaliadas oito populações naturais de *Anacardium humile* A. St. Hill (caju-do-cerrado - Anacardiaceae), espécie nativa do bioma Cerrado com frutos de valor econômico. A diferenciação genética entre populações foi baixa ($\theta = 0,075$ e $G_{ST} = 0,066$). Foi encontrado uma média de 5,2 alelos por população, alto nível de diversidade genética ($H_e = 0,710$) e coeficiente de endogamia positivo e significativo para a maioria das populações, com média de 0,142. Cinco populações apresentaram estrutura genética espacial (EGE), com valores da coancestria positivos e significativos. Apesar da alta diversidade genética, as populações de *A. humile* merecem atenção, pois a exploração extrativista predatória e os distúrbios antrópicos podem comprometer a manutenção desta diversidade. O estudo genético com outras gerações, como juvenis e progênes, para avaliar os efeitos da fragmentação sobre estas populações foi recomendado (COTA et al., 2017).

No Centro-Oeste do Brasil, um estudo realizado em uma população de *Hancornia speciosa* Gomes (mangaba - Apocynaceae) com 113 indivíduos adultos e 100 juvenis foram empregados sete locos SSR e observou-se alta diversidade genética ($H_e = 0,754$ e $0,744$), mas com endogamia significativa ($f = 0,052$ e $0,087$, $P < 0,05$) para ambos os estádios de vida. Os valores do coeficiente de coancestria (F_{ij}) foram baixos em adultos e juvenis, resultados para os quais pode-se inferir em uma potencial dispersão de genes de longa distância (COSTA et al., 2017).

Portanto, o uso de ferramentas moleculares permite direcionar estratégias de manejo e conservação de espécies arbóreas presentes, principalmente, em populações localizadas imersas em uma matriz antrópica, cujos efeitos da fragmentação podem implicar na persistência destas áreas.

2.4.2 Modelagem de distribuição em espécies nativas

A distribuição geográfica de uma espécie é fundamentada no seu nicho ecológico, representado pelo intervalo de condições ambientais ou de recursos necessários à sua sobrevivência e reprodução (HUTCHINSON, 1957). O conhecimento dessas condições aliado à facilidade de obtenção de pontos de ocorrência da espécie, ao avanço computacional e à disponibilidade de dados ambientais em diferentes resoluções, pode ser utilizado para guiar os pesquisadores para as futuras prospecções e coletas.

Os modelos de distribuição de espécies (MDE) (em inglês, *Species Distribution Modeling* - SDM) são ferramentas baseadas neste princípio. São utilizados em diversos ramos da pesquisa como biogeografia, biologia da conservação e ecologia (ELITH e LEATHWICK, 2009). Tecnicamente, para a realização da MDE são necessários: (i) dados das espécies (presença e/ou ausência), (ii) variáveis explicativas (neste trabalho variáveis ambientais e antropogênicas), (iii) métodos estatísticos (algoritmos, funções que estabelecem a relação das variáveis explicativas com os pontos de ocorrência das espécies) e (iv) validação do modelo. Com esta combinação, o método prediz áreas adequadas de ocorrência da espécie (GUISAN e ZIMMERMANN, 2000; PHILLIPS, 2008; FRANKLIN, 2009) (Figura 2).

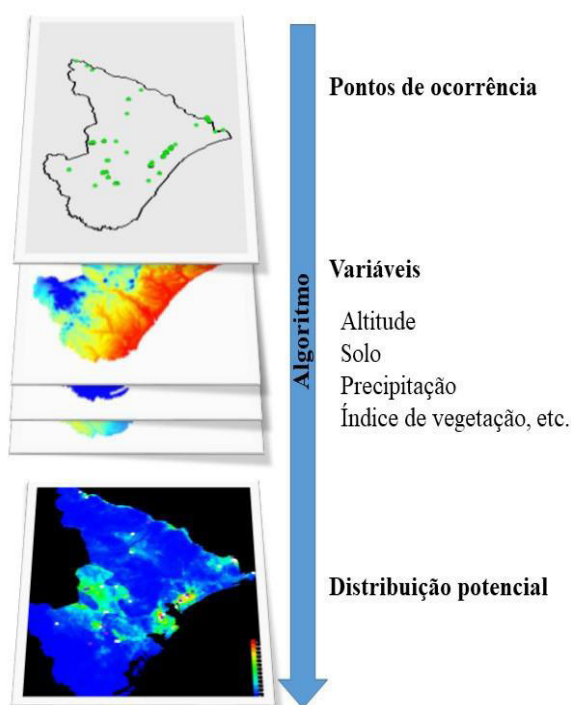


Figura 2. Modelagem de distribuição de espécies (MDE).

Dentre os diversos métodos estatísticos utilizados para a MDE, o que vem se destacando e demonstrando eficiência na predição de áreas é o de máxima entropia, sendo o *software* MaxEnt (PHILLIPS et al., 2006) bastante utilizado (VAZ et al., 2015). É um método que faz previsões ou inferências a partir de informações incompletas e é adequado para todas as aplicações existentes que envolvem conjuntos de dados somente de presença (PHILLIPS et al., 2006). O MaxEnt demonstrou alta eficiência preditiva com números de pontos de ocorrência (coordenadas geográficas dos indivíduos) entre 5 e 15, o que é compatível com muitos problemas de predição de espécies raras ou atualmente ameaçadas de extinção (PEARSON et al., 2007).

A realização da MDE gera informações sobre os impactos das mudanças climáticas na distribuição geográfica de espécies nativas (COLOMBO e JOLY, 2010; BELLARD et al., 2012; SIMON et al., 2013; RODRIGUES et al., 2015) e na diversidade genética das populações (PAULS et al., 2013; ASSIS et al., 2014). Orienta na escolha de locais para conservação (VINCETI et al., 2013), implantação de Unidades de Conservação (HANNAH, 2010; SILVA et al., 2014) e seleção de espécies para restauração de áreas (GELVIZ-GELVEZ et al., 2015). Também pode ser uma ferramenta na predição de novas populações para futuros estudos de diversidade genética e seleção de matrizes produtoras de sementes.

Por meio do MaxEnt e de dados genéticos obtidos por marcadores SSR em quinze populações (466 indivíduos), foi simulado o impacto das mudanças climáticas nos próximos 50 anos sobre a persistência da espécie e a diversidade genética de *Caryocar brasiliense* Camb. (pequi - Caryocaraceae), espécie endêmica do Cerrado brasileiro. Foi verificada a redução da diversidade genética e o número de alelos quando a adequação ambiental diminuiu, trazendo consequências para a conservação da espécie. Se estes pressupostos forem cumpridos, haverá extinções locais e a variabilidade genética restante da espécie será assegurada apenas pelas populações atuais que permanecerão em áreas climáticas adequadas no futuro (COLLEVATTI et al., 2011).

Trabalho semelhante foi desenvolvido com a espécie *Dipteryx alata* Vog. (baru - Fabaceae), nativa do Cerrado. Todos os parâmetros genéticos (número de alelos por loco,

diversidade genética e coeficiente de endogamia) permaneceram aproximadamente constantes até um limiar de redução de 50% de adequação climática no futuro. Após este limite crítico houve uma redução de 10% dos valores atuais, em média. Assim, apesar das mudanças nas áreas climáticas adequadas, as análises não preveem uma forte perda de diversidade genética em *D. alata* o que permite inferir na ampla tolerância desta espécie (DINIZ-FILHO et al., 2012).

Outro estudo utilizando o MaxEnt foi sobre o impacto das mudanças climáticas na distribuição geográfica potencial e produtividade de *Hancornia speciosa* Gomes (mangabeira - Apocynaceae) para 74 municípios no Brasil. Foi observado que a maioria dos municípios produtores apresentarão perda de adequação ambiental em cenários futuros de mudanças climáticas (2050), obtendo menores taxas de colheita no futuro, principalmente no Nordeste do Brasil, o que afeta o valor da produção de *H. speciosa*. Informações como estas são importantes, pois municípios que utilizam essa fruta podem ser fortemente afetados pela mudança climática global, sendo necessárias ações estratégicas para a conservação e manejo da biodiversidade da espécie como a criação de Unidade de Conservação e colheita sustentável em regiões apropriadas, considerando-se as condições climáticas futuras (NABOUT et al., 2016).

A MDE também pode ser aplicada na prevenção ou controle de espécies invasoras pela delimitação espacial potencial. Como exemplo a espécie *Schinus terebinthifolia* Raddi que, apesar do potencial econômico e ambiental no Brasil, local de ocorrência natural, na Flórida ela é considerada planta invasora após ser introduzida como planta ornamental no século XIX (MUKHERJEE et al., 2012).

Vale ressaltar que os modelos gerados funcionam como indicadores de novas áreas para futuras amostragens, havendo a necessidade de incorporar novos registros de ocorrência para melhorar a acurácia da predição.

2.5 Espécies alvo

Nos projetos de restauração florestal são utilizadas espécies nativas dos diferentes grupos ecológicos. Algumas destas, além do valor ambiental, podem contribuir para geração de renda, uma vez que são utilizadas na produção de fármacos e na indústria alimentícia. As espécies utilizadas neste estudo foram *Erythrina velutina* Willd. e *Schinus terebinthifolia* Raddi, ambas pioneiras e de interesse econômico.

2.5.1 *Erythrina velutina* Willd.

A família Fabaceae é uma das maiores e mais importantes, economicamente e ecologicamente, entre as Angiospermas. É constituída por cerca de 770 gêneros e aproximadamente 19.500 espécies (LEWIS et al., 2013; LEGUME PHYLOGENY WORKING GROUP - LPWG, 2013), distribuídas em três subfamílias: Mimosoideae, Caesalpinioideae e Papilionoideae (Faboideae) (JUDD et al., 1999; LEWIS e SCHIRE, 2003). Possui grande distribuição geográfica em ambos os hemisférios (JUDD et al., 1999), especialmente nas regiões tropicais e subtropicais, apresentando hábitos variados, desde árvores, arbustos, ervas e até trepadeiras (JOLY, 2002).

Papilionoideae é a maior das três subfamílias, com 503 gêneros e cerca de 14.000 espécies, e com distribuição cosmopolita (LEGUME PHYLOGENY WORKING GROUP - LPWG, 2017). Dentro desta subfamília encontra-se o gênero *Erythrina* com aproximadamente 112 espécies, na maioria de hábito arbóreo e comumente encontradas em áreas temperadas e quentes (GALETTO et al., 2000).

O Brasil é a parte mais representativa da América do Sul com maior número de espécies (11 spp.) de *Erythrina* (LIMA, 2014). As espécies deste gênero são conhecidas por produzirem alcaloides, flavonoides e isoflavonoides (CARVALHO et al., 2009). Dentro deste gênero, *E. velutina* é a mais conhecida no Brasil. Tem uma distribuição pantropical e é a única do subgênero *Erythraster* do Brasil que ocorre na região da floresta seca da Caatinga (KRUKOFF e BARNEBY 1974; LORENZI, 2008).

E. velutina é popularmente conhecida como mulungu, suinã, canivete, corticeira, mulungu-da-caatinga. Está distribuída, predominantemente, na Caatinga brasileira, porém, devido a sua plasticidade é encontrada em outras fitofisionomias, como Mata Atlântica e no Cerrado (Figura 3) (CARVALHO, 2010).

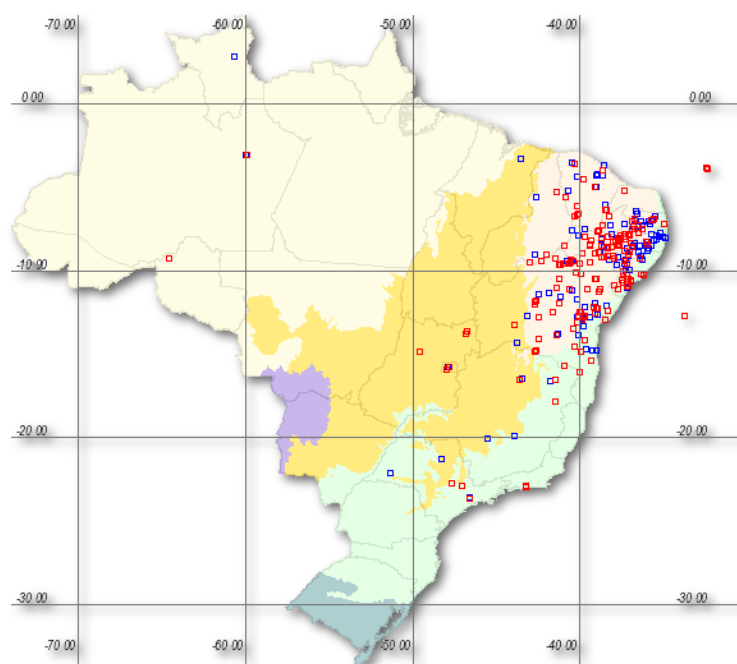


Figura 3. Mapa de ocorrência de *Erythrina velutina* nas diferentes fitofisionomias do Brasil. Os pontos plotados são as coordenadas fornecidas pelas coleções de herbários (vermelho) ou as coordenadas da sede do município (azul). Fonte: <http://www.splink.org.br/index?lang=pt>

O mulungu é uma espécie arbórea, pioneira, decídua, heliófita e intolerante ao frio. No estado de Sergipe está distribuída nos biomas Caatinga e Mata Atlântica, florescendo entre os meses de novembro e dezembro (ALVES et al., 2008; SILVA et al., 2008; CARVALHO, 2010). Por apresentar resistência à seca e ser fixadora de nitrogênio, esta espécie tem importância ecológica e é utilizada na restauração de áreas degradadas (LORENZI, 2008). Possui potencial fitoterápico como calmante, emoliente peitoral e anestésico local (LORENZI e MATOS, 2002). O extrato da casca de *E. velutina* tem efeito neuroprotetivo, sugerindo-o para desenvolvimento futuro de agentes terapêuticos em tratamento de doenças como Parkinson (SILVA et al., 2016).

E. velutina possui flores hermafroditas em tons de vermelho ou laranja dispostas em panículas terminais (GALETTTO et al., 2000). Sua polinização é do tipo cruzada (alogamia), realizada principalmente por aves, a exemplo do beija-flor (RAGUSA-NETO, 2002). Em Fernando de Noronha, uma espécie de lagarto (*Euprepis atlanticus*) alimenta-se do néctar, o que contribui para a polinização das flores de *E. velutina* (SAZIMA et al., 2009). O fruto é marrom deiscente do tipo legume estipulado, glabro, polispérmico com 1 a 4 sementes reniforme de cor vermelha e hilo preto. Alguns pássaros são atraídos pela coloração das sementes, o que pode contribuir para a dispersão das mesmas, além da dispersão devido a abertura natural das vargas (NEILL, 1988). As folhas são compostas, trifoliadas, alternas espiraladas com folíolos ovalados a orbiculares de consistência cartácea, revestida por pilosidade, medindo de 6 a 12 centímetros de comprimento por 5 a 14 centímetros de largura (CARVALHO, 2010) (Figura 4).



Figura 4. *Erythrina velutina* Willd. **A:** Hábito, **B:** Lagarto (*Euprepis atlanticus*) nas inflorescências, **C:** Folha e **D:** Caule com presença de acúleos. Fonte: Martins, 2014.

Em Sergipe, as populações de *E. velutina* vêm reduzindo consideravelmente, isto pode estar ligado à exploração de sua madeira para a produção de jangadas, caixotes, tamancos e brinquedos (MAIA, 2004), quanto pela expansão da agricultura e pastagens nas áreas de ocorrência natural. O caráter de raridade desta espécie no estado tem sido comprovado em estudos que indicam a presença de apenas vinte indivíduos em uma área de 100 ha às margens do Rio São Francisco (GONÇALVES et al., 2014; MELO et al., 2015), implicando na tomada de medidas para a conservação desta espécie.

2.5.2 *Schinus terebinthifolia* Raddi

A família Anacardiaceae possui aproximadamente 81 gêneros e 800 espécies, distribuídas na região pantropical, podendo ocorrer em regiões temperadas (PELL et al., 2011). As Américas, México e a região do Chaco da Argentina são considerados como importantes centros de diversificação, devido à alta diversidade de espécies e ao alto endemismo (RAMÍREZ e CEVALLOS-FERRIZ, 2002). No Brasil, estão catalogados 14 gêneros com 57 espécies, sendo que 14 delas são endêmicas do país (SILVA-LUZ e PIRANI, 2010).

Dentro do gênero *Schinus* tem-se *Schinus terebinthifolia*, popularmente conhecida como aroeira vermelha, aroeira da praia, aroeira pimenteira, pimenta brasileira, fruto de sabiá e pimenta-rosa. É nativa do Brasil, Argentina, Paraguai e Uruguai, e introduzida como planta ornamental em áreas subtropicais, a exemplo da Flórida e Havaí, porém tornou-se invasora (EWEL et al., 1982). Registros históricos indicam que a espécie foi introduzida, separadamente, na costa leste e oeste da Flórida (SCHMITZ et al., 1997). Por meio de análises genéticas comprova-se que as duas introduções supracitadas são provenientes de diferentes populações e que houve hibridizações interespecíficas, cujos híbridos são superiores aos progenitores quanto à germinação da semente, sobrevivência da plântula e crescimento. Também foi observado que a variação genética encontrada nas populações da Flórida é equivalente às encontradas nas populações nativas da América do Sul (WILLIAMS et al., 2005; WILLIAMS et al., 2007; GEIGER et al., 2011).

S. terebinthifolia é encontrada em áreas ripárias, córregos e em várzeas úmidas de formação secundária. Entretanto, por apresentar boa plasticidade, desenvolve-se também em terrenos mais secos. No Brasil, a pimenta-rosa tem distribuição na Mata Atlântica desde o

Nordeste até o Sul, podendo ocorrer em diferentes fitofisionomias como foi demonstrado por meio da modelagem de distribuição de espécies (GARRASTAZU e MATTOS, 2013) (Figura 5).

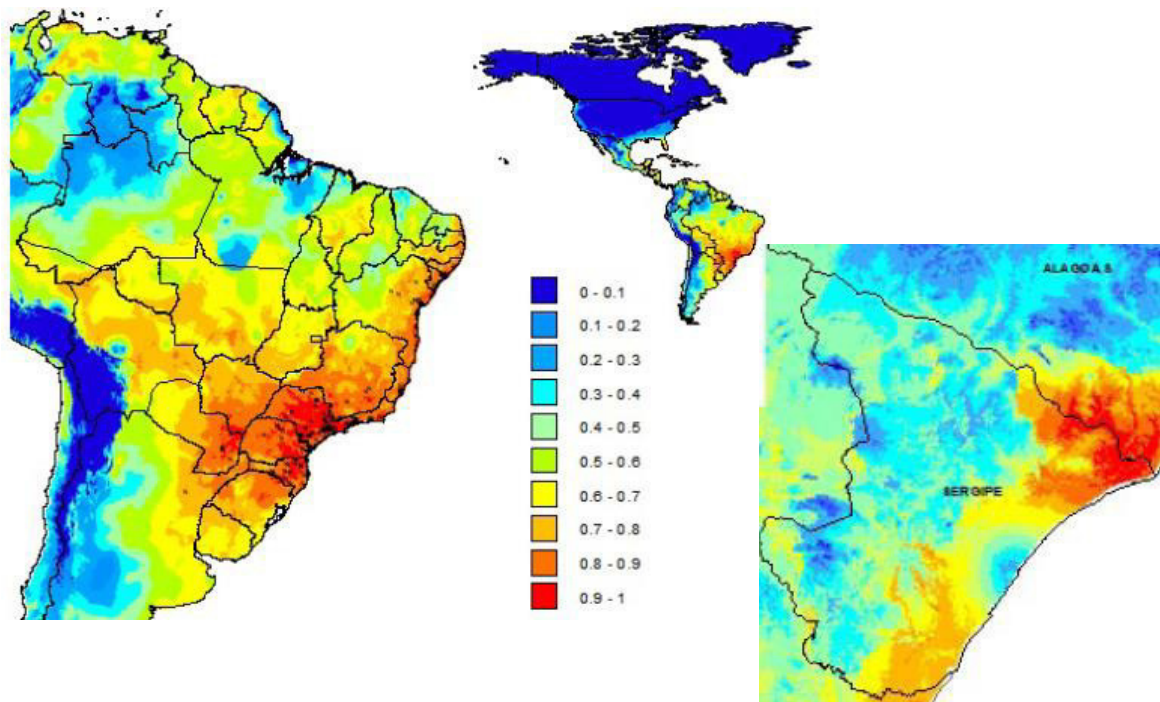


Figura 5. Distribuição potencial de *Schinus terebinthifolia* Raddi., considerando-se as camadas ambientais, altitude e pontos de ocorrência real da espécie, usando as camadas ambientais de 2,5 minutos. Fonte: Garrastazu e Mattos (2013).

A pimenta-rosa é uma espécie dioica, heliófita de hábito arbóreo. É resistente a inundações, incêndios e seca, podendo rebrotar facilmente a partir do tronco e raízes. As folhas são compostas imparipinadas, com 8 a 12 cm de comprimento e com 7 a 13 folíolos verdes, elípticos a obovados, com nervuras claras. Sua inflorescência é do tipo paniculada terminal com flores brancas amareladas que, nas árvores femininas, produzem grande número de frutos globulares (drupas) de pericarpo vermelho agrupados em cachos, apreciado como alimento por aves, o que contribui para uma boa disseminação e regeneração natural da espécie (LENZI e ORTH, 2004; CESÁRIO e GAGLIONE, 2008) (Figura 6). Sua estratégia de polinização é a cruzada (alogamia), dependendo de agentes bióticos como insetos polinizadores (abelhas, moscas e vespas). Estes insetos visitam as flores masculinas e femininas ao longo do dia realizando a polinização (LENZI e ORTH, 2004).



Figura 6. Árvore de *Schinus terebinthifolia* localizada no Campus da UFS. Aspecto das folhas, flores e frutos. Fonte: acervo pessoal.

A pimenta-rosa é utilizada na recuperação de áreas degradadas (KAGEYAMA e GANDARA 2000; JOSÉ et al., 2005; FERREIRA et al., 2013; SCHEER et al., 2017), possui fins terapêuticos (CARVALHO et al., 2013; LARA de ANDRADE, et al., 2017) e seus frutos são apreciados como condimento no mercado nacional e internacional (JESUS e GOMES, 2013). Porém, a realização da coleta dos frutos de forma não sustentável pode implicar, com o passar dos anos, na redução do número de indivíduos e comprometer a estrutura genética das populações.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUILAR, R.; QUESADA, M.; ASHWORTH, L.; HERRERIAS-DIEGO, Y.; LOBO, J. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches. **Molecular Ecology**, v.17, n. 24, p. 5177-5188, 2008.
- ALOFS, K.M.; GONZÁLEZ, A.V.; FOWLER, N.L. Local native plant diversity responds to habitat loss and fragmentation over different time spans and spatial scales. **Plant Ecology**, v. 215, n. 10, p. 1139-1151, 2014.
- ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; DUARTE, J.F.; CARVALHO, D.; PEREIRA, G.S.; SILVA-MANN, R.; FERREIRA, R.A. *Schinus terebinthifolia*: Population structure and implications for its conservation. **Biochemical Systematic and Ecology**, v. 58, p. 120-125, 2015.
- ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; DUARTE, J.F.; SANTOS, T.C.; SANTOS, R.M.; SILVA-MANN, R.; CARVALHO, D. Structure and genetic diversity of natural Brazilian pepper populations (*Schinus terebinthifolia* Raddi). **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-13, 2016.
- ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; SILVA-MANN, R.; GOIS, I.B.; MELO, M.F.V.; OLIVEIRA, A.S.; FERREIRA, R.A.; GOMES, L.J. Restoration over time and sustainability of *Schinus terebinthifolia* Raddi. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1-9, 2017.
- ALVES, E.U.; ANDRADE, L.A.; BARROS, H.H.A.; GONÇALVES, E.P.; ALVES, A.U.; GONÇALVES, G.S.; OLIVEIRA, L.S.B.; CARDOSO, E.A. Substratos para testes de emergência de plântulas e vigor de sementes de *Erythrina velutina* Willd., Fabaceae. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 29, n. 1, p. 69-82, 2008.
- ASSIS, J.; SERRÃO, E.A.; CLARO, B.; PERRIN, C.; PEARSON, G.A. Climate-driven range shifts explain the distribution of extant gene pools and predict future loss of unique lineages in a marine brown alga. **Molecular Ecology**, v. 23, n. 11, p. 2797-2810, 2014.
- BAJAY, M.M. **Diversidade e estrutura genética de *Piptadenia gonoacantha* (Mart.) J.F. Macbr. em áreas em processo de restauração florestal e remanescentes de Mata Atlântica**. 2014. 148 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba-SP, 2014.
- BECKER, C.G.; FONSECA, C.R.; HADDAD, C.F.B.; BATISTA, R.F.; PRADO, P.I. Habitat Split and the global decline of amphibians. **Science**, v. 318, n. 5857, p. 1775-1777, 2007.
- BELLARD, C.; BERTELSMEIER, C.; LEADLEY, P.; THUILLER, W.; COURCHAMP, F. Impacts of climate change on the future of biodiversity. **Ecology Letters**, v. 15, n. 4, p. 365-377, 2012.
- BISCHOFF, A.; STEINGER, T.; MÜLLER-SCHÄRER, H. The importance of plant provenance and genotypic diversity of seed material used for ecological restoration. **Restoration Ecology**, v. 18, n. 3, p. 338-348, 2010.
- BRASIL. Decreto nº 7.390, de 9 de dezembro de 2010. Regulamenta os arts. 6º, 11 e 12 da Lei no 12.187, de 29 de dezembro de 2009, que institui a Política Nacional sobre Mudança do Clima - PNMC, e dá outras providências. **Diário Oficial [da] República Federativa do**

Brasil, Brasília, DF, dez. 2010. Disponível em: <
http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2010/decreto/d7390.htm>. Acesso em:
 08 dez. 2017.

BRASIL. Decreto nº 7.643, de 15 de dezembro de 2011. Altera o art. 4º do Decreto no 7.390, de 9 de dezembro de 2010, que regulamenta os arts. 6º, 11 e 12 da Lei no 12.187, de 29 de dezembro de 2009, que institui a Política Nacional sobre Mudança do Clima - PNMC. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, dez. 2011. Disponível em: <
http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2011/decreto/D7643.htm>. Acesso em:
 08 dez. 2017.

BRASIL. Lei nº 12.187, de 29 de dezembro de 2009. Institui a Política Nacional sobre Mudança do Clima - PNMC e dá outras providências. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, dez. 2009. Disponível em:
 <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2007-2010/2009/lei/l12187.htm>. Acesso em 08:
 dez. 2017.

BRASIL. Lei nº 9.985, de 18 de julho de 2000. Regulamenta o art. 225, § 1º, incisos I, II, III e VII da Constituição Federal, institui o Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza e dá outras providências. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, jul. 2000. Disponível em: <
<http://www.mma.gov.br/port/conama/legiabre.cfm?codlegi=322> >. Acesso em: 08 dez. 2017.

BREED, M.F.; STEAD, M.G.; OTTEWELL, K.M.; GARDNER M.G., LOWE A.J. Which provenance and where? Seed sourcing strategies for revegetation in a changing environment. **Conservation Genetics**, v. 14, n. 1, p. 1-10, 2013.

BROADHURST, L.M.; LOWE, A.; COATES, D.J.; CUNNINGHAM, S.A.; MCDONALD, M.; VESK, P. A.; YATES, C. Seed supply for broadscale restoration: maximizing evolutionary potential. **Evolutionary Applications**, v. 1, n. 4, p. 587-597, 2008.

BYRNE, M.; STONE, L.; MILLAR, M.A. Assessing genetic risk in revegetation. **Journal of Applied Ecology**, v. 48, n. 6, p. 1365-1373, 2011.

CAMARGO, M.G.G.; SOUZA, R.M.; REYS, P.; MORELLATO, L.P. Effects of environmental conditions associated to the cardinal orientation on the reproductive phenology of the cerrado savanna tree *Xylopia aromatica* (Annonaceae). **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 83, n. 3, p. 1007-1020, 2011.

CARR, D.E.; DUDASH, M.R. Recent approaches into the genetic basis of inbreeding depression in plants. **Philosophical Transactions Biological Sciences**, v. 358, n. 1434, p. 1071-1084, 2003.

CARVALHO, A.C.C.S.; ALMEIRA, D.S.; MELO, M.G.D.; CAVALCANTI, S.C.; MARÇAL, R.M. Evidence of the mechanism of action of *Erythrina velutina* Willd. (Fabaceae) leaves aqueous extract. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 122, n. 2, p. 374-378, 2009.

CARVALHO, M.G.; MELO, A.G.N.; ARAGÃO, C.F.S.; RAFFIN, F.N.; MOURA, T.F.A.L. *Schinus terebinthifolia* Raddi: chemical composition, biological properties and toxicity. **Revista Brasileira de Plantas Medicinais**, v. 15, n. 1, p. 158-169, 2013.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2010. 644 p.

CESÁRIO, L.F.; GAGLIONE, M.C. Biologia floral e fenologia reprodutiva de *Schinus terebinthifolia* Raddi (Anacardiaceae) em Restinga do Norte Fluminense. **Acta Botanica Brasilica**, v. 22, n. 3, p. 828-833, 2008.

CHÁVEZ-PESQUEIRA, M.; SUÁREZ-MONTES, P.; CASTILLO, G.; NÚÑEZ-FARFÁN, J. Habitat fragmentation threatens wild populations of *Carica papaya* (Caricaceae) in a lowland rainforest. **American Journal of Botany**, v. 101, n. 7, p. 1092-1101, 2014.

CHAZDON, R.L.; HARVEY, C.A.; KOMAR, O.; GRIFFITH, D.M.; FERGUSON, B.G.; MARTÍNEZ-RAMOS, M.; MORALES, H.; NIGH, R.; SOTO-PINTO, L.; VAN BREUGEL, M.; PHILPOTT, S.M. Beyond reserves: a research agenda for conserving biodiversity in human-modified tropical landscapes. **Biotropica**, v. 41, n. 2, p. 142-153, 2009.

COLLEVATTI, R.G.; NABOUT, J.C.; DINIZ-FILHO, J.A.F. Range shift and loss of genetic diversity under climate change in *Caryocar brasiliense*, a Neotropical tree species. **Tree Genetics and Genomes**, v. 7, p. 1237-1247, 2011.

COLOMBO, A. F.; JOLY, C. A. Brazilian Atlantic Forest *lato sensu*: the most ancient Brazilian forest, and a biodiversity hotspot, is highly threatened by climate change. **Brazilian Journal of Biology**, v. 70, n. 3, p. 697-708, 2010.

COSTA, C.F.; COLLEVATTI, R.G.; CHAVES, L.J.; LIMA, J.S.; SOARES, T.N.; TELLES, M.P.C. Genetic diversity and fine-scale genetic structure in *Hancornia speciosa* Gomes (Apocynaceae). **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 72, p. 63-67, 2017.

COTA, L.G.; MOREIRA, P.A.; BRANDÃO, M.M.; ROYO, V.A.; JUNIOR, A.F.M.; MENEZES, E.V.; OLIVEIRA, D.A. Structure and genetic diversity of *Anacardium humile* (Anacardiaceae): a tropical shrub. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-13, 2017.

CRUZ NETO, O.; AGUIAR, A.V.; TWYFORD, A.D.; NEAVES, L.E.; PENNINGTON, R.T.; LOPES, A.V. Genetic and ecological outcomes of *Inga vera* Subsp. *affinis* (Leguminosae) tree plantations in a fragmented tropical landscape. **PLoS One**, v. 9, n. 6, p. 1-8, 2014.

DÉDA, R.M. **Indicadores biológicos para avaliação do status de desenvolvimento em área de povoamento misto em Mata Atlântica após 12 anos de plantio**. 2017. 70 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura e Biodiversidade) - Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão-SE, 2017.

DINIZ-FILHO, J.A.; COLLEVATTI, R.G.; CHAVES, L.J.; SOARES, T.N.; NABOUT, J.C.; RANGEL, T.F.; MELO, D.B.; LIMA, J.S.; TELLES, M.P. Geographic shifts in climatically suitable areas and loss of genetic variability in *Dipteryx alata* ("Baru" Tree; Fabaceae). **Genetics and Molecular Research**, v. 11, n. 2, p. 1618-26, 2012.

ELITH, J.; LEATHWICK, J.R. Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, v. 40, n. 1, p. 677-697, 2009.

- ELLEGREN, H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. **Nature Reviews Genetics**, v. 5, n. 6, p. 435-445, 2004.
- ELLSTRAND, N.C.; ELAM, D.R. Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 24, p. 217-242, 1993.
- EWELL, J.J.; OJIMA, D.S.; KARL, D.A.; DEBUSK, W.F. **Schinus in successional ecosystems of Everglades National Park. Florida**: National Park Service, 1982. 141 p.
- EZARD, T.H.G.; TRAVIS, J.M.J. The impact of habitat loss and fragmentation on genetic drift and fixation time. **Oikos**, v. 114, n. 2, p. 367-375, 2006.
- FALEIRO, F.G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.
- FALK, D.A.; KNAPP, E.E.; GUERRANT, E.O. **An Introduction to Restoration Genetics**. Washington: Plant Conservation Alliance, 2001. 32 p.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. **Global Forest Resources Assessment 2015. How are the world's forests changing?** Rome: FAO. 2016a. 45 p. Disponível em: < <http://www.fao.org/3/a-i4793e.pdf>>. Acesso em: 22 out. 2017.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Global Forest Resources Assessment 2015. Annual change in forest area (2010-2015)**. Rome: FAO. 2016b. Disponível em: <<http://www.fao.org/forest-resources-assessment/current-assessment/maps-and-figures/en/>>. Acesso em: 22 out. 2017.
- FERREIRA, P.I.; GOMES, J.P.; BATISTA, F.; BERNARDI, A.P.; COSTA, N.C.F.; BORTOLUZZI, R.L.C.; MANTOVANI, A. Espécies potenciais para recuperação de áreas de preservação permanente no Planalto Catarinense. **Floresta e Ambiente**, v. 20, n. 2, p. 173-182, 2013.
- FINGER, A.; KETTLE, C.J.; KAISER-BUNBURY, C.N.; VALENTIN, T.; MOUGAL, J.; GHAZOUL, J. Forest fragmentation genetics in a formerly widespread island endemic tree: *Vateriopsis seychellarum* (Dipterocarpaceae). **Molecular Ecology**, v. 21, n. 10, p. 2369-2382, 2012.
- FRANKHAM, R.; BRADSHAW, C.J.A.; BROOK, B.W. Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. **Biological Conservation**, v. 170, p. 56-63, 2014.
- FRANKLIN, I.R. Evolutionary change in small populations. In: SOULÉ, M.E.; WILCOX, B.A. (eds.). **Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective**. Sunderland: Sinauer, 1980. p. 135-149.
- FRANKLIN, J. **Mapping species distribution. Spatial inference and prediction**. New York: Cambridge, 2009. 336 p.

- GALETTO, L.; BERNADELLO, I.C.; ISELE, J.; VESPRINI, G.; SPERONI, G.; BERDUC, A. Reproductive biology of *Erythrina cristagalli* (Fabaceae). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 87, n. 2, p. 127-145, 2000.
- GANZHORN S.M.; PEREZ-SWEENEY, B.; THOMAS, W.W.; GAIOTTO, F.A.; LEWIS, J.D. Effects of fragmentation on density and population genetics of a threatened tree species in a biodiversity hotspot. **Endanger Species Research**, v. 26, n. 3, p. 189-199, 2015.
- GARRASTAZU, M.C.; MATTOS, P.P. Modelagem e distribuição geográfica. In: GOMES, L.J.; SILVA-MANN, R.; MATTOS, P.P.; RABBANI, A.R.C. **Pensando a biodiversidade: aroeira (*Schinus terebinthifolia* Raddi)**. São Cristóvão: Editora da UFS, 2013. 21-35 p.
- GEIGER, J.H.; PRATT, P.D.; WHEELER, G.S.; WILLIAMS, D.A. Hybrid vigor for the invasive exotic Brazilian peppertree (*Schinus terebinthifolia* Raddi., Anacardiaceae) in Florida. **Internation Journal of Plant Sciences**, v. 172, n. 5, p. 655-663, 2011.
- GELVIZ-GELVEZ, S.M.; PAVÓN, N.P.; ILLOLDI-RANGEL, P.; BALLESTEROS-BARRERA, C. Ecological niche modeling under climate change to select shrubs for ecological restoration in Central Mexico. **Ecological Engineering**, v. 74, p. 302-309, 2015.
- GONÇALVES, L. O.; PINHEIRO, J. B.; ZUCCHI, M. I.; SILVA-MANN, R. Caracterização genética de mulungu (*Erythrina velutina* Willd.) em áreas de baixa ocorrência. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 2, p. 290-298, 2014.
- GRANDO, C. **Sistema reprodutivo de *Piptadenia gonoacantha* (Mart.) Macbr (Fabaceae) e diversidade genética da espécie em área de restauração florestal**. 2015. 90 f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas-SP, 2015.
- GRANDO, C.; BAJAY, M.M.; BAJAY, S.K.; SCHWARCZ, K.D.; CAMPOS, J.B.; BRANCALION, P.H.S.; PINHEIRO, J.B.; RODRIGUES, R.R.; SOUZA, A.P.; ZUCCHI, M.I. Development and Characterization of Microsatellite Markers for *Piptadenia gonoacantha* (Fabaceae). **Applications in Plant Sciences**, v. 3, n. 2, p. 1-3, 2015.
- GUIDUGLI, M.C.; NAZARENO, A.G.; FERES, J.M.; CONTEL, E.P.B.; MESTRINER, M.A.; ALZATE-MARIN, A.L. Small but not isolated: a population genetic survey of the tropical tree *Cariniana estrellensis* (Lecythidaceae) in a highly fragmented habitat. **Heredity**, v. 116, n. 3, p. 339-347, 2016.
- GUISAN, A.; ZIMMERMANN, N.E. Predictive habitat distribution models in ecology. **Ecological Modelling**, v. 135, n. 2, p. 147-186, 2000.
- HANNAH, L. A global conservation system for climate-change adaptation. **Conservation Biology**, v. 24, n. 1, p. 70-77, 2010.
- HARTL, D.L.; CLARK, A.G. **Principles of population genetics**. Massachusetts: Sinauer Associates Sunderland, 1997. 659 p.
- HUFFORD, K.M.; MAZER, S.J. Plant ecotypes: genetic differentiation in the age of ecological restoration. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, n. 3, p. 147-155, 2003.

HUFFORD, K.M.; MAZER, S.J.; HODGES, S.A. Genetic variation among mainland and island populations of a native perennial grass used in restoration. **AoB Plants**, v. 6, 2013.

HUTCHINSON, G.E. Concluding Remarks. **Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology**, v. 22, p. 415-427, 1957.

INTERGOVERNAMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE - IPCC. Climate Change 2014. In: PACHAURI, R.K.; MEYER, L.A. (eds.). **Synthesis Report**. Geneva: IPCC, 2014. p.151.

JACKSON, S.T.; SAX, D.F. Balancing biodiversity in a changing environment: extinction debt, immigration credit and species turnover. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 25, n. 3, p. 153-160, 2010.

JESUS, B.C.; GOMES, L.J. Importância socioeconômica. In: GOMES, L.J.; SILVA-MANN, R.; MATTOS, P.P.; RABBANI, A.R.C. **Pensando a biodiversidade: aroeira (*Schinus terebinthifolia* Raddi)**. São Cristóvão: Editora da UFS, 2013. 36-53 p.

JOLY, A.B. **Botânica: introdução à taxinomia vegetal**. São Paulo: Companhia Editora Nacional. 2002, 372 p.

JOSÉ, A.C.; DAVIDE, A.C.; OLIVEIRA, S.L. Produção de mudas de aroeira (*Schinus terebinthifolia* Raddi) para recuperação de áreas degradadas pela mineração de bauxita. **Cerne**, v. 11, n. 2, p. 187-196, 2005.

JUDD, W.C. **Plant Systematics: a phylogenetic approach**. Sunderland: Sinauer Associates, 1999. 464 p.

KAGEYAMA, P.; GANDARA, F.B. Recuperação de áreas ciliares. In: RODRIGUES, R.R.; LEITÃO FILHO, H.F. (eds.). **Matas ciliares: Conservação e recuperação**. São Paulo: FAPESP, 2004. p. 249-269.

KAGEYAMA, P.; GANDARA, F.B. Revegetação de áreas ciliares. In RODRIGUES, R.R., LEITÃO-FILHO, H.F. (eds.). **Matas ciliares: conservação e recuperação**. São Paulo: Editora Universidade de São Paulo-USP, 2000. 1-40 p.

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

KASHYAP, V.K.; GUHA, S.; SITALAXIMI, T.; BINDU, G.H.; HASNAIN, S.E; TRIVED, R. Genetic structure of indian populations based on fifteen autosomal microsatellite locos. **BMC Genetics**, v. 7, p. 1-28, 2006.

KINDT, R.; MUCHUGI, A.; HANSEN, O.K.; KIPRUTO, H.; POOPLE, J.; DAWSON, I.; JAMNADASS, R. **Molecular markers for tropical trees: statistical analysis of dominant data**. Nairobi: World Agroforestry Centre, 2009. 161 p.

KRUKOFF, B.A.; BARNEBY, R.C. Conspectus of species of the genus *Erythrina*. **Lloydia**, v. 37, n. 3, p. 333-459, 1974.

LARA DE ANDRADE, S.; DA SILVA TRISTÃO, M.; MIGUEL, M.; GASPARI DIAS, J.; CARNEIRO GOMES, E.; MOURA BURCI, L.; DA SILVA PAULA, C. Fitoterápicos da relação nacional de medicamentos essenciais no Brasil. **Revista Cubana de Plantas Medicinales**, v. 22, n. 1, p. 1-8, 2017.

LEGUME PHYLOGENY WORKING GROUP - LPWG. Legume phylogeny and classification in the 21st century: Progress, prospects and lessons for other species-rich clades. **Taxon**, v. 62, n. 2, p. 217-248, 2013.

LEGUME PHYLOGENY WORKING GROUP - LPWG. A new subfamily classification of the Leguminosae based on a taxonomically comprehensive phylogeny. **Taxon**, v. 66, n. 1, p. 44-77, 2017.

LENZI, M.; ORTH, A.I. Fenologia reprodutiva, morfologia e biologia floral de *Schinus terebinthifolia* Raddi (Anacardeaceae), em restinga da Ilha de Santa Catarina, Brasil. **Biotemas**, v. 17, n. 2, p. 67-89, 2004.

LEWIS, G.P.; SCHIRE, B.D. (2003). Leguminosae or Fabaceae? In: KLITGAARD, B.B.; BRUNEAU, A. (eds.) **Advances in legume systematics**: part 2. Kew: Royal Britanic Garden. 2003. 1-3 p.

LEWIS, G.P.; SCHIRE, B.D.; MACKINDER, B.A.; RICO, L.; CLARK, R. A 2013 linear sequence of legume genera set in a phylogenetic context: A tool for collections management and taxon sampling. **South African Journal of Botany**, v. 89, p. 76-84, 2013.

LIMA, H.C. 2014. *Erythrina*. In: Lista de espécies da flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>>. Acesso em: 25 fev. 2016.

LLORENS, T.M.; BYRNE, M.; YAHTES, C.J.; NISTELBERGER, H.M.; COATES, D.J. Evaluating the influence of different aspect of habitat fragmentation on mating patterns and pollen dispersal in the bird-pollinated *Banksia sphaerocarpa* var. *caesia*. **Molecular Ecology**, v. 21, n. 2, p. 314-328, 2012.

LOPES, A.V.; GIRÃO, L.C.; SANTOS, B.A.; PERES, C.A.; TABARELLI, M. Long-term erosion of tree reproductive trait diversity in edge-dominated Atlantic forest fragments. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1154-1165, 2009.

LÓPEZ-ROBERTS, M.C.; BARBOSA, A.R.; QUEIROZ, L.P.; VAN DEN BERG, C. Microsatellite Markers for *Senna spectabilis* var. *excelsa* (Caesalpinioideae, Fabaceae). **Applications in Plant Sciences**, v. 4, n. 1, p. 1-3, 2016.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras. Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. São Paulo: Instituto Plantarum, 2008. 384 p.

LORENZI, H.; MATOS, F.J.A. **Plantas medicinais no Brasil**: nativas e exóticas cultivadas. São Paulo: Instituto Plantarum, 2002. 512 p.

MAIA, G. N. **Caatinga**: árvores e arbustos e suas utilidades. São Paulo: D&Z Computação Gráfica Editora, 2004. 413 p.

- MARTINS, M.V. **Filogenia do gênero *Erythrina* L. (Leguminosae, Papilionoideae, Phaseoleae) e revisão taxonômica das espécies ocorrentes no Brasil**. 2014. 185 f. Tese (Doutorado em Biologia Vegetal) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas-SP, 2014.
- MARTINS, K.; KIMURA, R.K.; FRANCISCONI, A.F.; GEZAN, S.; KAINER, K.; CHRISTIANINI, A.V. The role of very small fragments in conserving genetic diversity of a common tree in a hyper fragmented Brazilian Atlantic forest landscape. **Conservation Genetics**, v. 17, n.3, p. 509-520, 2016.
- MCDONALD, T.; GANN, G.D.; JONSON, J.; DIXON, K.W. **International standards for the practice of ecological restoration – including principles and key concepts**. Washington: Society for Ecological Restoration. 2016. 47 p.
- MCKAY, J. K.; CHRISTIAN, C. E.; HARRISON, S.; RICE, K. ‘How Local Is Local?’ - A Review of Practical and Conceptual Issues in the Genetics of Restoration. **Restoration Ecology**, v. 13, n. 3, p. 432-440, 2005.
- MELO, M.F.V.; GONÇALVES, L.O.; RABBANI, A.R.C.; ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; SILVA-MANN, R. Populations of *Erythrina velutina* Willd. at risk of extinction. **Genetic and Molecular Research**, v. 14, n. 3, p. 10298-10307, 2015.
- MIJANGOS, J.L.; PACIONI, C.; SPENCER, P.B.S.; CRAIG, M.D. Contribution of genetics to ecological restoration. **Molecular Ecology**, v. 24, n. 1, p. 22-37, 2015.
- MIJNSBRUGGE, K.V.; BISCHOFF, A.; SMITH, B. A question of origin: Where and how to collect seed for ecological restoration. **Basic and Applied Ecology**, v. 11, n. 4, p. 300-311, 2010.
- MUKHERJEE, A.; WILLIAMS, D.A.; WHEELER, G.S.; CUDAHY, J.P.; PAL, S.; OVERHOLT, W.A. Brazilian peppertree (*Schinus terebinthifolia*) in Florida and South America: evidence of a possible niche shift driven by hybridization. **Biological Invasions**, v. 14, n. 7, p. 1415-1430, 2012.
- MURCIA, C. Forest fragmentation and the pollination of neotropical plants. In Laurance, W.; Bierregaard, R. (eds.). **Tropical forest remnants: ecology, management and conservation of fragments communities**. University of Chicago Press, 1996. p. 19-36.
- NABOUT, J.C.; MAGALHÃES, M.R.; DE AMORIM GOMES, M.A.; DA CUNHA, H.F. The Impact of Global Climate Change on the Geographic Distribution and Sustainable Harvest of *Hancornia speciosa* Gomes (Apocynaceae) in Brazil. **Environmental Management**, v. 7, n. 4, p. 814-21, 2016.
- NEILL, D.A. Experimental studies on species relationships in *Erythrina* Leguminosae: Papilionoideae). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 75, p. 886-969, 1988.
- OLIVEIRA, E.J.; PÁDUA, J.G.; ZUCCHI, M.I.; VENCOVSKY, R.; VIEIRA, M.L.C. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, v. 9, n. 2, p. 294-307, 2006.

- PAULS, S.U.; NOWAK, C.; BÁLINT, M.; PFENNIGER, M. The impact of global climate change on genetic diversity within populations and species. **Molecular Ecology**, v. 22, n. 4, p. 925-946, 2013.
- PEARSON, R.G.; RAXWORTHY, C.J.; NAKAMURA, M.; PETERSON, A.T. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. **Journal of Biogeography**, v. 34, n. 1, p. 102-117, 2007.
- PELL, S.K.; MITCHELL, J.D.; MILLER, A.J.; LOBOVA, T.A. Anacardiaceae. In: Kubitzki, K. (ed.) **The families and genera of vascular plants. Flowering plants. Eudicots. Sapindales, Curcubitales, Myrtales**. Berlin: Springer, 2011. 7-50 p.
- PHILLIPS, S. J.; ANDERSON, R. P.; SCHAPIRE, R. E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling**, v. 190, n. 3-4, p. 231-259, 2006.
- PHILLIPS, S. Transferability, sample selection bias and background data in presence only modelling: a response to Peterson et al. (2007). **Ecography**, v. 31, n. 2, p. 272-278, 2008.
- PINHEIRO, F.; COZZOLINO, S.; DE BARROS, F.; GOUVEIA, T. M.Z.M.; SUZUKI, R.M.; FAY, M.F.; PALMA-SILVA, C. Phylogeographic structure and outbreeding depression reveal early stages of reproductive isolation in the neotropical orchid *Epidendrum denticulatum*. **Evolution**, v. 67, n. 7, p. 2024-2039, 2013.
- RAGUSA-NETTO, J. Exploitation of *Erythrina dominguezii* Hassl. (Fabaceae) nectar by perching birds in a dry forest in Western Brazil. **Revista Brasileira de Biologia**, v. 62, n. 4b, p. 877-883, 2002.
- RAMÍREZ, J.L.; CEVALLOS-FERRIZ, S.R.S. A diverse assemblage of Anacardiaceae from Oligocene sediments, Tepexi de Rodríguez, Puebla, Mexico. **American Journal of Botany**, v. 89, n. 3, p. 535-545, 2002.
- REDDY, P.M.; SARLA, A.; SIDDIQ, E.A. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. **Euphytica**, v. 128, n. 1, p. 9-17, 2002.
- RIBEIRO, M.C.; METZGER, J.P.; MARTENSEN, A.C.; PONZONI, F.J.; HIROTA, M.M. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1141-1153, 2009.
- RODRIGUES, N.B. **Variabilidade genética de populações de *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne e *Dipteryx alata* Vogel em áreas nativas e em plantios de recuperação de áreas degradadas em Paracatu, MG**. 2013. 113 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade de Brasília, Brasília-DF, 2013.
- RODRIGUES, P.M.S.; SILVA, J.O.; EISENLOHR, P.V.; SCHAEFER, C.E.G.R. Climate change effects on the geographic distribution of specialist tree species of the Brazilian tropical dry forests. **Brazilian Journal of Biology**, v. 75, n. 3, p. 679-684, 2015.
- RODRIGUES, R.; BRANCALION, P.; ISERNHAGEN, I. **Pacto pela restauração da Mata Atlântica: referencial dos conceitos e ações de restauração florestal**. São Paulo: LERF/ESALQ, 2009a, 256 p.

RODRIGUES, R.R.; GANDOLFI, S.; NAVE, A.G.; ARONSON, J.; BARRETO, T.E.; VIDAL, C.Y.; BRANCALION, P.H.S. Large-scale ecological restoration of high-diversity tropical forests in SE Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 261, n. 10, p. 1605-1613, 2011.

RODRIGUES, R.R.; LIMA, R.A.F.; GANDOLFI, S.; NAVE, A.G. On the restoration of high diversity forests: 30 years of experiences in the Brazilian Atlantic Forest. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1242-1251, 2009b.

SANTOS, B.A.; PERES, C.A.; OLIVEIRA, M.A.; GRILLO, A.; ALVES-COSTA, C.P.; TABARELLI, M. Drastic erosion in functional attributes of tree assemblages in Atlantic forest fragments of northeastern Brazil. **Biological Conservation**, v. 141, n. 1, p. 249-260, 2008.

SAZIMA, I.; SAZIMA, C.; SAZIMA, M. A catch-all leguminous tree: *Erythrina velutina* visited and pollinated by vertebrates at an oceanic island. **Australian Journal of Botany**, v. 57, p. 26-30, 2009.

SCHEER, M.; CARNEIRO, C.; BRESSAN, O.; DOS SANTOS, K. Crescimento inicial de quatro espécies florestais nativas em área degradada com diferentes níveis de calagem e adubação. **Floresta**, v. 47, n. 3, p. 279-287, 2017.

SCHMITZ, D.C.; SIMBERLOFF, D.; HOFSTETTER, R.H.; HALLER, W.; SUTTON, D. **The ecological impact of nonindigenous plants**. Washington: Island Press, 1997. 9-61 p.

SCHWARCZ, K.D. **Viabilidade genética de restaurações florestais: Diversidade e estrutura genética em *Myroxylon peruiferum* L.f.** 2014. 122 f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas-SP, 2014.

SCHWARCZ, K.D.; BAJAY, M.M.; MACRINI, C.M.; SALAZAR, V.L.; SOUZA, A.P.; PINHEIRO, J.B.; BRANCALION, P.H.; RODRIGUES, R.R.; ZUCCHI, M.I. Microsatellite markers for the Cabreúva tree, *Myroxylon peruiferum* (Fabaceae), an endangered medicinal species from the Brazilian Atlantic Forest. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 6920-6925, 2014.

SEBBENN, A.M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002.

SEBBENN, A.M. Sistemas de reprodução em espécies tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A.R.; SILVA, L.D. (Coord.). **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.

SEBBENN, A.M.; CARVALHO, A.C.M.; FREITAS, M.L.M.; MORAES, S.M.B.; GAINO, A.P.S.C.; SILVA, J.M.; JOLIVET, C.; MORAES, M.L.T. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, v. 106, n. 1, p. 134-145, 2011.

SEMAGN, K.; BJORNSTAD, A.; NDJIONDJOP, M. N. An overview of molecular marker methods for plants. **African Journal of Biotechnology**, v. 5, n. 25, p. 2540-2568, 2006.

SENZEN, U.U.; CHAZDON, R.L.; HOLSINGER, K.E. Genetic consequences of tropical second-growth forest restoration. **Science**, v. 307, n. 5711, p. 891, 2005.

SOCIETY FOR ECOLOGICAL RESTORATION - SER. Disponível em: <<http://www.ser.org/page/MissionandVision>>. Acesso em: 30 ago. 2017.

SGRÒ, C.M.; LOWE, A.J.; HOFFMANN, A.A. Building evolutionary resilience for conserving biodiversity under climate change. **Evolutionary Applications**, v. 4, n. 2, p. 326-337, 2011.

SILVA, A.H.; FONSECA, F.N.; PIMENTA, A.T.A.; LIMA, M.S.; SILVEIRA, E.R., VIANA, G.S.B.; VASCONCELOS, S.M.M.; LEAL, L.K.A.M. Pharmacognostical Analysis and Protective Effect of Standardized Extract and Rizonic Acid from *Erythrina velutina* against 6-Hydroxydopamine-Induced Neurotoxicity in SH-SY5Y Cells. **Pharmacognosy Magazine**, v. 12, n. 48, p. 307-312, 2016.

SILVA, K.B.; ALVES, E.U.; BRUNO, R.D.L.A.; MATOS, V.P.; GONÇALVES, E.P. Morphology of fruits, seeds and seedlings of *Erythrina velutina* Willd., Leguminosaeae Papilionoideae. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 30, n. 3, p. 104-114, 2008.

SILVA, M.P.P.; KAMINO, L.H.Y.; PÔRTO, K.C. Is the current network system of protected areas in the Atlantic Forest effective in conserving key species of bryophytes? **Tropical Conservation Science**, v. 7, n. 1, p. 61-74, 2014.

SILVA-LUZ, C.L.; PIRANI, J.R. Anacardiaceae. In Forzza, R.C. et al. (org.) **Catálogo de plantas e fungos do Brasil**. Rio de Janeiro: Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2010. 599-602 p.

SIMON, L.M.; OLIVEIRA, G.; BARRETO, B.S.; NABOUT, J.C.; RANGEL, T.F.L.V.B.; DINIZ-FILHO, J.A.F. Effects of global climate changes on geographical distribution patterns of economically importante plant species in Cerrado. **Revista Árvore**, v. 37, n. 2, p. 267-274, 2013.

SOUZA, E.M.S.; PEREIRA, G.S.; SILVA-MANN, R.; ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; FERREIRA, R.A. A comparative framework of the *Erythrina velutina* tree species in reforested land and native populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-11, 2016.

SOUZA, L.C.; JÚNIOR, A.L.S.; SOUZA, M.C.; KUNZ, S.H.; MIRANDA, F.D. Genetic diversity of *Plathymenia reticulata* Benth. in fragments of Atlantic Forest in southeastern Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-13, 2017.

SUJII, P.S.; SCHWARCZ, K.D.; GRANDO, C.; SILVESTRE, E.A.; MORI, G.M.; BRANCALION, P.H.S.; ZUCCHI, M.I. Recovery of genetic diversity levels of a Neotropical tree in Atlantic Forest restoration plantations. **Biological Conservation**, v. 211, p. 110-116, 2017.

SUJII, P.S.; SCHWARCZ, K.D.; GRANDO, C.; VALLE, G.E.; CAMPOS, J.B.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I. Isolation and characterisation of microsatellite markers for *Centrolabium tomentosum* (Fabaceae), a neotropical tree species widely used for Atlantic Rainforest restoration. **Conservation Genetics Resources**, v. 7, n. 3, p. 733-734, 2015.

- TABARELLI, M.; LOPES, A.V.; PERES, C.A. Edge-effects drive tropical forest fragments towards an early-successional system. **Biotropica**, v. 40, n. 6, p. 657-661, 2008.
- TAMBARUSSI, E.V.; SEBBENN, A.M.; MORENO, M.A.; FERRAZ, E.M.; KAGEYAMA, P.Y.; VENCOVSKY, R. Microsatellite markers for *Cariniana legalis* (Lecythidaceae) and their transferability to *C. estrellensis*. **Applications in Plant Sciences**, v. 1, n. 6, p. 1-3, 2013.
- THOMAS, E.; JALONEN, R.; LOO, J.; BOSHIER, D.; GALLO, L.; CAVERS, S.; BORDÁCS, S.; SMITH, P.; BOZZANO, M. Genetic considerations in ecosystem restoration using native tree species. **Forest Ecology and Management**, v. 333, p. 66-75, 2014.
- TÓTH, G.; GÁSPARI, Z.; JURKA, J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: Survey and analysis. **Genome Research**, v. 10, n. 7, p. 967-981, 2000.
- TURNER, I.M.; CORLETT, R.T. The conservation value of small, isolated fragments of lowland tropical rain forest. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 8, p. 330-333, 1996.
- VAZ, U.L.; CUNHA, H.F.; NABOUT, J.C. Trends and biases in global scientific literature about ecological niche models. **Brazilian Journal Biology**, v.75, n.4, p. 7-24, 2015.
- VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. **IPEF**, n. 35, p. 79-84, 1987.
- VENCOVSKY, R. Análise de variância de frequências alélicas. **Revista Brasileira de Genética**, v. 15, n. 1, p. 53-60, 1992.
- VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of Representativeness Used in Genetic Resources Conservation and Plant Breeding. **Crop Science**, v. 43, n. 6, p. 1912-1921, 2003.
- VIJAYAN, K. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in mulberry genome analysis. **International Journal of Industrial Entomology**, v. 10, n. 2, p. 79-86, 2005.
- VILLARD, M.A.; METZGER, J.P. REVIEW: beyond the fragmentation debate: a conceptual model to predict when habitat configuration really matters. **Journal of Applied Ecology**, v. 51, n. 2, p. 309-318, 2014.
- VINCETI, B.; LOO, J.; GAISBERGER, H.; VAN ZONNEVELD, M.J.; SCHUELER, S.; KONRAD, H.; KADU, C.A.C.; GEBUREK, T. Conservation priorities for *Prunus africana* defined with the aid of spatial analysis of genetic data and climatic variables. **PLoS ONE**, v.8, n.3, p.1-16, 2013.
- WILLIAMS, D.A.; MUCHUGU, E.; OVERHOLT, W.A.; CUDA, J.P. Colonization patterns of the invasive Brazilian peppertree, *Schinus terebinthifolia*, in Florida. **Heredity**, v. 98, n. 5, p. 284-293, 2007.
- WILLIAMS, D.A.; OVERHOLT, W.A.; CUDA, J.P.; HUGHES, C.R. Chloroplast and microsatellite DNA diversities reveal the introduction history of Brazilian peppertree (*Schinus terebinthifolia*) in Florida. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 12, p. 3643-3656, 2005.
- WOLFE, A. D. ISSR techniques for evolutionary biology. **Methods Enzymology**, v. 395, p.134-144, 2005.

WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, v.16, n.2, p.97-156. 1931.

ZIETKIEWICZ, E.; RAFALSKI, A.; LABUDA, D. Genome fingerprinting by simple sequence repeats (SSR)-anchored PCR amplification. **Genomics**, v. 20, n. 2, p. 176-183, 1994.

ZUCCHI, M.I.; SUJII, P.S.; MORI, G.M.; VIANA, J.P.G.; GRANDO, C.; SILVESTRE, E.D.A.; SCHWARCZ, K.D.; MACRINI, C.M.; BAJAY, M.M.; ARAÚJO, F.L.; SIQUEIRA, M.V.B.M.; ALVES-PEREIRA, A.; DE SOUZA, A.P.; PINHEIRO, J.B.; RODRIGUES, R.R.; BRANCALION, P.H.S. Genetic diversity of reintroduced tree populations in restoration plantations of the Brazilian Atlantic Forest. **Restoration Ecology**, p. 1-8, 2017.

4. ARTIGO 1

UM QUADRO COMPARATIVO DAS ÁRVORES DA ESPÉCIE *Erythrina velutina* EM ÁREA REFLORESTADA E EM POPULAÇÕES NATIVAS

Artigo publicado no periódico: *Genetics and Molecular Research*, 15 (2): gmr.15028534

RESUMO

Erythrina velutina Willd. (Fabaceae: Papilionoideae) é uma espécie pioneira encontrada em regiões tropicais e subtropicais do mundo que tem propriedades medicinais e que é usada em projetos de reflorestamento. Esta espécie é rara em algumas áreas do Nordeste do Brasil. Este estudo teve como objetivo caracterizar e comparar a estrutura genética de populações naturais e restaurada de *E. velutina*, com foco na coleta de sementes. Foi analisado um total de 108 indivíduos de cinco populações naturais e uma população restaurada utilizando marcadores ISSR, resultando em 407 fragmentos polimórficos. Observou-se uma elevada taxa de polimorfismo na população restaurada. A maior variabilidade genética foi identificada dentro das populações (82%). Teste de gargalo genético foi significativo para as populações naturais Carmópolis/Rosário do Catete e Laranjeiras, juntamente com a população restaurada Laranjeiras. As distâncias genéticas não foram significativamente correlacionadas com as distâncias espaciais. Apenas a população restaurada apresentou alelos exclusivos. Do mesmo modo, o aumento da distância genética foi observado em indivíduos da população restaurada em comparação com as outras populações. A variação genética observada em ambas as populações, naturais e restaurada de *E. velutina*, foi moderada permitindo a seleção de árvores divergentes para fornecimento de sementes. A proteção do ambiente e a gestão dessas áreas são necessárias para a manutenção desses indivíduos e posterior reprodução. Recomendamos sugestões para conservação de *E. velutina*, uma vez que o modelo de recuperação adotado neste estudo não promoveu o desenvolvimento da espécie até a fase reprodutiva de forma que aumentasse a oferta do banco de sementes do solo, como é sugerido por espécies pioneiras.

Palavras-chave: *Erythrina velutina*; Diversidade genética; Reflorestamento; ISSR.

ABSTRACT

Título: A comparative framework of the *Erythrina velutina* tree species in reforested land and native populations

Erythrina velutina Willd. (Fabaceae: Papilionoideae) is a pioneer species found in tropical and subtropical regions of the world that has medicinal properties and that is used in reforestation projects. This species is rare in some areas of northeastern Brazil. This study aimed to characterize and compare genetic structures of natural and restored populations of *E. velutina*, with a focus on the selection of tree seeds. A total of 108 individuals from five natural populations and one restored population were analyzed using ISSR markers, resulting in 407 polymorphic fragments. A high rate of polymorphism was observed in the restored population. The highest genetic variability was identified within populations (82%). Genetic bottleneck tests were significant for the Carmópolis/Rosário do Catete (CA) and Laranjeiras (LA) natural populations along with the Laranjeiras restored population (RP). Genetic distances no significantly correlated with spatial distance. Only the restored population retained unique alleles. Similarly, increased genetic distance was observed in individuals of the restored populations compared to the other populations. Observed genetic variation in both natural and restored populations of *E. velutina* was moderate, thus enabling selection of divergent trees from those trees supplying seeds. Environmental protection and management of these areas is necessary for the maintenance of these individuals and subsequent reproduction. We recommend suggestions for *E. velutina* conservation, since the restoration model adopted in this study did not promote the development of the specimens until the reproductive stage in a fashion that aims to augment the soil seed bank supply, as is suggested for pioneer species.

Key-words: *Erythrina velutina*, genetic diversity, reforestation, ISSR.

4.1. Introdução

Os efeitos das mudanças climáticas incluem consequências como perda de vegetação. Um dos derivados dos impactos das mudanças ambientais sobre espécies de plantas é a redução da diversidade genética em populações de plantas como resultado da seleção direcional, o que pode afetar o funcionamento do ecossistema e a resiliência (Bellard et al., 2012). Este cenário leva à necessidade de adoção de alternativas para minimizar o impacto causado pelo desmatamento como a elaboração de projetos de recomposição florestal. Em programas de reflorestamento utilizando espécies nativas, um ponto de fundamental importância é a origem genética das sementes (Sebbenn, 2002), pois parte da autossustentabilidade da população implantada se dará por meio da diversidade genética introduzida (Aitken et al., 2008; Pautasso, 2009). Entretanto, o material genético a ser implantado é raramente considerado nas práticas de restauração. A fragmentação das matas dificulta a seleção de árvores produtoras de sementes, uma vez que, a redução do tamanho da população pode favorecer o cruzamento entre indivíduos aparentados, assim como, resultar numa perda imediata de alelos (Young et al., 1996).

Estudos genéticos sobre as populações de árvores orientam a seleção de árvores produtoras de sementes, uma vez que estes estudos permitem a identificação das árvores geneticamente divergentes para coleta de sementes. Em áreas reflorestadas, estudos genéticos fornecem informações importantes para as medidas de gestão e conservação de uma determinada área restaurada, tornando essa área capaz de se manter conservada ao longo de gerações. Marcadores moleculares *Inter-simple sequence repeat* (ISSR) auxiliam nestes estudos devido à identificação de polimorfismo substancial. Seu uso em estudos genéticos de populações nativas tem sido eficaz (Gonçalves et al., 2014; Silva et al., 2014). Por outro lado, existem poucos estudos genéticos comparando populações restauradas e naturais.

Em regiões onde a fragmentação é severa, a coleta de sementes para recomposição florestal torna-se difícil, uma vez que o tamanho do fragmento pode influenciar na redução da

variabilidade genética, havendo a necessidade da busca por mais populações fornecedoras de sementes. Em Sergipe, estado do Nordeste do Brasil com extensão territorial de 21,918,493 km², mais de 89% dos fragmentos totais de mata tem tamanhos menores que 50 hectares.

Erythrina velutina Willd. é uma espécie amplamente conhecida pertencente ao gênero *Erythrina* (Fabaceae - Papilionoideae), que é popularmente conhecido como mulungu. É mais comum em regiões tropicais e subtropicais do mundo (Vasconcelos et al., 2003). Atualmente, existem mais de 130 *Erythrina* spp., das quais, pelo menos, 70 são nativas das Américas (Oliveira et al., 2012). É amplamente utilizada em projetos de reflorestamento no Nordeste do Brasil, porque é uma espécie pioneira, capaz de fixação de nitrogênio e de boa resistência à seca (Lorenzi, 2008). A espécie tem valor econômico significativo devido às propriedades medicinais (Oliveira et al., 2012; Saraiva et al., 2015). No entanto, é rara em algumas regiões do Brasil devido à intensa exploração e supressão de áreas de ocorrência natural. Estudos realizados no estado de Sergipe identificaram 20 indivíduos em uma área protegida de 100 ha (10 km e 100 m de extensão) (Gonçalves et al., 2014; Melo et al., 2015).

Poucos estudos avaliam a diversidade genética de indivíduos nas áreas populacionais restauradas e naturais. Este é o primeiro estudo realizado em Sergipe. *E. velutina* foi selecionada para o estudo por esta ser usada frequentemente em projetos de reflorestamento, por ter valor medicinal significativo e apresentar-se em caráter de raridade em algumas regiões do estado. Portanto, o objetivo deste estudo foi medir e comparar a variação genética das populações de *E. velutina* em áreas naturais e restaurada, a fim de definir estratégias de manejo e conservação, bem como para identificar indivíduos geneticamente superiores para a coleta de sementes.

4.2. Material e Métodos

4.2.1. Áreas do estudo e material vegetal

Indivíduos de *E. velutina* (N = 108) foram amostrados de uma população restaurada e de cinco populações naturais (Tabela 1; Figura 1). A população restaurada Laranjeiras (RP) é cercada por produção de cana, uma fábrica de cimento, pastagem e mata ciliar fragmentada, esta área foi implantada em 2005. A população natural Laranjeiras (LA) está localizada dentro de uma fazenda particular cercada por pastagens. A população natural Carmópolis/Rosário do Catete (CA) está localizada ao longo de uma estrada e ao lado de campos de produção de cana-de-açúcar e fábricas de potássio. As populações naturais Pinhão (PI) e Lagarto (LR) estão perto de campos de pastagem. Finalmente, a população natural Santana do São Francisco (SF) está localizada ao longo das margens do Rio São Francisco, Área de Preservação Permanente, perto de pastos e terras agrícolas.

O material vegetal dos indivíduos adultos de cada população foi coletado para posterior extração de DNA genômico, como descrito por Nienhuis et al. (1995) com modificações.

Amostragem na área restaurada foi realizada em 30 parcelas (20 m x 30 m cada), cada uma separada por 127 m. Apenas doze parcelas continham árvores de *E. velutina*. Em áreas naturais, a coleção foi aleatória, de acordo com Kageyama e Gandara (1999).

4.2.2. Amplificação via PCR

Foram utilizados oito *primers* ISSR (Tabela 2). A amplificação por PCR foi realizada em termociclador PTC-100 (MJ Research Inc., Quebec, Canadá) como se segue: desnaturação inicial a 94°C durante 90 s; 35 ciclos de desnaturação a 94°C durante 45 s; anelamento a uma temperatura indicada para cada iniciador, durante 30 s; extensão a 72°C durante 90 s; e uma extensão final a 72°C durante 5 min. Os fragmentos foram visualizados em gel de agarose a 1,5% (TBE 1X: Tris 89 mM, ácido bórico 89 mM, EDTA 2,5 mM, pH 8,3) em um sistema de eletroforese horizontal (Loccus Biotecnologia HCL 20 x 25) a 120 V durante 2 horas. O gel foi corado com o corante GelRed® (Biotium) e amplificação de produtos foram visualizados sob luz UV.

4.2.3. Análise dos dados

Os fragmentos ISSR gerados foram usados para obter uma matriz binária de presença (1) ou ausência (0). Fragmentos com coloração inferior e baixa resolução não foram incluídos na análise. O número ideal de fragmentos foi estimado pelo *software* GENES (Cruz, 2013) usando a população com o menor número de indivíduos, de modo a obter o valor de estresse.

O *software* POPGENE (versão 1.32) (Yeh et al., 1999) foi usado para caracterizar a variabilidade genética. A diversidade genética de Nei (H), a percentagem de loci polimórficos ($P\%$) e Índice de Shannon (I) foram estimados para cada população e para o conjunto de populações. O mesmo programa foi utilizado para analisar o fluxo de genes (Nm), com 1000 permutações. O *software* Bottleneck 1.2.02 (Cornuet e Luikart, 1996) foi utilizado para determinar o efeito dos gargalos genéticos nas populações naturais e restaurada, utilizando o modelo de alelos infinito (IAM) com 1000 repetições.

A variação genética dos indivíduos dentro e entre populações foi avaliada por análise de variância molecular (AMOVA) com o *software* GenAlEx versão 6.5 (Peakall e Smouse, 2012), com um valor de reamostragem de 9.999. O mesmo programa foi utilizado para analisar a distância genética (F_{ST}), o número de alelos exclusivos e as coordenadas principais (PCoA) dentro de populações.

O *software* NTSYS 2.1pc (Rohlf, 2002) foi usado para a construção de um dendrograma pelo método de agrupamento UPGMA para a representação simplificada das distâncias genéticas (F_{ST}) entre as seis populações de *E. velutina*. O teste de Mantel foi conduzido de modo a identificar correlação entre a distância genética e espacial.

4.3. Resultados

4.3.1. Polimorfismo detectado por análise ISSR

O valor do estresse calculado para a menor população (LR) foi 0,0123 e a correlação 0,995, constatando a estabilidade entre o número de *primers* utilizados e o número de fragmentos obtidos.

A utilização dos oitos *primers* ISSR resultou em taxas relativamente altas de polimorfismo para os 108 indivíduos de *E. velutina* (Tabela 2). A porcentagem de polimorfismo produzida por cada *primer* variou entre 70,833% e 100%. Foi obtido um total de 479 fragmentos, dos quais 407 são fragmentos polimórficos (84,968%). O número de fragmentos variou entre 48 e 78, e a variação para fragmentos polimórficos foi de 34 a 78. O *primer* MAO foi o que obteve maior número de fragmentos (78), e todos estes polimórficos. Os *primers* UBC 807 obteve menor número de fragmentos e menor polimorfismo em relação aos demais utilizados no estudo (Tabela 2).

4.3.2. Diversidade e estrutura genética

A Tabela 3 mostra os parâmetros genéticos a nível de população. Quatro parâmetros apresentaram variabilidade genética moderada para as populações. A população RP apresentou as maiores taxas ($N_A = 1,9651$; $N_e = 1,6176$; $H = 0,3559$, $I = 0,5277$ e $P = 96,51\%$), enquanto que a população natural SF obteve as menores taxas de variação genética ($N_A = 1,4767$; $N_e = 1,2834$; $H = 0,1633$; $I = 0,2440$ e $P = 47,67\%$). Alelos exclusivos só foram identificados na população plantada (RP). O teste de gargalo genético para alelos infinitos (IAM) foi significativo ($P < 0,01$) para CA, LA, e RP, com 52 ($P = 0,00076$) 54 ($P = 0,00030$) e 66 ($P = 0,00000$) locos (respectivamente) com excesso de heterozigotidade.

A posição dos dados multivariados (PCoA; Figura 2) para as duas primeiras coordenadas principais explicou 18,27% da variabilidade total. Os indivíduos LA7, LA8 e LA10 tiveram a maior distância genética.

A análise de variância molecular (AMOVA) revelou variância genética significativa ($P < 0,01$) entre e dentro das populações de *E. velutina* (Tabela 4). A variação genética dentro das populações foi responsável por 82% da variação total. O índice de diversidade genética entre

as populações (F_{ST}) foi 0,184, indicando diferenciação genética moderada. Nm foi estimado em 1,7893, sugerindo alto fluxo gênico entre as populações de *E. velutina*.

4.3.3. Similaridade genética

As comparações de diferenciação genética (F_{ST}) de pares de população de *E. velutina* (Tabela 5) foram realizadas utilizando o método UPGMA (Figura 3). As populações RP e CA foram as mais similares com 11,2% de diferenciação genética, enquanto as populações naturais LA e SF foram as mais divergentes (35,8% de diferenciação genética). A população natural LA apresentou maior diferenciação genética.

Os indivíduos da população RP obtiveram os maiores valores de distância genética (16 a 47%). Os indivíduos mais distantes geneticamente foram RP1 e RP15, enquanto RP16 e RP18 foram os indivíduos mais similares na população. A população natural LA também mostrou altos níveis de distância genética entre os indivíduos (11 a 47%). O par mais distante dos indivíduos foram LA8 e LA22, e os pares mais similares foram LA1 e LA2, e LA20 e LA21. A população SF apresentou os indivíduos mais semelhantes geneticamente, e os valores variaram de 5% (SF9 e SF5) a 28% (SF6 e SF12). Os valores na população PI variaram de 8% (PI11 e PI16) a 31% (PI18 e PI21). Na população CA a variação foi de 9% (CA19 e CA20) a 36% (CA9 e CA19). Por fim, na população LR, os valores variaram entre 15% (LR3 e LR6, e LR3 e LR7) a 40% (LR1 e LR5). Não houve correlação significativa entre distâncias genéticas e geográficas entre todas as populações ($r = 0.05791$; $t = 0,1498$; $P = 0,5595$).

4.4. Discussão

Apesar do conhecimento da importância da restauração genética na autossustentabilidade das áreas restauradas, existem poucos estudos realizados neste contexto (Dolan et al., 2008; Ritchie e Krauss, 2012; Cruz Neto et al., 2014). Este é o primeiro estudo que avalia e compara a diversidade genética de *E. velutina* em área restaurada e populações naturais. No presente trabalho, foi observado alto polimorfismo (479 bandas ISSR, dos quais 407 foram polimórficos). Estes valores concordam com o valor relatado por Colombo et al. (2000), que recomendam 50 a 100 fragmentos como suficientes para estimar relações genéticas dentro e entre populações de espécies de plantas. Os valores estimados do Índice de Shannon (I) neste estudo para as populações naturais SF e PI foram menores (0,2440 e 0,3716, respectivamente) do que os valores obtidos por Melo et al. (2015) (0,34 e 0,41).

O elevado polimorfismo observado para a população RP em relação às populações naturais nos permite alcançar um dos objetivos do reflorestamento de uma área, que é o aumento da variabilidade genética dos indivíduos implantados, de acordo com as diversas fontes de sementes utilizadas para o estabelecimento das plantas na área. Os baixos valores observados para SF é uma consequência do impacto negativo da pressão humana sobre essa população, que está localizada em uma área muito fragmentada (Álvares-Carvalho et al., 2015) ao lado das margens do Rio São Francisco, um grande rio brasileiro. Este rio é extremamente relevante, pois tem impacto direto na oferta de alimentos, inclusive como fonte de peixes e água de irrigação agrícola por cinco estados brasileiros (Minas Gerais, Bahia, Pernambuco, Sergipe e Alagoas). É recomendada a restauração utilizando mudas de *E. velutina* na população SF (Santana do São Francisco), uma vez que a raridade de *E. velutina* nesta área é devido ao pequeno tamanho da população e baixa diversidade genética.

A maior parte da diversidade genética observada foi distribuída dentro das populações (82%). Este padrão era esperado, uma vez que o intervalo de valores dentro das populações é geralmente mais elevado em espécies perenes de reprodução cruzada (Hu et al., 2010). Sugerimos também que a autoincompatibilidade pode contribuir para essa observação em populações de *E. velutina*, já que em outras espécies, *E. falcata*, também foi relatado tal ocorrência de incompatibilidade (Etcheverry e Alemán, 2005). A média de divergência genética entre as populações de *E. velutina* ($F_{ST} = 0,184$) foi inferior à que geralmente é obtida para as

espécies alógamas e pioneiras (Nybom, 2004). No entanto, este resultado foi influenciado pelos reduzidos valores de diversidade da população RP, população derivada da população natural CA. A análise de agrupamento confirmou similaridade genética entre as populações RP e CA.

Houve um significativo fluxo gênico entre as populações, embora o valor observado corresponde ao fluxo gênico que ocorreu no passado (fluxo gênico histórico). Devido à origem das sementes, a identidade e frequências de alelos em RP foram semelhantes às populações naturais, especialmente a população CA. Isto significa a provável fragmentação histórica de uma única população ou metapopulação (Raposo et al., 2007).

A ocorrência de alelos exclusivos na população RP contribuiu para a diferenciação entre as populações (F_{ST}). No entanto, o desaparecimento destes alelos exclusivos da população é possível desde que os indivíduos com estes alelos sejam removidos da área, um evento que pode ser possível devido à fragilidade da população. Outra possibilidade para a extinção alélica surge a partir do carácter pioneiro da espécie, que tende a desaparecer naturalmente do sistema quando as espécies climáticas são estabelecidas. Por exemplo, alguns indivíduos na população RP haviam morrido dentro de 10 anos de implantação e, portanto, não adicionou sementes ao banco de sementes do solo. Um modelo para futuras restaurações utilizando *E. velutina* precisa considerar a autossustentabilidade da espécie e reverter a característica de raridade da espécie.

As populações RP, LA e CA exibiram um número significativo de locos com excesso de heterozigosidade, sugerindo assim um gargalo genético. A detecção de efeito de gargalo é importante para a conservação. Estudos anteriores demonstraram que depressão endogâmica, perda de diversidade genética e fixação de alelos deletérios pode reduzir a probabilidade de persistência da população (Frankham, 1995). Para a população RP, um efeito de afunilamento pode ser relacionado com efeito fundador, devido à seleção dos indivíduos fundadores com relativa baixa variação genética.

Sebben (2002) recomenda a coleta de sementes de 25 indivíduos de uma ou mais populações fragmentadas para reflorestamento de áreas menores que 100 hectares. No entanto, esta recomendação muitas vezes não é aplicável para um estado tão pequeno como Sergipe, uma vez que existem poucas áreas restauradas, a maioria pequena, isolada e com baixa densidade de espécies. No entanto, o estudo genético de indivíduos de populações restauradas e naturais é uma ferramenta para ajudar na seleção das árvores geneticamente distintas, mesmo de pequenos fragmentos, a fim de obter sementes para futuros projetos de reflorestamento.

A restauração ecológica faz uso de conceitos multidisciplinares, incluindo a biodiversidade e heterogeneidade de habitats, resiliência e sustentabilidade. Um dos objetivos da restauração ecológica é chegar à sucessão ecológica em um local restaurado. Embora com aspectos semelhantes de estrutura, composição e função, a restauração difere em dimensão e tempo. A sucessão é limitada a um determinado ecossistema, e pode durar entre 10 e 200 anos. A restauração inclui escalas maiores, como os ecossistemas adjacentes, bacias hidrográficas e paisagens, e concentra-se em períodos entre 1 e 20 anos, ou a duração da atividade humana no projeto (Walker et al., 2007).

Fatores como a chuva de sementes e o banco de sementes do solo podem ser usados para examinar o estabelecimento de uma espécie implantada e o começo da sucessão ecológica da espécie em uma área restaurada. Espécies classificadas como pioneiras formam um banco de sementes do solo e são encontradas em áreas com diferentes condições climáticas e do solo. A presença destas espécies está relacionada com aberturas ou clareiras no dossel da floresta, já que a luz é essencial para a germinação das sementes e desenvolvimento das plântulas (Budowski, 1965).

Neste estudo, a área foi restaurada com espécies nativas da Mata Atlântica distribuídas em um sistema de quincôncio, em que um tipo de grupo de sucessão não-pioneiro é distribuído entre quatro pioneiras em um espaçamento de 3 m x 3 m. Árvores de *E. velutina* que estavam fora das parcelas foram analisadas, enquanto que a área menos densa dentro das parcelas tem continuado a desenvolver. A ocorrência de sementes no solo não foi observada entretanto, era provável sua ocorrência devido esta ser uma das características de espécies de sucessão inicial.

Em relação às limitações do estudo, é possível que a interferência humana em todas as áreas do estudo, mesmo em áreas de preservação permanente, possa ter alterado a observação.

Finalmente, para projetos de restauração de Floresta Atlântica incorporando *E. velutina*, recomendamos que o monitoramento do banco de sementes do solo ocorra de 5 a 10 anos após a implantação, a fim de garantir que a espécie tem um estoque de sementes no solo. Além disso, e com base nesses resultados, medidas de gestão, como o desbaste seletivo que incentiva o desenvolvimento das árvores e produção de sementes, devem ser adotadas.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade (Universidade Federal de Sergipe), ao Instituto Federal de Sergipe (IFS) e à Empresa Votorantim Cimentos S/A (Cimento Sergipe - Cimesa S/A).

4.5. Referências Bibliográficas

- Aitken SN, Yeaman S, Holliday JA, Wang T, et al. (2008). Adaptation, migration or extirpation: climate change outcomes for tree populations. *Evol. Appl.* 1: 95-111.
- Álvares-Carvalho SV, Duarte JF, Carvalho D, Pereira GS, et al. (2015). *Schinus terebinthifolia*: population structure and implications for its conservation. *Biochem. Syst. Ecol.* 58: 120-125.
- Bellard C, Bertelsmeier C, Leadley P, Thuiller W, et al. (2012). Impacts of climate change on the future of biodiversity. *Ecol. Lett.* 15: 365-377.
- Budowski GN (1965). Distribution of tropical American rain forest species in the light of succession processes. *Turrialba* 15: 40-42.
- Colombo C, Second G and Charrier A (2000). Diversity within American cassava germplasm based on RAPD markers. *Genet. Mol. Biol.* 23: 189-199.
- Cruz CD (2013). GENES - a *software* package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci.* 35: 271-276.
- Cruz Neto O, Aguiar AV, Twyford AD, Neaves LE, et al. (2014). Genetic and ecological outcomes of *Inga vera* subsp. *affinis* (Leguminosae) tree plantations in a fragmented tropical landscape. *PLoS One* 9: e99903.
- Cornuet JM and Luikart G (1996). Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144: 2001-2014.
- Dolan RW, Marr DL and Schnabel A (2008). Capturing genetic variation during ecological restorations: an example from Kankakee Sands in Indiana. *Restor. Ecol.* 16: 386-396.
- Etcheverry AV and Alemán CET (2005). Reproductive Biology of *Erythrina falcata* (Fabaceae: Papilionoideae). *Biotropica* 37: 54-63.
- Frankham R (1995). Inbreeding depression: a threshold effect. *Conserv. Biol.* 9: 792-799.
- Gonçalves LO, Pinheiro JB, Zucchi MI and Silva-Mann R (2014). Caracterização genética de mulungu (*Erythrina velutina* Willd.) em áreas de baixa ocorrência. *Rer. Ciênc. Agron.* 45: 290-298.
- Hu Y, Wang L, Xie X, Yang J, et al. (2010). Genetic diversity of wild populations of *Rheum tanguticum* endemic to China as revealed by ISSR analysis. *Biochem. Syst. Ecol.* 38: 264-274.
- Kageyama PY and Gandara FB. (1999). Restauração, conservação genética e produção de sementes. In: Simpósio Mata Ciliar: Ciência e Tecnologia. p. 59-68.
- Lorenzi H (2008). Árvores brasileiras. Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 5th edn. Instituto Plantarum, São Paulo.
- Melo MFV, Gonçalves LO, Rabbani ARC, Álvares-Carvalho SV, et al. (2015). Populations of *Erythrina velutina* Willd. at risk of extinction. *Genet. Mol. Res.* 14: 10298-10307.
- Nienhuis J, Tivang J, Sckroch P and Santos JB (1995). Genetic relationships among cultivars and lines of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 120: 300-306.

- Nybom H (2004). Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Mol. Ecol.* 13: 1143-1155.
- Oliveira MSG, Aquino AB, Silva DL, Aquino PGV, et al. (2012). Antinociceptive and anti-inflammatory activity of hydroalcoholic extracts and fractions from *Erythrina mulungu*. *Braz. J. Pharmacog.* 22: 157-161.
- Pautasso M (2009). Geographical genetics and the conservation of forest trees. *Perspect. Plant Ecol.* 11: 157-189.
- Peakall R and Smouse PE (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Mol. Ecol. Notes* 28: 2537-2539.
- Raposo A, Martins K, Ciampi, AY, Wadt LHO, et al. (2007). Diversidade genética de populações de andiroba no Baixo Acre. *Pesq. Agro. Bras.* 42: 1291-1298.
- Ritchie AL and Krauss SL (2012). A genetic assessment of ecological restoration success in *Banksia attenuata*. *Restor. Ecol.* 20: 441-449.
- Rohlf F (2002). NTSYS-pc Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.01. Exeter Publishing Ltd., Setauket.
- Saraiva ME, Ulisses AVRA, Ribeiro DA, Oliveira LGS, et al. (2015). Plant species as a therapeutic resource in areas of the savanna in the state of Pernambuco, Northeast Brazil. *J. Ethnopharmacol.* 171: 141-153.
- Sebbenn AM (2002). Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. *Rev. Inst. Flor.* 14: 115-132.
- Silva AVC, Freire KCS, Léo AS and Rabanni ARC (2014). Diversity and genetic structure of jenipapo (*Genipa americana* L.) Brazilian accessions. *Sci. Agric.* 71: 345-355.
- Vasconcelos SMM, Oliveira GR, Carvalho MM, Rodrigues ACP, et al. (2003). Antinociceptive activities of the hydroalcoholic extracts from *Erythrina velutina* and *Erythrina mulungu* in mice. *Biol. Pharm. Bull.* 26: 946-949.
- Walker LR, Walker J and Hobbs RJ (2007). Linking Restoration and Ecological Succession. Springer, New York.
- Yeh FC, Yang RC and Boyle T (1999). POPGENE: Microsoft window-based freeware for population genetic analysis release 1.32. University of Alberta, Edmonton.
- Young AG, Boyle T and Brown T (1996). The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends Ecol. Evol.* 11: 413-418.

Tabela 1. Número de indivíduos (*n*), localização geográfica e altitude de populações de *Erythrina velutina* Willd. Sergipe, Brasil.

Código	Município	Uso da terra	<i>n</i>	Latitude e Longitude	Elevação (m)
População natural					
LA	Laranjeiras	Pastagem	22	10°50'00.8"S 37°11'29.1"W	60
CA	Carmópolis/Rosário do Catete	Cultura da cana-de-açúcar	21	10°40'23.9"S 37°01'42.3"W	23
PI	Pinhão	Pastagem	21	10°32'36.2"S 37°38'33.4"W	215
SF	Santana do São Francisco	PPA*	12	10°18'16.8"S 36°35'25.7"W	9
LR	Lagarto	Pastagem	9	10°55'11.3"S 37°39'17.5"W	168
População restaurada					
RP	Laranjeiras	Cultura da cana-de-açúcar	23	10°49'10.0"S 37°09'36.0"W	16
Total			108		

* Área de Preservação Permanente

Tabela 2. Temperatura de anelamento do *primer* (T_m), número de fragmentos (NF), número de fragmentos polimórficos (NFP) e porcentagem de polimorfismo gerada por cada *primer* para *Erythrina velutina* Willd.

<i>Primer</i>	Sequência 5' - 3'	T_m (°C)	NF	NFP	<i>P%</i>
UBC 807	(AG) 8-T	43	48	34	70,833
UBC 808	(AG) 8-C	47	48	43	89,583
UBC 809	(AG) 8-G	48	60	53	88,333
UBC 811	(GA) 8-C	45	64	59	92,187
UBC 825	(AC) 8-T	47	53	45	84,905
GOOFY	(GT) 7-YG	48	60	46	76,666
MAO	(CTC) 4-RC	45	78	78	100,000
OMAR	(GAG) 4-RC	47	68	49	72,058
Total			479	407	
Média			59,875	50,875	

R = purina (A ou G) e Y = pirimidina (C ou T).

Tabela 3. Número de amostras (n), locos polimórficos (K), número de alelos (N_A), número de alelos efetivos (N_e), diversidade genética de Nei (H), Índice de Shannon (I) e porcentagem de locos polimórficos ($P\%$) em populações de *Erythrina velutina* Willd.

População	n	K	N_A	N_e	H	I	$P\%$
Natural							
LA	22	73	1,8488	1,5262	0,3026	0,4496	84,88
CA	21	70	1,8140	1,5111	0,2921	0,4336	81,40
PI	21	62	1,7209	1,4365	0,2499	0,3716	72,09
SF	12	41	1,4767	1,2834	0,1633	0,2440	47,67
LR	9	66	1,7674	1,5020	0,2827	0,4169	76,74
Restaurada							
RP	23	83	1,9651	1,6176	0,3559	0,5277	96,51
Total	108		1,7654	1,6247	0,3573	0,5308	76,55

Tabela 4. Análise da variância molecular (AMOVA) de 108 indivíduos de *Erythrina velutina* Willd.

Varição	g.l.	SQ	QM	%	F_{ST}	P
Entre populações	5	303,488	60,698	18	0,184	0,000
Dentro de populações	102	1240,512	12,162	82		
Total	107	1544,000		100		

g.l. = grau de liberdade; SQ = soma de quadrados; QM = média de quadrados.

Tabela 5. Valores de distância genética (F_{ST}) (abaixo da diagonal) e distância geográfica (km) (acima da diagonal) entre pares de populações de *Erythrina velutina* Willd.

População	RP	LA	CA	PI	SF	LR
RP	-	3,760	21,830	62,230	62,020	54,520
LA	0,139	-	25,290	60,160	59,960	50,580
CA	0,112	0,230	-	69,330	69,110	73,100
PI	0,155	0,267	0,133	-	117,760	42,970
SF	0,191	0,358	0,138	0,205	-	134,050
LR	0,114	0,184	0,117	0,150	0,249	-

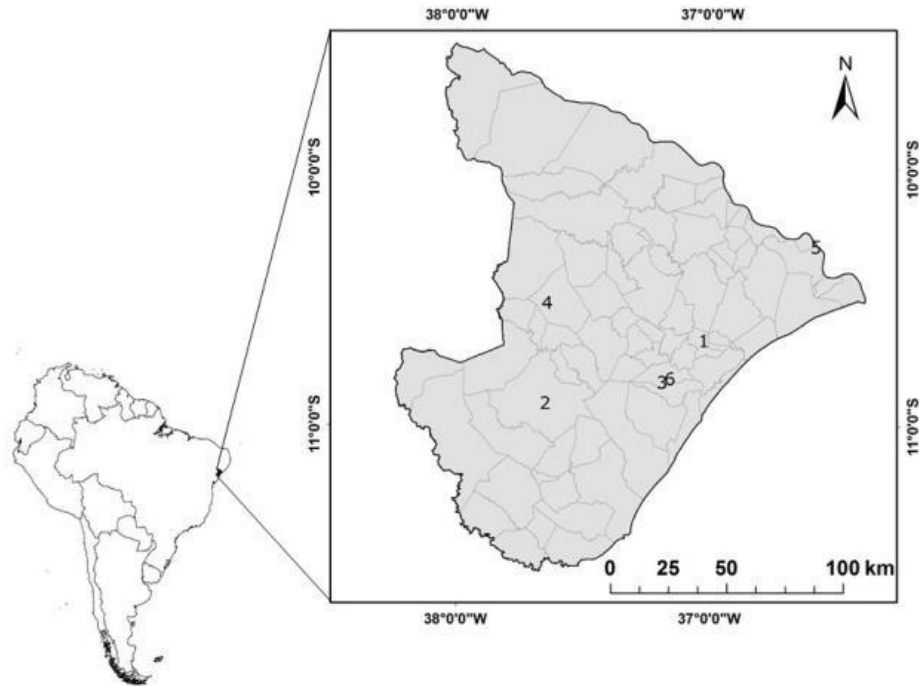


Figura 1. Mapa de localização das populações de *Erythrina velutina* Willd. (Natural: 1. Carmópolis; 2. Lagarto; 3. Laranjeiras; 4. Pinhão; 5. Santana do São Francisco e 6. Restaurada). Sergipe, Brasil.

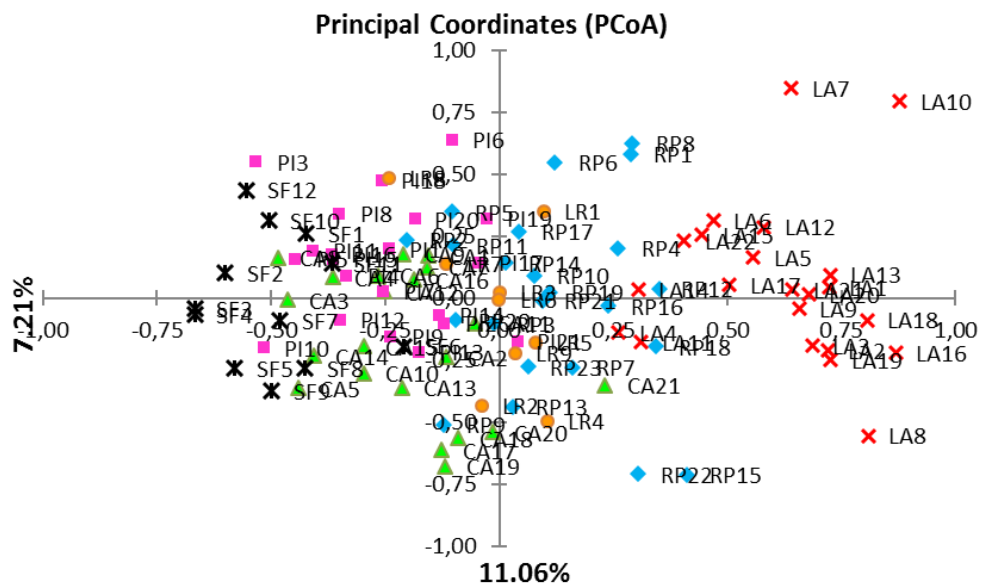


Figura 2. Coordenadas principais de 108 indivíduos de seis populações de *Erythrina velutina* Willd. (LA: Laranjeiras, CA: Carmópolis, PI: Pinhão, SF: Santana do São Francisco, LR: Lagarto e RP: Restaurada), Sergipe, Brasil.

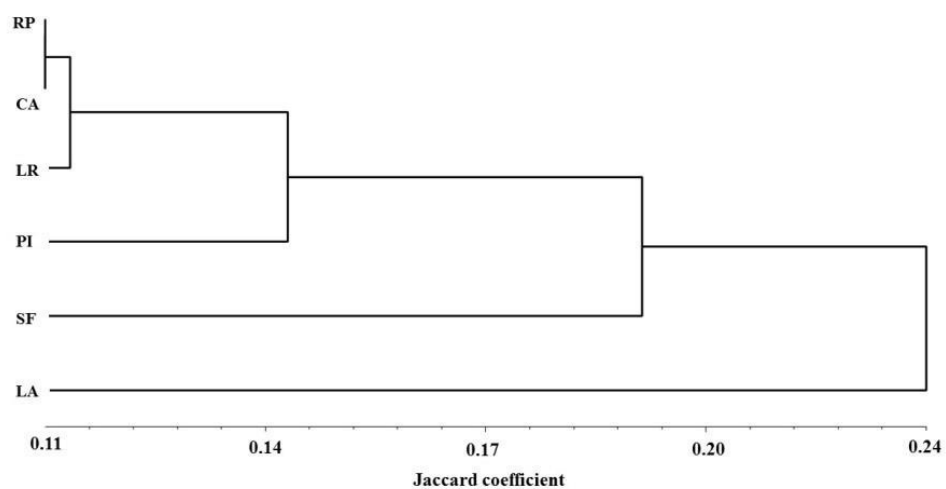


Figura 3. Dendrograma gerado usando o método de ligação média não ponderada (UPGMA) para diferentes populações de *Erythrina velutina* Willd. baseado na F_{ST} .

5. ARTIGO 2

***Erythrina velutina* Willd.: ESTRATÉGIAS DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA SOB CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS E DA PAISAGEM**

RESUMO

Erythrina velutina é uma espécie pioneira usada em projetos de restauração de ecossistemas. Porém, em Sergipe as populações fontes de sementes encontram-se ameaçadas pela ação antrópica, contribuindo para raridade da espécie. Estudos genéticos de populações florestais que estão associados à modelagem de distribuição de espécies, auxiliam na identificação de novas populações para amostragem de sementes e áreas prioritárias para reflorestamento. O presente estudo avaliou a diversidade genética e a distribuição da espécie, sob cenários futuros de mudanças climáticas e da paisagem. Marcadores ISSR foram utilizados para caracterizar a diversidade genética de *E. velutina* de cinco populações nativas. A modelagem de distribuição de espécies foi feita para o presente e para o ano de 2050. No futuro, haverá uma expansão das áreas com alta adequação ambiental para o desenvolvimento da espécie *E. velutina*, porém o fator humano continuará sendo a maior ameaça para a autossustentabilidade da espécie. As populações apresentam uma diversidade genética moderada e podem servir como fonte produtora de sementes para novas áreas. A população de Laranjeiras é uma Unidade Operacional de Conservação, mas exige manutenção da diversidade, pois está sob a influência de um gargalo genético recente. A conservação de *E. velutina* deve ser baseada na conectividade entre as populações remanescentes e as novas áreas de restauração com a espécie.

Palavras-chave: Adequação ambiental, coleta de sementes, *in situ*, marcadores moleculares, modelagem de distribuição de espécies, Unidades de Conservação.

***Erythrina velutina* Willd.: STRATEGIES FOR CONSERVATION UNDER SCENARIOS OF CLIMATE CHANGE**

ABSTRACT

Erythrina velutina is a pioneer species used in ecosystem reforestation. However, in the state of Sergipe (Brazil) are endanger by anthropic action, contributing to the species' rarity. Genetic studies of forest populations that are associated with the species distribution modelling aid in the identification of new populations for seed sampling and priority areas for reforestation. Thus, the present study evaluated the diversity and distribution of *E. velutina* under future scenarios of climatic and landscape changes. ISSR markers were used to characterise the genetic diversity of *E. velutina* from five native populations. The species distribution modelling was done for the present and for the year 2050. In the future, there will be an expansion of areas with a high environmental suitability for the development of *E. velutina*, but the human factor will continue being to greatest threat to the self-sustainability of the species. The populations have a moderate genetic diversity and may serve as a source of seeds for new areas. The Laranjeiras population is an Operational Unit of Conservation, but it requires diversity maintenance, since it is under the influence of a recent genetic bottleneck. The conservation of *E. velutina* should be based on the connectivity between the remaining populations and the new areas of restoration with the species.

Key-words: Environmental suitability, seed collection, *in situ*, molecular markers, specie distribution modelling, Conservation Units.

5.1. Introdução

As alterações climáticas contínuas tendem a alterar vários aspectos da biodiversidade, incluindo distribuição de padrões, fenologia e diversidade tanto entre e dentro das espécies (PARMESAN, 2006). No nível intraespecífico, a mudança climática, combinada com outros distúrbios antropogênicos, como o desmatamento, contribuem para a redução da população (WANG et al., 2015), afetando a diversidade genética, a plasticidade fenotípica, bem como os padrões de migração para ambientes adequados (BELLARD et al., 2012). Todos esses impactos contribuem para reduzir a viabilidade da população, exigindo a adoção de medidas para mitigar tais impactos.

Para a conservação do germoplasma, o que, quando e onde coletar semente e material genético é um aspecto crítico, principalmente considerando que alguns fragmentos apresentam diversidade genética reduzida. Idealmente, esta prática deve ser mais econômica em termos de tempo e custo, mas também deve abranger as áreas mais importantes para a prospecção de estudos genéticos, coleta de sementes e reflorestamento, além de possibilitar estratégias de conservação *in situ* e *ex situ*. A este respeito, uma ferramenta particularmente útil pode ser a modelagem de distribuição de espécies (MDE). Essa abordagem constitui um conjunto de técnicas computacionais que visam prever áreas de ocorrência potencial e estimam os impactos na distribuição de espécies causadas por mudanças no ambiente, em cenários climáticos passados, presentes e futuros (FRANKLIN, 2010). Ao combinar conhecimento sobre possíveis áreas de ocorrência e distribuição genética de espécies, é possível priorizar e criar áreas para conservação (Unidades de Conservação), bem como identificar Unidades Evolutivas e Unidades Operacionais para gerenciamento e proteção local da biodiversidade. De fato, devido à relevância e utilidade desta abordagem, o interesse neste campo de pesquisa aumentou nos últimos anos no Brasil (OLIVEIRA et al., 2012; COLLEVATTI et al., 2013; SANTOS et al., 2014; SILVA et al., 2014; MARENGO e BERNASCONI et al., 2015).

O Brasil é a parte mais representativa da América do Sul que exibe o maior número de espécies (11 spp.) de *Erythrina* (LIMA, 2014). As espécies deste gênero são conhecidas por

produzir alcaloides, flavonoides e isoflavonoides (CARVALHO et al., 2009). No entanto, algumas espécies merecem atenção especial devido à sua raridade em algumas regiões. Este é o caso da espécie *Erythrina velutina* Willd. (Fabaceae: Papilionoideae) no estado de Sergipe, no Nordeste do Brasil. Estudos indicam a presença de apenas vinte indivíduos em uma área de 100 ha às margens do rio São Francisco e que estes apresentam diversidade genética reduzida (GONÇALVES et al., 2014; SOUZA et al., 2016). Dentro do gênero, esta espécie é a mais conhecida no Brasil. Tem uma distribuição pantropical e é a única do subgênero *Erythraster* do Brasil que ocorre na região da floresta seca da Caatinga (KRUKOFF e BARNEBY, 1974; LORENZI, 2008). Em Sergipe, *E. velutina* é distribuída predominantemente no bioma Caatinga, com ocorrência provável na Mata Atlântica. No entanto, devido à exploração madeireira para a produção de tamancos e brinquedos, suas populações diminuíram consideravelmente, o que pode comprometer a autossustentabilidade genética das populações remanescentes (MELO et al., 2015).

Apesar da importância socioeconômica da espécie *E. velutina*, apenas alguns estudos abordaram sua conservação genética, a maioria concentrada em Sergipe (GONÇALVES et al., 2014; SOUZA et al., 2014; MELO et al., 2015; SOUZA et al., 2016). No entanto, nenhum estudo abordou a conservação desta espécie sob cenários de mudanças climáticas. Devido à sua raridade atual, erosão genética prevista em algumas populações, potencial de reflorestamento e produção de fármacos, esta espécie foi alvo de pesquisadores de diferentes áreas, incluindo ciência genética, silvicultura, ecologia e conservação. Neste trabalho, combinamos informações sobre diversidade genética e previsão de distribuição de espécies através da MDE para prever os impactos prováveis das mudanças climáticas em curso e estrutura da paisagem na distribuição das populações de *E. velutina* em Sergipe. O objetivo do trabalho foi auxiliar com estratégias para a gestão e conservação da espécie, bem como identificar potenciais novas áreas para a futura coleta de sementes e materiais genéticos.

5.2. Material e Métodos

5.2.1 Região de estudo, amostragem e parâmetros genéticos

O estudo foi realizado no estado de Sergipe, no Nordeste do Brasil, cuja extensão territorial é de 21.910,35 km² (SEMARH, 2014). O estado é drenado por oito bacias hidrográficas, do Rio São Francisco, Rio Vaza Barris, Rio Real, Rio Japarutuba, Rio Sergipe, Rio Piauí, Grupo da Bacia Costeira 1 (GC1) e Grupo da Bacia Costeira 2 (GC2). De acordo com a classificação climática de Köpper-Geiger, o estado de Sergipe tem clima Aw (tropical com estação seca) e um clima BSh (semiárido).

Obtivemos, por meio de oito *primers* ISSR (UBC 807, UBC 808, UBC 809, UBC 811, UBC 825, GOOFY, MAO e OMAR), parâmetros genéticos de 85 indivíduos que foram amostrados aleatoriamente de cinco populações nativas. Estas populações são produtores de sementes para projetos de restauração e estão localizadas em uma paisagem antrópica. O entorno da área da população Laranjeiras (LA) é destinado a pastagem, plantio de cana-de-açúcar e exploração de minérios para produção de cimento. A população Lagarto (LR) situa-se em área de urbanização e estradas. A população Carmópolis/Rosário do Catete (CA) é cercada por plantio de cana-de-açúcar. No entorno das populações Pinhão (PI) e Santana do São Francisco (SF) ocorre o predomínio de pastagem e, nesta última, o processo de ocupação humana ocorreu nas vegetações ciliares. O tamanho das amostras nas populações variou de 9 a 22 indivíduos (Tabela 1).

Para cada população, analisamos o número de alelos (N_a), o número de alelos efetivos (N_e), a diversidade genética de Nei (H_e), as porcentagens de loci polimórficos ($P\%$), o índice de diversidade de Shannon (I) e o número de migrantes totais (N_m), para pares de populações, através do uso do *software* POPGENE (Versão 1.31) (YEH et al., 1999). O *software* Bottleneck 1.2.02 (CORNUET e LUIKART, 1996) foi utilizado para determinar os efeitos do gargalo genético nas populações, utilizando o modelo de alelos infinitos (IAM) com 1.000 repetições

($P < 0,05$, teste de Wilcoxon). A variação genética dos indivíduos dentro e entre as populações foi avaliada por uma análise da variância molecular (AMOVA) usando o *GenAIEx Software* Versão 6.5 (PEAKALL e SMOUSE, 2012) com reamostragem de 9.999. A diferenciação genética entre as populações (F_{ST}), a presença de alelos exclusivos e a correlação entre a distância genética e espacial (teste de Mantel) foram determinadas.

Com base no método Bayesiano de agrupamento, com o auxílio do *Software Structure* v. 2.3.3 (HUBISZ et al., 2009), foram realizadas análises da estrutura genética das populações. Os indivíduos foram agrupados probabilisticamente de acordo com seus genótipos em k populações. O conjunto de parâmetros assumiu o modelo ‘admixture’ com frequências de alelos correlacionadas e as simulações realizadas em *burn-in* de 100.000 repetições. O número de grupos (Δk) foi determinado de acordo com o *Software Structure Harvester* (EARL e VONHOLDT, 2012).

A análise da estrutura genética espacial (EGE) dos genótipos dentro de cada população foi estimada pelo coeficiente de parentesco multiloco (F_{ij}) entre os pares de indivíduos para as diferentes classes de distância. Para as estimativas do F_{ij} , o Programa SPAGeDI, Versão 1.5a, foi utilizado (HARDY e VEKEMANS, 2002). O erro padrão da média das estimativas foi obtido por reamostragem jackknife. Os intervalos de confiança foram construídos a 95% da probabilidade nos coeficientes coestimados médios para as classes à distância. Para testar a ocorrência de estrutura genética espacial em cada classe de distância, foram realizadas 1.000 permutações.

5.2.2 Modelagem de distribuição de *E. velutina*

Os registros de ocorrência de *E. velutina* em Sergipe ($N = 85$) foram obtidos da base de dados speciesLink e de estudos publicados (GONÇALVES et al., 2014; MELO et al., 2015; SOUZA et al., 2016). Para representar as configurações climáticas atuais e futuras (2050), obtivemos variáveis climáticas da base de dados WorldClim (HIJMANS et al., 2005) com resolução espacial de 1 km². Seleccionamos variáveis que, em conjunto, o coeficiente de correlação de Pearson foi $< 0,85$. O tratamento dos dados foi realizado com o *software* ENMTools 1.3 (WARREN et al., 2010). Também incluímos camadas de solo e elevação, que foram obtidas no site do Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (DPI/AMBDATA). A camada do Índice Global de Influência Humana (HII) (WILDLIFE CONSERVATION SOCIETY e CENTER FOR INTERNATIONAL EARTH SCIENCE INFORMATION NETWORK, 2005) contribuiu para inferir sobre os impactos humanos ao meio ambiente e como eles afetariam a distribuição das espécies.

A MDE foi realizada com o algoritmo e *software* MaxEnt (Versão 3.3.3k; PHILLIPS et al., 2006). Os dados foram organizados em 75% para o treino e em 25% para o teste com procedimento de inicialização de 10 vezes (YANG et al., 2013). Os valores de adequação contínua foram então convertidos em uma estimativa binária (0 e 1) da adequação do habitat por meio de um limite determinado pela “presença mínima de treinamento” (PEARSON et al., 2007). As contribuições para cada variável foram avaliadas através do procedimento de reamostragem jackknife. Os resultados do modelo foram avaliados pela AUC, área sob a curva de características operacionais do receptor (ROC) (PHILLIPS et al., 2006). Os valores da AUC entre 0,5 - 0,7 foram considerados baixos, entre 0,7 - 0,9 moderados e acima de 0,9 altos (FRANKLIN, 2010). O valor P do teste de probabilidade binomial também foi verificado para inferir na significância dos modelos.

As distribuições potenciais de *E. velutina* em 2050 foram avaliadas em um cenário de concentração de gases de efeito estufa (Caminho de Concentração Representativa - RCP 4,5). Foram utilizados três modelos diferentes de circulação geral (GCM), o Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization and Bureau of Meteorology (ACCESS 1.0), Community Climate System Model (CCSM4) e o Met Office Hadley Centre and the National Institute for Space Research (HadGEM2CC). Os GCM's foram baixados do site WorldClim para o período 2050 (média 2041 - 2060) e foram baseados nas mesmas variáveis bioclimáticas

que foram usadas para gerar o modelo de distribuição atual de *E. velutina*. Devido à falta de um modelo de Índice de Influência Humana Global (HII) para 2050, o mesmo foi usado como se estivesse no tempo presente.

Foram obtidos três mapas para previsões futuras da ocorrência de *E. velutina*, juntamente com um mapa consensual para a apresentação do resultado final. O mapa consensual foi uma representação das áreas previstas que eram comuns entre os modelos utilizados.

Após a elaboração do presente e dos futuros mapas de distribuição potenciais, as áreas de adequação ambiental foram filtradas com base no formato de uso e na ocupação do solo, conforme elaborado pela Secretaria de Estado do Meio Ambiente e dos Recursos Hídricos de Sergipe - SEMARH (SERGIPE, 2014). Para obter as previsões mais precisas para a realidade atual do estado de Sergipe, as áreas de pastagem, agricultura, dunas, manguezais, áreas degradadas, áreas industriais e cursos de água foram removidas, correspondendo 85,66% (18.768,82 km²) da área.

Para verificar as possíveis áreas de ocorrência de *E. velutina* nas áreas protegidas (UCs - Unidades de Conservação), os *shapefiles* das UC's foram sobrepostos aos mapas de previsão. Os *shapefiles* foram obtidos da SEMARH. Sergipe tem 1.111,58 km² de áreas protegidas, o que equivale a aproximadamente 5% do seu território. Uma área de 4% (aproximadamente 876,41 km²) do estado de Sergipe não foi amostrada, uma vez que está localizada em áreas costeiras e é formada por pântanos. Portanto, partes das áreas das UC's não foram incluídas na modelagem (678,15 km²). Os cálculos foram realizados com base na área que foi amostrada das UC's (433,44 km²).

5.3. Resultados

5.3.1 Genética de populações

A população LA apresentou os maiores valores de variabilidade genética e a população SF apresentou os valores mais baixos. Não houve identificação de alelos exclusivos em nenhuma das cinco populações. O teste de gargalo genético para o modelo de alelos infinitos (IAM) foi significativo ($P < 0,05$) para LA, com 54 loci ($P = 0,036$) com excesso de heterozigosidade (Tabela 2).

A análise da variância molecular (AMOVA) revelou variância genética significativa ($P = 0,000$) entre e dentro das populações. A maior variação genética foi dentro das populações (78%). O índice de diversidade genética entre as populações (F_{ST}) foi de 0,216, indicando uma diferenciação genética moderada. As populações de LA e SF foram as populações com maiores valores de F_{ST} e, conseqüentemente, com menor N_m (Tabela 3). Não houve correlações significativas entre as distâncias genéticas e geográficas ($r = -0,074$ e $P = 0,159$).

A população LR apresentou uma distribuição aleatória dos genótipos em todas as classes à distância. O coeficiente de parentesco (F_{ij}) foi negativo nas populações CA, LA, PI e SF, com distâncias entre as árvores de 87 m, 79 m, 52 m e 37 m, respectivamente (Figura 1).

O método de agrupamento bayesiano detectou a ocorrência de $\Delta k = 5$. A maioria dos indivíduos nas populações SF e CA (88,4% e 52,6%, respectivamente) pertenciam a $k = 1$. Para as populações de PI e LR, 72,2% e 39,0% de seus indivíduos, respectivamente, pertenciam a $k = 2$. Os indivíduos da população LA pertenciam principalmente (67,9%) a $k = 3$, enquanto que $k = 4$ e $k = 5$ obtiveram as percentagens mais baixas dos indivíduos (Figura 2A).

5.3.2 Modelagem de distribuição de *E. velutina*

A simulação de áreas potenciais para *E. velutina* no período atual foi significativa ($P < 0,05$), com valores elevados de AUC (0,894), que indicaram uma precisão moderada do modelo (Franklin 2010). As variáveis selecionadas descreveram a distribuição potencial da espécie no estado de Sergipe. As variáveis do tipo de solo, o Índice Global de Influência Humana (HII), bem como a Sazonalidade de Precipitação (bio15), contribuíram mais ao explicar a adequação de áreas para *E. velutina* no estado de Sergipe, tanto para o presente como para o cenário futuro,

destacando o HII. A informação aumentou sua contribuição para cenários futuros. A soma da contribuição dessas variáveis foi superior a 84% para a geração de cada modelo (presente e futuro) (Tabela 4).

Sergipe tem aproximadamente 43,53% de suas áreas com adequação ambiental para a ocorrência de *E. velutina* (9.537,40 km²), que são distribuídas em três regiões climáticas (úmida, ecótono e semiárido). A maior parte da área de transição tem solos de argisol vermelho-amarelo, neolítico litólico eutrófico, cambisol háplico e espodossolo ferrocárbico (Figura 2A). Depois de filtrar as áreas baseadas no uso e ocupação da terra, o número de áreas adequadas para o desenvolvimento da espécie foi reduzido para 6,25% (1.369,98 km²) da área total (Figura 2B). Os indivíduos no estudo genético estavam localizados em áreas de adequação ambiental média a alta.

Atualmente, apenas 34,13% (147,92 km²) das áreas totais das UC's (Monumento Natural Grota do Angico, Área de Proteção Ambiental Litoral Norte, Área de Proteção Ambiental Litoral Sul, Refúgio da Vida Silvestre Mata do Junco, Parque Nacional Serra de Itabaiana e Floresta Nacional do Ibura) têm adequação ambiental para a ocorrência desta espécie. No entanto, para o futuro (2050), há uma tendência de aumentar essas áreas em até 83,13% (360,34 km²) (Figura 2A e Figura 2C).

Para os cenários futuros, os três modelos de distribuição potencial de *E. velutina* foram significativos ($P < 0,05$). Os valores da AUC variaram de 0,881 a 0,896, apresentando uma precisão moderada a alta. De acordo com o modelo consensual para o futuro, Sergipe poderá apresentar 67,05% (14.692,24 km²) de áreas com adequação ambiental para a espécie. No entanto, com base no uso e ocupação da terra, apenas 11,31% (2.477,61 km²) das áreas do estado serão adequadas para o desenvolvimento das espécies.

Ao comparar os cenários atuais (Figura 2A e Figura 2B) e futuro (Figura 2C e Figura 2D), haverá uma expansão de áreas com alta previsão de adequação ambiental para a espécie da costa sul do estado de Sergipe ao norte, destacando as áreas ao longo do Rio São Francisco, juntamente com o ecótono de Sergipe.

5.4. Discussão

Por meio do estudo da MDE foi observado que as variáveis tipo solo e Índice Global de Influência Humana são as que mais contribuíram para a geração dos modelos de distribuição potencial presente e futuro. As áreas adequadas para a ocorrência de *E. velutina* coincidem com os solos aptos para agricultura e pastagem (argisol vermelho-amarelo, neolítico litólico eutrófico e cambisol háplico) (EMBRAPA, 2006), o que contribui para a supressão das populações remanescentes, tornando cada vez mais rara a sua ocorrência no estado de Sergipe (GONÇALVES et al., 2014; MELO et al., 2015; SOUZA et al., 2016). Áreas de florestas fragmentadas em estágio secundário também são aptas a ocorrência de *E. velutina* porém, a sua ocorrência natural pode ser dificultada dependendo do estrato arbóreo, uma vez que a espécie é pioneira, ocorrendo preferencialmente em locais ensolarados (BUDOWSKI, 1965).

Além dos fatores abióticos, a capacidade de dispersão (fluxo de genes) também influencia a ocorrência e o padrão de distribuição da espécie (WISZ et al., 2012), uma vez que é por meio do fluxo gênico que os efeitos da deriva genética são contidos (BURCZYK et al., 2004). Entretanto, as atividades humanas, que levam à fragmentação das florestas, podem resultar em uma ruptura dos processos ecológicos e genéticos, como perda de variabilidade genética e diminuição do tamanho efetivo da população, interferindo na persistência das populações (AGUILAR et al., 2008). Outros estudos com *E. velutina* no estado de Sergipe corroboram com os dados obtidos nesta pesquisa, como o número reduzido de indivíduos das populações fornecedoras de sementes devido à antropização destas áreas, destacando a população da região do Baixo São Francisco (SF) com os menores índices de diversidade genética (MELO et al., 2015; SOUZA et al., 2016). Nesta população, o número reduzido de indivíduos e de diversidade genética deve-se, principalmente, ao processo de ocupação humana

que ocorreu nas vegetações ciliares promovendo o isolamento dos fragmentos (SOUZA et al., 2014).

A combinação da MDE com estudos genéticos pode elucidar algumas lacunas para futuras projeções, por exemplo, prevendo a possível persistência de populações de plantas sob futuras mudanças ambientais. Um estudo sobre o impacto das mudanças climáticas nos próximos 50 anos sobre a persistência da espécie e a diversidade genética de *Caryocar brasiliense*, uma espécie endêmica do Cerrado brasileiro, verificou a redução da diversidade genética e o número de alelos quando a adequação ambiental diminuiu, trazendo consequências para a conservação da espécie (COLLEVATTI et al., 2011).

A diversidade genética dos remanescentes exerce papel importante para as populações porque fornece a base para a plasticidade fenotípica, adaptação local, bem como adaptabilidade às mudanças nas condições ambientais, incluindo mudanças climáticas (DAVIS e SHAW, 2001). Foi observado que a diversidade genética (H_e) foi moderada para a maioria das populações, exceto para a população SF, quando comparado com outras espécies arbóreas da região (GOIS et al., 2014). As populações de LA e SF apresentam atualmente um número significativo de locos com heterozigosidade excessiva e deficiente, respectivamente, indicando um gargalo genético recente. Para LA, isto é decorrente da redução do tamanho da população devido a expansão das áreas agrícolas (cana-de-açúcar) e exploração mineral, e para SF por pastagem, levando à deriva alélica em ambas as populações. Se os indivíduos com alelos ligados à resistência para ambientes mais quentes e mais secos forem perdidos devido ao gargalo genético, provavelmente haverá um impacto na manutenção dessas duas populações (LA e SF).

Um trabalho avaliando a autossustentabilidade das populações naturais SF e PI, por meio de indicadores de sustentabilidade ecológicos e genéticos, foi desenvolvido (SOUZA et al., 2014). Mediante os valores médios de diversidade genética ($H_e = 0,51$) e Índice de Shannon ($I = 0,55$) entre as populações, estas tendem a serem autossustentáveis devido à manutenção da diversidade genética. Entretanto, estas populações necessitam de estratégias para sua conservação, já que a espécie está sujeita à grande pressão antrópica. Este resultado pode ser corroborado com os dados da MDE deste estudo, em que a variável Índice Global de Influência Humana é a que mais contribuiu para a geração dos modelos de adequação ambiental para *E. velutina* no estado de Sergipe até o ano de 2050.

O uso da MDE também é importante para guiar os pesquisadores do estado na escolha das novas populações fontes de sementes. Em combinação com dados de caracterização genética das novas populações de *E. velutina*, seria possível a implantação de novas áreas com alta diversidade genética, como também o enriquecimento genético das populações remanescentes por meio de novas combinações de genes potencialmente capazes de responder às mudanças ambientais. Nesta pesquisa, observamos que a maioria das populações, com exceção da LR, apresentou um coeficiente de parentesco multiloco positivo (F_{ij}) nas primeiras classes de distância, o que leva a necessidade de evitar a coleta de sementes em plantas próximas (aparentadas). No entanto, às vezes é difícil coletar sementes na distância recomendada por uma análise de coancestria, devido ao baixo número de plantas de uma população. Poderíamos exemplificar a população CA, cuja população tinha apenas 21 indivíduos e a distância recomendada era superior a 87 m entre as plantas. Isto reforça a necessidade de coletar sementes em outras populações. Um estudo genético realizado com a mesma espécie em uma população restaurada no estado de Sergipe inferiu que a alta diversidade genética implantada foi devido à coleta de sementes em diversas populações (SOUZA et al., 2016). Esta área pode servir como fonte de sementes da espécie para futuros projetos de reflorestamento e enriquecimento genético de populações remanescentes.

De acordo com a análise Bayesiana, foram formados cinco grupos genéticos. Indivíduos das populações de SF e CA compartilham, em maioria, dos mesmos alelos, sendo, portanto, populações geneticamente próximas ($F_{ST} = 0,138$ e $N_m = 3,000$), o mesmo vale para as populações em PI e LR ($F_{ST} = 0,150$ e $N_m = 3,575$). A população LA possui estrutura genética distinta das demais e pode ser uma potencial unidade operacional de conservação. Estas cinco

populações por apresentarem alto fluxo gênico histórico ($N_m = 1,168$ a $4,600$) podem ter sido no passado metapopulações, estando conectadas entre si compartilhando alelos. Todas as populações, mesmo com poucos indivíduos, apresentam potencial para coleta de sementes para projetos de restauração em todo o estado. Ao estudar *Copaifera langsdorffii* Desf. (Fabaceae) em pequenos remanescentes de Mata Atlântica, foi observado que o fluxo gênico não contribuiu para evitar a redução da diversidade genética e o aumento da endogamia ao longo das gerações. Entretanto, estes fragmentos são alvos valiosos para conservação *in situ* de *C. langsdorffii* por conterem indivíduos com alta diversidade genética que podem ser utilizados como matrizes de sementes para planos de restauração com esta espécie, o que reforça a necessidade de sua conservação (MARTINS et al., 2016).

Assim, mediante o aumento da pressão antrópica sobre as áreas de remanescentes florestais do estado de Sergipe, ao número reduzido de indivíduos de *E. velutina* nas populações e a moderada diversidade genética contida nestas áreas, planos de conservação devem ser elaborados resguardando o patrimônio genético atual e possibilitando o potencial evolutivo da espécie.

Uma estratégia de conservação das populações naturais remanescentes de *E. velutina* seria a seleção de sites de restauração com base na conectividade paisagística (corredores ecológicos) restabelecendo metapopulações, em que seriam selecionadas áreas para reflorestamento com a espécie baseada nos mapas de adequação ambiental gerados pela MDE. Como haverá aumento de áreas aptas para o desenvolvimento de *E. velutina* até o ano de 2050 no estado de Sergipe, as áreas prioritárias para a instalação dos projetos seriam áreas degradadas, sem interesse agrícola e pecuário, além de áreas destinadas à criação de Reservas Legais.

O sistema de plantio deve favorecer o estabelecimento da espécie, uma vez que *E. velutina* é pioneira. Em áreas cujo objetivo é o enriquecimento genético, além da interligação das populações por meio de corredores ecológicos, o plantio poderá ser realizado em áreas de clareiras ou bordaduras. A conectividade com as Unidades de Conservação aptas à ocorrência de *E. velutina* deverá ser priorizada, uma vez que estas áreas visam proteger a diversidade genética das espécies, sendo domínios prioritários para conservação e coleta de sementes para enriquecimento genético das atuais populações, caso seja comprovada a ocorrência da espécie e mediante o estudo genético destes indivíduos.

O estabelecimento de populações com alta diversidade genética pode ser útil para apoiar a persistência de populações naturais, uma vez que os fragmentos de restauração podem atuar como nós de conectividade de paisagem e novas fontes de alelos para populações pequenas e isoladas (ZUCCHI et al., 2017).

Agradecimentos

Esta pesquisa foi apoiada pelo Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade (Universidade Federal de Sergipe - UFS), Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe (IFS) e Empresa Votorantim Cimentos - S/A. O SFG é apoiado pelas bolsas CNPq (Proc.303180 / 2016-1 e Proc. 402469 / 2016-0).

5.5. Referências Bibliográficas

AGUILAR, R.; QUESADA, M.; ASHWORTH, L.; HERRERIAS-DIEGO, Y.; LOBO J. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches. **Molecular Ecology**, v. 17, n. 24, p. 5177-5188, 2008.

BELLARD, C.; BERTELSMEIER, C.; LEADLEY, P.; THUILLER, W.; COURCHAMP F. Impacts of climate change on the future of biodiversity. **Ecology Letters**, v. 15, n. 4, p. 365-377, 2012.

BUDOWSKI, G. Distribution of tropical american rain forest species in the light of successional processes. **Turrialba**, v. 15, n. 1, p. 40-42, 1965.

BURCZYK, J.; DIFAZIO, S.P.; ADAMS, W.T. Gene flow in forest trees: how far do genes really travel? **Forest Genetics**, v. 11, n. 1-4, p. 179-192, 2004.

CARVALHO, A.C.C.S.; ALMEIRA, D.S.; MELO, M.G.D.; CAVALCANTI, S.C.; MARÇAL, R.M. Evidence of the mechanism of action of *Erythrina velutina* Willd. (Fabaceae) leaves aqueous extract. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 122, n. 2, p. 374-378, 2009.

COLLEVATTI, R.G.; LIMA-RIBEIRO, M.S.; DINIZ-FILHO, J.A.F.; OLIVEIRA, G.; DOBROVOLSKI R.; TERRIBILE, L.C. Stability of Brazilian Seasonally Dry Forests under Climate Change: Inferences for Long-Term Conservation. **American Journal of Plant Sciences**, v. 4, n. 4, p. 792-805, 2013.

COLLEVATTI RG.; NABOUT, J.C.; DINIZ-FILHO, J.A.F. Range shift and loss of genetic diversity under climate change in *Caryocar brasiliense*; a Neotropical tree species. **Tree Genetics and Genomes**, v. 7, n. 6, p. 1237-1247, 2011.

CORNUET, J.M.; LUIKART, G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. **Genetics**, v. 144, n. 4, p. 2001-2014, 1996.

DAVIS, M.B.; SHAW, R.G. Range shifts and adaptive responses to quaternary climate change. **Science**, v. 292, n. 5517, p. 673-679, 2001.

EARL, D.A.; VONHOLDT, B.M. Structure Harvester: a website and program for visualizing Structure output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources**, v. 4, n. 2, p. 359-361, 2012.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2 ed. Rio de Janeiro: Embrapa. 2006. 306 p.

FRANKLIN, J. **Mapping Species Distributions: Spatial inference and prediction, ecology, biodiversity and conservation**. New York: Cambridge University Press. 2010. 340 p.

GOIS, I.B.; FERREIRA, R.A.; SILVA-MANN, R.; PANTALEÃO, S.M.; GOIS, C.B.; OLIVEIRA, R.S.C. Variabilidade genética em populações naturais de *Ziziphus joazeiro* Mart., por meio de marcadores moleculares RAPD. **Revista Árvore**, v. 38, n. 4, p. 621-630, 2014.

GONÇALVES, L.O.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; SILVA-MANN, R. Caracterização genética de mulungu (*Erythrina velutina* Willd.) em áreas de baixa ocorrência. **Ciência Agrônômica**, v. 45, n. 2, p. 290-298, 2014.

HARDY, O.; VEKEMANS, X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.

HIJMANS, R.J.; CAMERON, S.E.; PARRA, J.L.; JONES, P.G.; JARVIS, A. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. **International Journal of Climatology**, v. 25, n. 15, p. 1965-1978, 2005.

HUBISZ, M.J.; FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J.K. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. **Molecular Ecology Resources**, v. 9, n. 5, p. 1322-1332, 2009.

KRUKOFF, B.A.; BARNEBY, R.C. **Conspectus of species of the genus *Erythrina***. Cincinnati: Lloyd Library and Museum. 1974. 128 p.

LIMA, H.C. **Lista de espécies da flora do Brasil**. 2014. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>>. Acesso em: 25 fev. 2016.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras. Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 5 ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum. 2008. 384 p.

MARENGO, J.A.; BERNASCONI, M. Regional differences in aridity/drought conditions over Northeast Brazil: present state and future projections. **Climatic Change**, v. 129, n. 1-2, p. 103-115, 2015.

MARTINS, K.; KIMURA, R.K.; FRANCISCONI, A.F.; GEZAN, S.; KAINER, K.; CHRISTIANINI, A.V. The role of very small fragments in conserving genetic diversity of a common tree in a hyper fragmented Brazilian Atlantic forest landscape. **Conservation Genetics**, v. 17, n. 3, p. 509-520, 2016.

MELO, M.F.V.; GONÇALVES, L.O.; RABBANI, A.R.C.; ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; SILVA-MANN, R. Populations of *Erythrina velutina* Willd. at risk of extinction. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 3, p. 10298-10307, 2015.

OLIVEIRA, G.; ARAÚJO, M.B.; RANGEL, T.F.; ALAGADOR, D.; DINIZ-FILHO, J.A.F. Conserving the Brazilian semiarid (Caatinga) biome under climate change. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 11, p. 2913-2926, 2012.

PARMESAN, C. Ecological and Evolutionary Responses to Recent Climate Change. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 37, n. 1, p. 637-669, 2006.

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

PEARSON, R.G.; RAXWORTHY, C.J.; NAKAMURA, M.; PETERSON, A.T. Predicting species' distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. **Journal of Biogeography**, v. 34, n. 1, p. 102-117, 2007.

PHILLIPS, S.J.; ANDERSON, R.P.; SCHAPIRE, R.E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling**, v. 190, n. 3-4, p. 231-259, 2006.

SANTOS, M.G.; OLIVEIRA, M.T.; FIGUEIREDO, K.V.; FALCÃO, H.M.; ARRUDA, E.C.P.; ALMEIDA-CORTEZ, J.; SAMPAIO, E.V.S.B.; OMETTO, J.P.H.B.; MENEZES, R.S.C.; OLIVEIRA, A.F.M.; POMPELLI, M.F.; ANTONINO, A.C.D. Caatinga, the Brazilian dry tropical forest: can it tolerate climate changes? **Theoretical and Experimental Plant Physiology**, v. 26, n. 1, p. 83-99, 2014.

SERGIPE. Secretaria de Estado do Meio Ambiente e dos Recursos Hídricos. **Banco de Dados Geoespacial de Sergipe: Estudos sobre Recursos Hídricos**, Sergipe, 2014. CD-ROM.

SILVA, M.P.P.; KAMINO, L.H.Y.; PÔRTO, K.C. Is the current network system of protected areas in the Atlantic Forest effective in conserving key species of bryophytes? **Tropical Conservation Science**, v. 7, n. 1, p. 61-74, 2014.

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**, v. 38, n. 6, p. 1103-1113, 2014.

SOUZA, E.M.S.; PEREIRA, G.S.; SILVA-MANN, R.; ÁLVARES-CARVALHO, S.; FERREIRA, R.A. A comparative framework of the *Erythrina velutina* tree species in reforested land and native populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-11, 2016.

WANG, C.J.; WAN, J.Z.; MU, X.Y.; ZHANG, Z.X. Management planning for endangered plant species in priority protected areas. **Biodiversity and Conservation**, v. 24, n. 10, p. 2383-2397, 2015.

WARREN, D.L.; GLOR, R.E.; TURELLI, M. ENMTools: a toolbox for comparative studies of environmental niche models. **Ecography**, v. 33, n. 3, p. 607-611, 2010.

WILDLIFE CONSERVATION SOCIETY - WCS; CENTER FOR INTERNATIONAL EARTH SCIENCE INFORMATION NETWORK - CIESIN. 2005. **Global Human Influence Index (HII)**. 2005. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.7927/H4BP00QC>>. Acesso em: 25 fev. 2016.

WISZ, M.S.; POTTIER, J.; KISSLING, W.D.; PELLISSIER, L.; LENOIR, J.; DAMGAARD, C.F.; DORMANN, C.F.; FORCHHAMMER, M.C.; GRYTNES, J.A.; GUIBAN, A.; HEIKKINEN, R.K.; HØYE, T.T.; KÜHN, I.; LUOTO, M.; MAIORANO, L.; NILSSON, M.C.; NORMAND, S.; ÖCKINGER, E.; SCHMIDT, N.M.; TERMANSEN, M.; TIMMERMAN, A.; WARDLE, D.A.; AASTRUP, P.; SVENNING, J.C. The role of biotic interactions in shaping distributions and realised assemblages of species: implications for species distribution modelling. **Biological Reviews**, v. 88, n. 3, p. 15-30, 2012.

YANG, X.Q.; KUSHWAH, S.P.S.; SARAN, S.; XU, J.; ROY, P.S. Maxent modeling for predicting the potential distribution of medicinal plant, *Justicia adhatoda* L. in Lesser Himalayan foothills. **Ecological Engineering**, v. 51, n. 1, p. 83-87, 2013.

YEH, F.C.; YANG, R.C.; BOYLE, T. **POPGENE: Microsoft window-based freeware for population genetic analysis release 1.31**. Edmonton, 1999. Disponível em: <<https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene.pdf>>. Acesso em: 20 fev. 2016.

ZUCCHI, M.I.; SUJII, P.S.; MORI, G.M.; VIANA, J.P.G.; GRANDO, C.; SILVESTRE, E.D.A.; SCHWARCZ, K.D.; MACRINI, C.M.; BAJAY, M.M.; ARAÚJO, F.L.; SIQUEIRA, M.V.B.M.; ALVES-PEREIRA, A.; DE SOUZA, A.P.; PINHEIRO, J.B.; RODRIGUES, R.R.; BRANCALION, P.H.S. Genetic diversity of reintroduced tree populations in restoration plantations of the Brazilian Atlantic Forest. **Restoration Ecology**, Early View (Online Version of Record published before inclusion in an issue), p. 1-8, 2017.

Tabela 1. Número de indivíduos (N), localização geográfica e altitude das populações de *Erythrina velutina* Willd. Sergipe, Brasil. PMA: Precipitação média anual.

Populações	N	Bioma	Matriz da paisagem	Latitude e Longitude	Elevação (m)	PMA (mm)
Laranjeiras (LA)	22	Mata Atlântica	Pastagem Cana-de-açúcar Mineração	10°50'00.8"S 37°11'29.1"W	60	1600
Carmópolis/Rosário do Catete (CA)	21	Mata Atlântica	Cana-de-açúcar	10°40'23.9"S 37°01'42.3"W	23	1400
Pinhão (PI)	21	Caatinga	Pastagem	10°32'36.2"S 37°38'33.4"W	215	800
Santana do São Francisco (SF)	12	Mata Atlântica	Pastagem	10°18'16.8"S 36°35'25.7"W	09	1200
Lagarto (LR)	09	Mata Atlântica e Caatinga	Pastagem	10°55'11.3"S 37°39'17.5"W	168	1067
Total	85					

Tabela 2. Número de alelos (N_A), número de alelos efetivos (N_e), diversidade genética de Nei (H_e), Índice de Shannon (I), porcentagem de loci polimórficos ($P\%$) e locos com excesso de heterozigosidade em populações de *Erythrina velutina* Willd. no estado de Sergipe. Laranjeiras (LA), Carmópolis/Rosário do Catete (CA), Pinhão (PI), Santana do São Francisco (SF) e Lagarto (LR).

População	N_A	N_e	H_e	I	$P\%$	locos	Valor de P
LA	1,848	1,526	0,302	0,449	84,88	54	0,036*
CA	1,814	1,511	0,292	0,433	81,40	52	0,168
PI	1,721	1,436	0,250	0,371	72,09	44	0,896
SF	1,476	1,283	0,163	0,244	47,67	27	1,000
LR	1,767	1,502	0,282	0,417	76,74	42	0,957
Total	1,976	1,601	0,344	0,512	97,67		

* Significativo a 5 % probability ($P < 0.05$).

Tabela 3. Valores de F_{ST} (acima da diagonal) e N_m (abaixo da diagonal) entre pares de populações de *Erythrina velutina* Willd. Laranjeiras (LA), Carmópolis/Rosário do Catete (CA), Pinhão (PI), Santana do São Francisco (SF) e Lagarto (LR), Sergipe, Brasil.

	LA	CA	PI	SF	LR	Média (F_{ST})
LA	-	0,230	0,267	0,358	0,184	0,259
CA	2,708	-	0,133	0,138	0,117	0,154
PI	2,239	4,600	-	0,205	0,150	0,188
SF	1,168	3,000	2,684	-	0,250	0,237
LR	3,022	3,890	3,575	2,011	-	0,175
Média (N_m)	2,284	3,549	3,274	2,215	3,124	-

Tabela 4. Percentual de contribuição (%) das variáveis para a geração dos modelos de distribuição potencial (atual e futuro) de *Erythrina velutina* Willd. para o estado de Sergipe, Brasil.

Código	Descrição	Presente	2050		
			ACCESS1.0	CCSM4	HadGEM-CC
Solo	Tipo de solo	41,512	36,779	30,547	29,725
HII	Índice Global de Influência Humana	32,172	37,519	44,10	43,548
bio15	Sazonalidade de Precipitação	11,774	10,27	12,033	13,925
bio7	Faixa anual de temperatura	6,203	7,977	5,250	5,556
Alt	Altitude	4,666	3,679	4,781	2,620
bio18	Precipitação do trimestre mais quente	2,313	2,540	2,203	2,352
bio9	Temperatura média do trimestre mais seco	1,080	0,975	0,893	2,066
bio5	Temperatura máxima do mês mais quente	0,2779	0,255	0,186	0,206

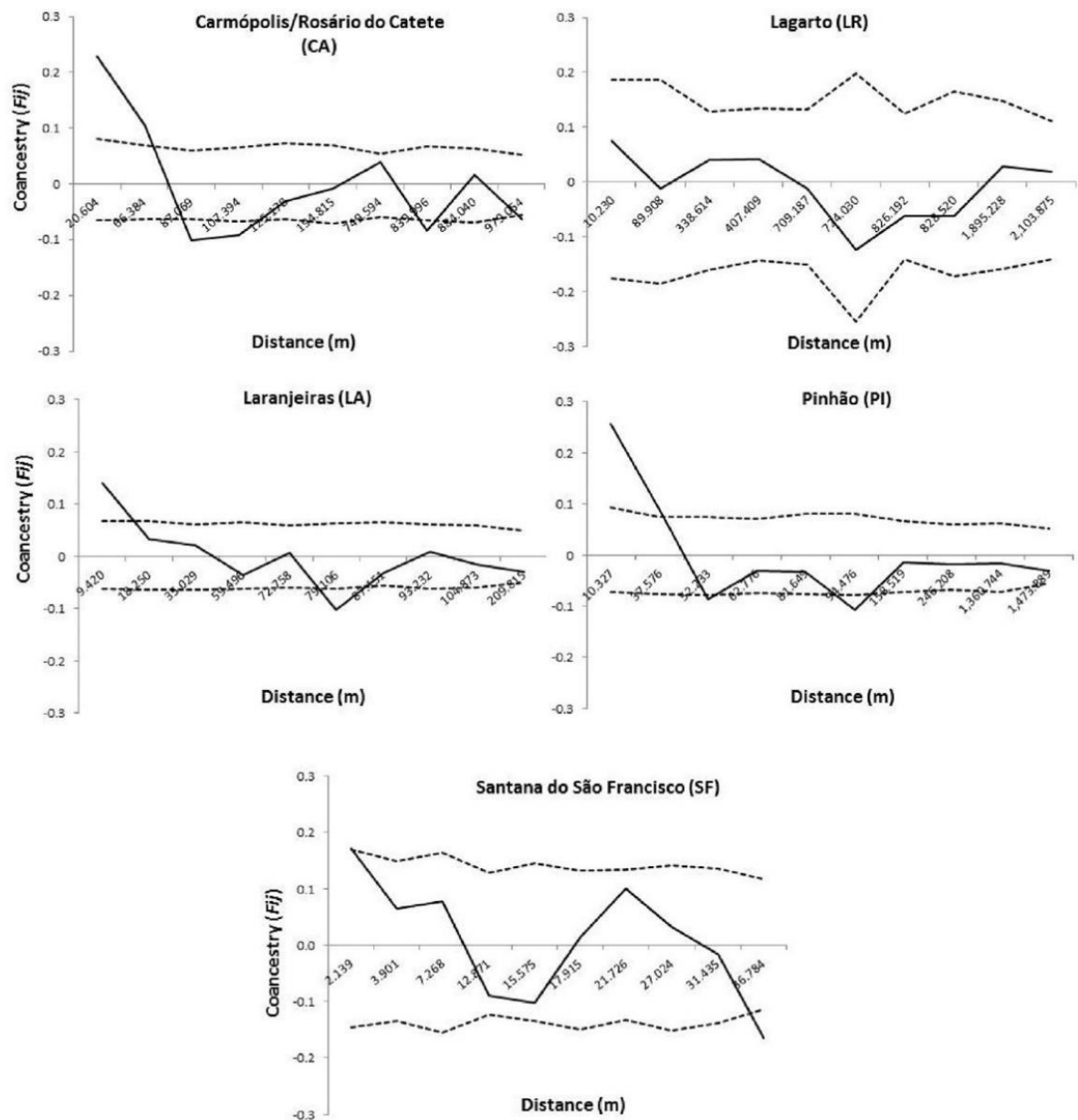


Figura 1. Correlogramas do coeficiente de parentesco (F_{ij}) por classes de distância nas cinco populações de *Erythrina velutina* Willd., no estado de Sergipe. As linhas tracejadas representam os intervalos de confiança (95%) para cada valor de F_{ij} que foi obtido por reamostragem Jackknife.

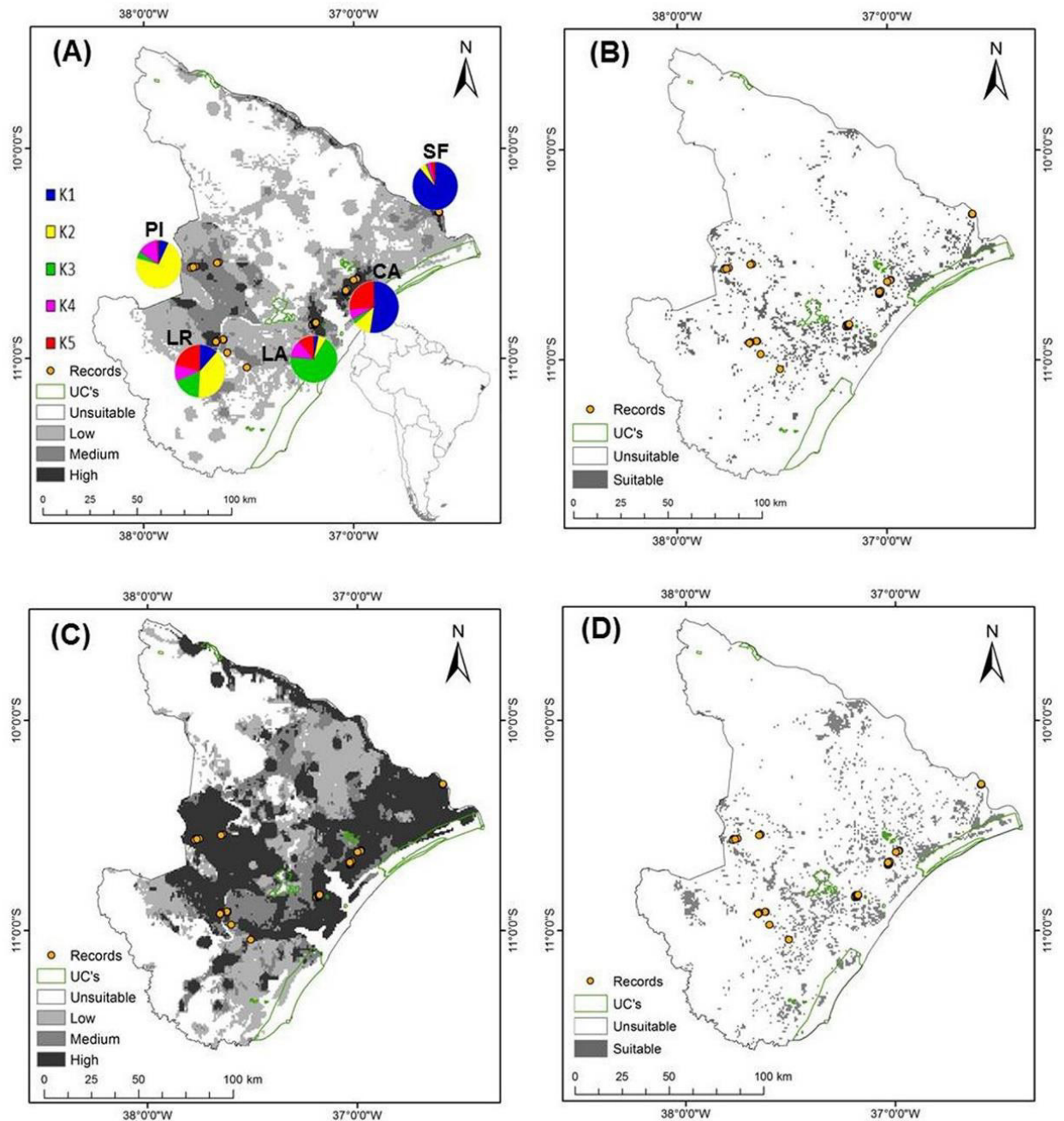


Figura 2. Mapas das distribuições potenciais atuais (A e B) e futuras (C e D) de *Erythrina velutina* Willd. no estado de Sergipe, com o registro de 85 indivíduos do estudo genético. Nas áreas (B) e (D), eles eram aptos para a ocorrência da espécie quando em relação ao uso e ocupação do solo. A escala de cinza indica a adequação ambiental das áreas para a presença da espécie. Em (A), $\Delta k = 5$ é representado pelas diferentes cores (azul, amarelo, verde, rosa e vermelho).

6. ARTIGO 3

Schinus terebinthifolia Raddi: FLUXO GÊNICO EM ÁREA EM PROCESSO DE RESTAURAÇÃO

RESUMO

O sucesso dos projetos de restauração depende da diversidade genética das espécies implantadas, fator limitado muitas vezes pelas fontes de sementes, ou seja, as matrizes estarem imersas em paisagens altamente fragmentadas. Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar a diversidade genética de indivíduos juvenis e adultos de *Schinus terebinthifolia* em uma área de reflorestamento misto, em processo de restauração, e em um remanescente natural. Por meio de cinco *primers* SSR foi observado que a população implantada apresentou maiores índices de diversidade genética ($H_e = 0,553$ adultos e $H_e = 0,505$ juvenis) quando comparados aos da população natural ($H_e = 0,487$ adultos e $H_e = 0,483$ juvenis), indicando que a área reflorestada foi estabelecida com indivíduos com alta diversidade genética. No entanto, houve redução da diversidade genética, perda de alelos exclusivos e manutenção da endogamia e coancestria em juvenis da população reflorestada, inferindo no baixo fluxo gênico entre os fragmentos. O tamanho efetivo populacional em ambas as populações foi menor do que o recomendado para a conservação de populações em curto e longo prazos. Estes resultados evidenciam que é necessário o contínuo monitoramento desta área, assim como a aplicação de técnicas que promovam a conectividade entre fragmentos, permitindo maior redução dos efeitos da deriva genética e, conseqüentemente, a persistência da população plantada.

Palavras-chave: Endogamia, monitoramento de restauração, pimenta-rosa, tamanho efetivo.

***Schinus terebinthifolia* Raddi: GENE FLOW IN AREA IN RESTORATION PROCESS**

ABSTRACT

The success of restoration projects depends on the genetic diversity of the implanted species. This a limiting factor, which is often due to the fact that the seed sources are immersed in highly fragmented landscapes. This work was carried out with the objective of to compare the genetic diversities of the juveniles and the adult trees of *Schinus terebinthifolia* Raddi in a mixed reforestation area, in restoration process and in a natural remaining area. Through five SSR primers, it was observed that the implanted population showed a greater genetic diversity index ($H_e = 0.553$ adults and $H_e = 0.505$ juveniles), when compared to the wild population ($H_e = 0.487$ adults and $H_e = 0.483$ juveniles). This indicated that the forested area was established with individuals of a high genetic diversity. There was a reduction of genetic diversity, with the loss of exclusive alleles, as well as a maintenance of inbreeding and coancestry, in the juveniles of the reforested population. This inferred that there was a low gene flow among the fragments. The effective population size in both of the populations (adults and juveniles) was lower than that recommended for the conservation of populations in the short and long terms. These results have shown that a continuous monitoring of this area is an absolute necessity, as well as for the application of techniques that can promote the connectivity between the fragments. This would allow for a greater reduction of the effects of genetic drift and the persistence of the planted population.

Key-words: Inbreeding, restoration monitoring, pink pepper, effective size.

6.1. Introdução

A exploração dos recursos naturais de forma não sustentável resultou em uma redução no número de áreas florestadas nos diferentes biomas do Brasil. Segundo o último relatório da SOS Mata Atlântica (2016), somando-se todos os fragmentos de floresta nativa acima de 100 ha, temos atualmente 8,5% de remanescentes de Mata Atlântica (*hotspot* de biodiversidade) em relação à cobertura original. Este quadro pode ser agravado, pois 72% da população brasileira viver em seu domínio.

Porém, na tentativa de compensar os danos gerados pelas atividades antrópicas sobre a composição florestal, são desenvolvidas ações como o aumento da área florestada por meio de projetos de restauração florestal. Podemos citar como exemplo o Pacto pela Restauração da Mata Atlântica, que visa recuperar 15 milhões de hectares de floresta até 2050 (RODRIGUES et al., 2011). No entanto, para estes projetos serem desenvolvidos é necessário um número suficiente de sementes e mudas.

As sementes coletadas para a produção de mudas para projetos de restauração devem ser originadas de populações com níveis razoáveis de variabilidade genética e mínimo de endogamia (SEBBENN et al., 2003). A variabilidade genética pode exercer papel decisivo na sobrevivência das espécies quando há alteração repentina do ambiente, e passará a ter cada vez mais participação significativa como agente determinante do sucesso das ações de restauração ecológica (SEBBENN, 2002; VENCOVSKI e CROSSA, 2003; RODRIGUES et al., 2009; MIJANGOS et al., 2015). Deste modo, além da restauração da diversidade florística, os novos projetos de restauração necessitam também considerar a restauração da diversidade genética, quando o objetivo for alcançar a autossustentabilidade das novas populações implantadas (KAGEYAMA e GANDARA, 2004; RODRIGUES et al., 2009).

Dentre os 17 estados do Brasil que estão dentro do limite territorial da Mata Atlântica, Sergipe consta como o estado que possui a maioria dos fragmentos com tamanho menor que 50 ha (SERGIPE, 2014). A coleta de sementes de espécies florestais nativas como parte dos projetos de restauração no estado de Sergipe geralmente é dificultada devido ao número

reduzido de indivíduos com sementes presentes em um fragmento, e que estejam em distâncias confiáveis para a amostragem. Como resultado, os poucos genótipos representados em lotes de sementes florestais coletadas, podem conduzir à produção de mudas de indivíduos aparentados resultantes de endogamia (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2017).

Apesar de algumas populações naturais de *S. terebinthifolia* no estado de Sergipe apresentarem níveis altos de diversidade genética na atualidade, estas se encontram em declínio devido apresentarem gargalo genético recente. Isto contribui para que no futuro ocorra a redução da diversidade genética por meio do aumento de cruzamentos entre aparentados (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2015). Mediante este cenário, alternativas de manter o patrimônio genético da espécie é a sua utilização em projetos de reflorestamento, aliando a seu potencial de recuperação de áreas degradadas.

Schinus terebinthifolia Raddi (pimenta-rosa - Anacardiaceae) possui importância ambiental e socioeconômica para as regiões de ocorrência natural no Brasil. É uma espécie pioneira, dioica, com estratégia de polinização cruzada (alogamia), dependendo de agentes bióticos como abelhas, moscas e vespas (LENZI e ORTH, 2004). A pimenta-rosa é bastante utilizada em projetos de restauração, devido sua plasticidade e rusticidade. Seus frutos são apreciados como condimento no mercado nacional e internacional, e contribuem com um montante de 20% da renda de comunidades de pescadores (JESUS e GOMES, 2013). Porém, a realização da coleta dos frutos de forma não sustentável pode implicar, com o passar dos anos, na redução do número de indivíduos, comprometendo a estrutura genética e a autossustentabilidade das populações naturais, que são usadas pelos extrativistas locais para coleta e venda. Ressalta-se que esta espécie é bastante empregada em trabalhos de recuperação de áreas degradadas e restauração ecológica, no estado de Sergipe, por ser uma pioneira de rápido crescimento, produzir flores e frutos precocemente, contribuindo para acelerar os processos de regeneração natural nas áreas implantadas, e por sua importância econômica, uma vez que as populações humanas ribeirinhas na região do Baixo São Francisco colhem seus frutos e sementes para comercialização.

Assim, este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar o cenário atual da diversidade em indivíduos adultos e juvenis de *S. terebinthifolia* em área de reflorestamento misto após 12 anos de implantação, identificando a necessidade de monitoramento e ações que permitam a autossustentabilidade da população implantada.

6.2. Material e Métodos

6.2.1 Coleta de material vegetal de *Schinus terebinthifolia*

Foram coletadas folhas jovens de 309 indivíduos de *S. terebinthifolia* distribuídos em duas populações: uma de reflorestamento misto (Reflo) e outra um fragmento natural (Nat), ambas localizadas em área de domínio da Mata Atlântica do estado de Sergipe, Nordeste do Brasil.

A área reflorestada (Reflo) é propriedade particular pertencente à empresa Votorantim Cimentos S.A. (Cimentos Sergipe S.A.- CIMESA), situada no município de Laranjeiras (10S 48' 22" e 37W 10' 18"). Ao norte e ao leste da área são encontrados fragmentos de vegetação nativa (Floresta Estacional Semidecidual e Manguezal), e ao sul e à oeste área antropizada (estrada e a empresa). Em 2005, foi realizado o reflorestamento em uma área que anteriormente havia o cultivo convencional de cana-de-açúcar. O modelo de implantação das mudas adotado na área foi em sistema de quincôncio (quatro espécies pioneiras e uma clímax no centro), onde foram plantadas 34 espécies nativas arbóreas da Mata Atlântica dos diferentes grupos ecológicos. Na população Reflo, foi realizado o censo dentro de oito parcelas (30 x 20 m, cada), onde um total de 82 adultos (indivíduos implantados) e 121 juvenis (regenerantes) foram coletados.

A segunda área (Nat) é um fragmento natural localizado na região norte do estado de Sergipe, município de Neópolis (10S 16' 37.80" e 36W 42' 28.79"). Este fragmento está em

Área de Preservação Permanente (APP), às margens do principal rio do Nordeste brasileiro, o Rio São Francisco. Na população Nat, a coleta foi realizada dentro de uma parcela, com dimensões de 50 x 50 m, em que foram amostrados 74 adultos e 32 juvenis. Para o estágio juvenil desta população, foi adotada a altura de até 2 m.

As coordenadas geográficas de todos os indivíduos foram obtidas por meio de sistema de posicionamento global (GPS). Os indivíduos foram avaliados quanto à diversidade por meio do uso de marcadores SSR. O DNA das folhas foi obtido por meio do método CTAB otimizado, com adição de 0,2% de 2-mercaptoetanol (v/v) (NIENHUIS et al., 1995) e utilizado na genotipagem.

6.2.2 Genotipagem

Os fragmentos de DNA de todos os indivíduos foram amplificados em termociclador utilizando cinco sequências microssatélites nucleares (Saat09, Saat17, Saat25, Saat47 e Saat55) (WILLIAMS et al., 2002) (Tabela 1A, Anexo).

O volume total de cada amostra amplificada correspondeu à 12,0 µL: 2,0 µL de DNA (5 ng/µL) adicionados a 10,0 µL de mix de reação [1,3 µL de tampão PCR 10X (10 mM Tris-HCl pH 8.3, 50 mM KCl), 1,0 µL de dNTP (2,5 mM), 0,2 µL de Taq polimerase (Ludowig) (1 U) e 1,0 µL de cada iniciador (2 µM) e volume final foi completado com água ultrapura].

As reações para amplificação do DNA foram realizadas em termociclador GenePro Bioer Technology, onde foram efetuados 35 ciclos de amplificação constituídos de uma etapa de iniciação de 5 minutos a 94°C, seguido por uma etapa de desnaturação a 94°C por 1 minuto, uma etapa de ligação dos iniciadores SSR ao DNA molde (pareamento) em temperatura compatível para cada um dos cinco iniciadores por 40 segundos, e uma etapa de extensão a 72°C, por 1 minuto. Ao final, ocorreu a etapa de extensão a 72°C, por 10 minutos.

Após as reações, os produtos da amplificação foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida 8% submetido a 130 V, 20 mA e 2 W por 3 horas e meia. Após eletroforese, o gel foi corado com solução de nitrato de prata (0,2% de AgNO₃) e revelado com solução de HNO₃ a 3% e formaldeído (60 µL/100 mL de solução de HNO₃ a 3%). Para determinar o tamanho dos alelos foram utilizados marcadores de peso molecular (*ladder*) de 20 e 100 pb (pares de bases).

6.2.3 Análise genética

A heterozigosidade observada (H_o) e heterozigosidade esperada (H_e) (diversidade genética de Nei, 1978) foram calculadas utilizando-se o *software* GenAlEx version 6.2 (PEAKALL e SMOUSE, 2012). Foram obtidos o coeficiente de endogamia, inferido a partir da estimativa do índice de fixação (F), e a riqueza alélica (A_R) por meio do uso do *software* FSTAT versão 2.9.3.2 (GOUDET, 1995). Os dados genéticos foram obtidos para as duas áreas dentro de cada estágio de vida (adultos e juvenis).

Com base no número de indivíduos amostrados (n), no coeficiente de coancestria (F_{ij}) e no índice de fixação de cada população (F), foram estimados o tamanho efetivo de endogamia para adultos e juvenis, com base em Sebbenn e Seoane (2005).

$$N_e = \frac{0,5n^2}{(1 + F)(0,5n + \sum_{x=1}^n \sum_{y \neq 1}^n \theta_{xy})}$$

Em que: N_e = tamanho efetivo de endogamia; n = número de indivíduos de cada população; F = coeficiente de endogamia, inferido a partir da estimativa do índice de fixação e $\sum_{x=1}^n \sum_{y \neq 1}^n \theta_{xy}$ = soma de todas as coancestrias entre os pares de indivíduos de cada população.

A coancestria foi inferida a partir do coeficiente de parentesco (LOISELLE et al., 1995), por meio do programa SPAGeDi 1.2 (HARDY e VEKEMANS, 2002). Também foi estimada a representatividade genética (N_e/n) de cada amostra.

A população mínima viável (PMV) para conservação genética *in situ* foi calculada pela equação, conforme feito por Silva e Pinto (2009):

$$PMV = \frac{N_{ref} \cdot n}{Ne}$$

Em que: N_{ref} = tamanho efetivo populacional de referência; n = tamanho amostral e Ne = tamanho efetivo populacional.

Foram utilizados os tamanhos efetivos de referência de 150 e 1.000 indivíduos para conservação em longo e curto prazos, respectivamente (SEBBENN, 2006 e FRANKHAM et al., 2014).

6.3. Resultados

Ao comparar a riqueza alélica (A_r) das populações, houve superioridade para Reflo. A população Nat apresentou maior A_r em juvenis (3,082) e a população Reflo em adultos (4,343). As populações Nat e Reflo, para os indivíduos em estágio juvenil, apresentaram um alelo exclusivo. Para indivíduos em estágio adulto, somente a população Reflo apresentou alelo exclusivo (três) (Tabela 1).

Para os dois estádios de desenvolvimento, a população Reflo apresentou maior diversidade genética ($H_e = 0,553$ e $0,503$ adultos e juvenis, respectivamente) do que a população Nat ($H_e = 0,487$ e $0,483$ adultos e juvenis, respectivamente). Os indivíduos adultos e juvenis da população Nat apresentaram índices de fixação (F) baixos e não significativamente diferente de zero, o que permite inferir ausência de endogamia. Os valores de F na população Reflo foram altos, $0,310$ em adultos e $0,261$ em juvenis (Tabela 2).

Para os indivíduos adultos, a população Nat apresentou coeficiente de coancestria negativo ($F_{ij} = -0,035$), o que contribui para a ausência de estruturação genética da população. A população Reflo apresentou coancestria de $0,338$ indicando que a média da população para os locos estudados é de irmãos-completos. Para o estágio juvenil, a população Nat apresentou $F_{ij} = 0,105$ (meios-irmãos) e a Reflo $F_{ij} = 0,284$ (irmãos completos) (Tabela 3).

Por meio da distribuição dos indivíduos por classe de distância, observa-se que na população Nat (natural), os adultos apresentaram grau de parentesco de meios-irmãos nas primeira e segunda classes ($F_{ij} = 0,186$ e $0,150$) e a partir da distância de $10,77$ m o valor de F_{ij} foi reduzido. Os juvenis desta população apresentaram F_{ij} de $0,112$ e $0,115$ na primeira e terceira classes de distância. Os adultos da população Reflo (reflorestada) apresentaram valores de F_{ij} de $0,374$ e $0,092$ na primeira e segunda classe de distância (até $170,70$ m), e os juvenis F_{ij} de $0,303$ (irmãos-completos) e $0,034$ (Figura 1).

A população Nat apresenta indivíduos com maior representatividade genética (adultos = $1,000$ e juvenis = $0,967$) em comparação aos da população Reflo (adultos = $0,757$ e juvenis = $0,789$). A população mínima viável para conservação *in situ* em curto e longo prazo aumentou ao passar das gerações. Observando os valores em adultos, a população Nat obteve $N_{ref=150} = 147$ e $N_{ref=1000} = 978$ e a população Reflo $N_{ref=150} = 198$ e $N_{ref=1000} = 1321$ (Tabela 3).

6.4. Discussão

Os maiores índices de diversidade genética para a população reflorestada (Reflo) de *S. terebinthifolia* indica que a área foi estabelecida por meio de indivíduos com alta diversidade genética. Estes valores de diversidade são superiores aos observados para a mesma espécie em oito fragmentos naturais nos estados de Minas Gerais ($H_e = 0,25$), Espírito Santo ($H_e = 0,37$) e Sergipe (H_e entre $0,24$ e $0,49$) (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2016).

Apesar do elevado índice de diversidade genética introduzido na área Reflo, observou-se uma reduzida diversidade em juvenis, assim como do número de alelos exclusivos, o que pode levar à perda de alelos de interesse, como aqueles ligados à resistência e aos estresses bióticos e abióticos. Esta redução de diversidade genética pode ser resultado do baixo fluxo gênico entre os fragmentos do entorno, contribuindo para o cruzamento não aleatório dos indivíduos e, consequentemente, para a manutenção da endogamia e coancestria na população Reflo.

Ao estudar áreas naturais e reflorestadas com *Inga vera*, observou-se que mesmo implantando indivíduos com elevada diversidade genética, os juvenis apresentaram coeficiente de endogamia igual a $F = 0,303$. Os autores afirmam que a fragmentação do habitat pode alterar estratégias reprodutivas em comunidades de plantas e interfere negativamente nas interações planta-polinizador, favorecendo à dispersão de grãos de pólen em curta distância. Estas mudanças podem aumentar a endogamia, levando-se ao cruzamento entre indivíduos aparentados (CRUZ NETO et al., 2014).

Os indivíduos adultos e juvenis da população Nat não apresentaram estruturação genética espacial a partir de 10,77 m, não sendo estes aparentados a partir desta distância. Esta constatação pode estar relacionada com a presença de polinizadores e dispersores na área, contribuindo para uma melhor distribuição dos alelos e genótipos, portanto, manutenção da diversidade genética (H_e). Os indivíduos adultos da população Reflo foram plantados durante a instalação do projeto de reflorestamento, logo esta estruturação genética em classe de distância não é dada de forma natural.

Em juvenis da população Reflo, a ocorrência de aparentados (irmãos-completos, $F_{ij} = 0,284$) foi observada na primeira classe de distância (14 m), o que é próximo ao encontrado na área natural. Embora possa ocorrer a presença de polinizadores e dispersores na área de reflorestamento, esta oferta pode não ser suficiente, pois ainda há forte estruturação genética dos indivíduos juvenis e perda de diversidade genética (H_o , H_e e A_r). Outro fator que pode contribuir para estruturação genética espacial em espécies dioicas é a presença de indivíduos de um dos sexos em maior quantidade na área, proporcionando cruzamentos direcionados e, consequentemente, descendentes aparentados.

O tamanho efetivo populacional (N_e) infere nos efeitos de deriva genética em cada população nos diferentes estádios de vida. Os adultos da população Nat não estão sofrendo efeitos de deriva genética. Assim, os 74 indivíduos da população correspondem a uma população ideal (panmítica), aquela com cruzamentos aleatórios, sem seleção, migração, mutação, parentesco e endogamia (SEBBENN E SEOANE, 2005). Em juvenis, a presença de endogamia e coancestria, mesmo em valores baixos, alterou o N_e . Na população Reflo, o efeito de deriva genética foi menor que em juvenis, inferindo que caso todos atinjam a idade fértil a representatividade genética dos indivíduos será de 78,9%. Os valores encontrados no presente estudo são maiores que os encontrados em um estudo em áreas naturais de Mata Atlântica, Caatinga e região de Ecótono do estado de Sergipe, onde foram obtidos N_e de 23, 15 e 42, respectivamente, o que representa 50% dos indivíduos de uma população panmítica ideal (ÁLVARES-CARVALHO et al., 2015), o que implica na necessidade de conservação destas populações.

A relação entre o tamanho efetivo (N_e) e o tamanho amostral (n) é de fundamental importância para o planejamento de estratégias de conservação. Quando existe equilíbrio entre os eventos demográficos, tais como flutuações temporais no tamanho da população, presença de estruturação e endogamia dentro das populações, diferenças na fertilidade, assincronismo no florescimento, entre outros, os valores de N_e são muito próximos ao número de indivíduos coletados (LOVELESS e HAMRICK, 1984). Para a população Reflo essa relação foi mais alta em juvenis, devido aos menores valores de coancestria e endogamia, em comparação com os indivíduos adultos.

Baseado nos valores recomendados para a conservação de populações em curto ($N_e \geq 150$) e longos prazos ($N_e \geq 1000$), ambas as populações necessitam de ações conservacionistas

para manutenção da diversidade genética e contenção dos efeitos de deriva genética. Em um estudo com *Centrolobium tomentosum*, espécie nativa da Mata Atlântica polinizada por abelhas, também foram observados efeitos negativos da endogamia no tamanho efetivo da população em adultos e juvenis de remanescentes naturais e em áreas de restauração. Os autores atribuíram o fato ao pequeno tamanho da população, associado à estrutura genética espacial e ao déficit de serviço de polinização (SUJII et al., 2017).

É necessário que haja um aumento do fluxo gênico entre os fragmentos localizados no entorno da área reflorestada permitindo a manutenção da diversidade genética dos indivíduos implantados ao longo das gerações e, consequentemente, a autossustentabilidade do povoamento. Uma alternativa seria a instalação de novos projetos de reflorestamento, mesmo em menor escala, baseado na conectividade dos fragmentos. Estas novas áreas poderão atuar como fontes de alelos, uma vez que poderão permitir o deslocamento de polinizadores e dispersores entre os fragmentos e a população reflorestada. Mediante estas ações, a área reflorestada poderá servir como fornecedora de sementes para futuros projetos de reflorestamento em área de Mata Atlântica, no estado de Sergipe.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade (Universidade Federal de Sergipe), ao Instituto Federal de Sergipe (IFS) e à Empresa Votorantim Cimentos S.A (Cimento Sergipe S.A - CIMESA).

6.5. Referências Bibliográficas

ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; DUARTE, J.F.; CARVALHO, D.; PEREIRA, G.S.; SILVA-MANN, R.; FERREIRA, R.A. *Schinus terebinthifolia*: Population structure and implications for its conservation. **Biochemical Systematic and Ecology**, v. 58, p. 120-125, 2015.

ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; DUARTE, J.F.; SANTOS, T.C.; SANTOS, R.M.; SILVA-MANN, R.; CARVALHO, D. Structure and genetic diversity of natural Brazilian pepper populations (*Schinus terebinthifolia* Raddi). **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-13, 2016.

ÁLVARES-CARVALHO, S.V.; SILVA-MANN, R.; GOIS, I.B.; MELO, M.F.V.; OLIVEIRA, A.S.; FERREIRA, R.A.; GOMES, L.J. Restoration over time and sustainability of *Schinus terebinthifolia* Raddi. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1-9, 2017.

CRUZ NETO, O.; AGUIAR, A.V.; TWYFORD, A.D.; NEAVES, L.E.; PENNINGTON, R.T.; LOPES, A.V. Genetic and ecological outcomes of *Inga vera* Subsp. *affinis* (Leguminosae) tree plantations in a fragmented tropical landscape. **PLoS One**, v. 9, n. 6, p. 1-8, 2014.

FRANKHAM, R.; BRADSHAW, C.J.A.; BROOK, B.W. Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. **Biological Conservation**, v. 170, p. 56-63, 2014.

GOUDET, J. FSTAT. (Version 2.9.3.2.): a computer program to calculate F-statistics. **Journal of Heredity**, v. 86, n. 6, p. 485-486. 1995.

HARDY, O.; VEKEMANS, X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.

- JESUS, B.C.; GOMES, L.J. Importância socioeconômica. In: GOMES, L.J.; SILVA-MANN, R.; MATTOS, P.P.; RABBANI, A.R.C. **Pensando a biodiversidade:** aroeira (*Schinus terebinthifolia* Raddi). São Cristóvão: Editora da UFS, 2013. 36-53 p.
- KAGEYAMA, P.; GANDARA, F.B. Recuperação de áreas ciliares. In: RODRIGUES, R.R.; LEITÃO FILHO, H.F. (eds.). **Matas ciliares:** Conservação e recuperação. São Paulo: FAPESP, 2004. p. 249-269.
- LENZI, M.; ORTH, A.I. Fenologia reprodutiva, morfologia e biologia floral de *Schinus terebinthifolia* Raddi (Anacardeaceae), em restinga da Ilha de Santa Catarina, Brasil. **Biotemas**, v. 17, n. 2, p. 67-89, 2004.
- LOISELLE, B.A.; SORK, V.L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany**, v. 82, n. 11, p. 1420-1425, 1995.
- LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L., Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 15, n. 1, p. 65-95, 1984.
- MIJANGOS, J.L.; PACIONI, C.; SPENCER, P.B.S.; CRAIG, M.D. Contribution of genetics to ecological restoration. **Molecular Ecology**, v. 24, n. 1, p. 22-37, 2015.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1978.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. **Bioinformatics**, v. 28, n. 19, p. 2537-2539, 2012.
- RODRIGUES, R.; BRANCALION, P.; ISERNHAGEN, I. **Pacto pela restauração da Mata Atlântica:** referencial dos conceitos e ações de restauração florestal. São Paulo: LERF/ESALQ, 2009, 256 p.
- RODRIGUES, R.R.; GANDOLFI, S.; NAVE, A.G.; ARONSON, J.; BARRETO, T.E.; VIDAL, C.Y.; BRANCALION, P.H.S. Large-scale ecological restoration of high-diversity tropical forests in SE Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 261, n. 10, p. 1605-1613, 2011.
- SEBBENN, A.M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002.
- SEBBENN, A.M. Sistemas de reprodução em espécies tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A.R.; SILVA, L.D. (Coord.). **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.
- 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**, n. 63, p. 13-22, 2003.

SEBBENN, A.M.; SEOANE, C.E.S. Estimativa de tamanho efetivo de endogamia usando marcadores genéticos. **Revista Árvore**, v. 29, n. 1, p. 1-17, 2005.

SERGIPE, Secretaria de Estado do Meio Ambiente e dos Recursos Hídricos. **Diagnóstico florestal de Sergipe**. Aracaju: Sergipe, 2014. 200 p.

SILVA, T.A.; PINTO, L.V.A. Identificação de árvores matrizes de seis espécies alógamas em um fragmento florestal visando a produção de mudas com variabilidade genética. **Revista Agrogeoambiental**, v. 1, n. 3, p. 56-62, 2009.

SOS MATA ATLÂNTICA. **Relatório anual 2016**. São Paulo, 2016. Disponível em: <https://www.sosma.org.br/wp-content/uploads/2013/05/AF_RA_SOSMA_2016_web.pdf> Acesso em: 14 dez. 2017.

SUJII, P.S.; SCHWARCZ, K.D.; GRANDO, C.; SILVESTRE, E.A.; MORI, G.M.; BRANCALION, P.H.S.; ZUCCHI, M.I. Recovery of genetic diversity levels of a Neotropical tree in Atlantic Forest restoration plantations. **Biological Conservation**, v. 211, p. 110-116, 2017.

VENCOVSKY, R.; CROSSA, J. Measurements of Representativeness Used in Genetic Resources Conservation and Plant Breeding. **Crop Science**, v. 43, n. 6, p. 1912-1921, 2003.

WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, v. 38, n. 6, p. 1358-1370, 1984.

WILLIAMS, D.A.; STERNBERG, L.D.S.L.; HUGHES, C.R. Characterization of polymorphic microsatellite loci in the invasive Brazilian pepper, *Schinus terebinthifolia*. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 3, p. 231-232, 2002.

Tabela 1. Frequências dos alelos em cinco locos microssatélites de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizados em diferentes populações e em diferentes estádios de desenvolvimento. Natural (Nat), Reflorestada (Reflo), número total de indivíduos amostrados (N) e número de indivíduos heterozigotos (n).

		Populações			
Loco	N	Nat adultos 74	Nat juvenis 32	Reflo adultos 82	Reflo juvenis 121
Saat09	(n)	67	23	72	103
	1	-	-	0,083	0,150
	2	-	-	0,410	0,345
	3	0,500	0,500	0,417	0,398
	4	0,500	0,500	0,090	0,078
	5	-	-	-	0,029
Saat17	(n)	65	31	71	93
	1	-	-	0,077	-
	2	-	-	0,106	-
	3	-	-	0,127	0,086
	4	-	-	0,042	0,032
	5	0,600	0,258	0,380	0,462
	6	-	-	0,014	-
	7	0,400	0,742	0,254	0,419
Saat47	(n)	66	30	74	105
	1	0,152	0,067	0,095	0,090
	2	0,470	0,367	0,865	0,857
	3	0,379	0,517	-	0,033
	4	-	0,033	0,041	0,019
	5	-	0,017	-	-
Saat55	(n)	69	29	73	119
	1	-	-	0,123	0,067
	2	0,877	0,810	0,678	0,790
	3	0,123	0,190	0,199	0,143
Saat25	(n)	71	32	80	117
	1	0,007	-	0,025	-
	2	0,021	-	0,081	0,051
	3	0,394	0,453	0,344	0,274
	4	0,063	0,047	0,044	0,094
	5	0,049	0,094	0,481	0,547
	6	0,007	0,016	-	-
	7	0,458	0,391	0,025	0,034
N. total de alelos		16	16	23	21
N. alelos exclusivos		0	1	3	1

Tabela 2. Índices médios de diversidade genética para cinco locos microssatélites de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizados em diferentes populações e em diferentes estádios de desenvolvimento.

	Ar		Ho		He		F	
	Adultos	Juvenis	Adultos	Juvenis	Adultos	Juvenis	Adultos	Juvenis
Nat	2,851	3,082	0,501	0,478	0,487	0,483	-0,021	0,027
Reflo	4,343	3,953	0,385	0,374	0,553	0,503	0,310*	0,261*
Média	3,597	3,518	0,443	0,426	0,520	0,493	0,145	0,144

Ar: riqueza alélica. Ho: heterozigosidade observada, He: heterozigosidade esperada (diversidade genética de Nei) e F: coeficiente de endogamia, inferido a partir da estimativa do índice de fixação.

* Significativo à 5% de probabilidade.

Tabela 3. Tamanho amostral (n), tamanho efetivo populacional (Ne), relação entre o tamanho efetivo populacional e o tamanho amostral (Ne/n), população mínima viável com tamanho efetivo de referência PMV ($Ne_{ref} = 150$) e PMV ($Ne_{ref} = 1000$) e coeficiente de coancestria (F_{ij}) das populações natural (Nat) e reflorestada (Reflo) de *Schinus terebinthifolia* Raddi em população.

Parâmetros	Estádios de vida	Populações	
		Nat	Reflo
n	Adultos	74	82
	Juvenis	32	121
Ne	Adultos	74,00	62,08
	Juvenis	30,95	95,50
Ne/n	Adultos	1,022	0,757
	Juvenis	0,967	0,789
PMV ($Ne_{ref} = 150$)	Adultos	146,71	198,13
	Juvenis	155,08	190,05
PMV ($Ne_{ref} = 1000$)	Adultos	978,06	1320,87
	Juvenis	1033,92	1267,01
F_{ij}	Adultos	-0,035	0,338
	Juvenis	0,105	0,284

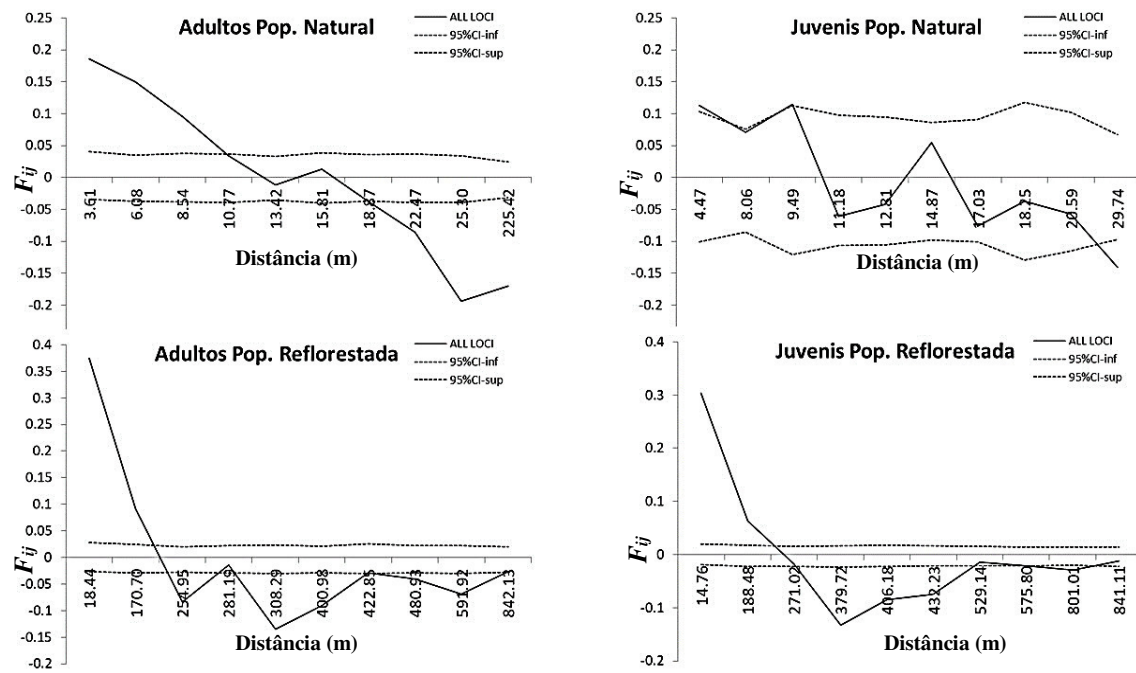


Figura 1. Correlogramas do coeficiente de coancestria (F_{ij}) de *Schinus terebinthifolia* Raddi, por classes de distância, nas populações Nat (natural) e Reflo (Reflorestada) em diferentes estádios de vida. As linhas tracejadas representam o intervalo de confiança, a 95% de probabilidade.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Embora os remanescentes florestais do estado de Sergipe terem, em maioria, menos que 50 ha, estes fornecem sementes de *Erythrina velutina* e *Schinus terebinthifolia* com alta diversidade genética para projetos de reflorestamento, desde que respeitem os critérios estabelecidos, tais como a distância mínima entre indivíduos, evitar árvores isoladas e indivíduos aparentados.

O uso dos marcadores ISSR e SSR forneceram informações genéticas consistentes das espécies florestais em áreas naturais e reflorestadas, e a associação destes com a MDE permitiu um direcionamento apropriado quanto aos locais onde deve ser realizada a coleta de sementes e onde implantar novos projetos utilizando *E. velutina*. Também foi possível fazer previsão dos impactos sobre a distribuição natural da espécie sob cenários de mudanças climáticas, o que auxilia na elaboração de planos de manejo florestal e conservação.

Devido a não ocorrência de regenerantes de *E. velutina* nas parcelas analisadas e à redução da diversidade genética em juvenis de *S. terebinthifolia*, é recomendado o estudo do sistema reprodutivo das espécies, uma vez que este permite o entendimento de como pode ocorrer a troca alélica a cada evento reprodutivo e seu impacto na formação das populações descendentes. Para *E. velutina*, o estudo de indivíduos fora das parcelas poderia fornecer informações mais precisas sobre a diversidade e estrutura genética da espécie na área.

É esperado com o passar dos anos, que a área de reflorestamento continue restabelecendo a sua dinâmica ecológica, tornando-se autossustentável mediante o aumento do fluxo gênico por dispersores e polinizadores. Isto reforça a importância da conectividade entre fragmentos e que as áreas de reflorestamentos podem servir como fontes de alelos entre fragmentos vizinhos.

Por fim, este trabalho é um dos pioneiros abordando informações genéticas sobre áreas originadas por projetos de reflorestamento para o estado de Sergipe. Logo, é interessante que novos trabalhos sejam desenvolvidos, abrangendo outras áreas reflorestadas do estado e maior número de espécies nativas, permitindo verificar se existe a necessidade de elaborar planos de conservação das demais espécies, e assim procurar garantir a execução de programas mais consistentes em termos de restauração, eficazes em termos diversidade biológica e que possam constituir modelos para demais regiões impactadas do Nordeste brasileiro.

ANEXOS

Protocolo de extração do DNA de *Erythrina velutina* e *Schinus terebinthifolia*

As etapas de obtenção do DNA foram realizadas no Laboratório de Biotecnologia (GENAPLANT) localizado no Departamento de Engenharia Agrônômica da Universidade Federal de Sergipe.

A extração de DNA foi baseada no método descrito por Nienhuis et al., (1995) com modificações. Foram utilizados 2 g de folhas jovens dos indivíduos coletados e com o auxílio de almofariz e pistilo procedeu-se a maceração, juntamente com 1.000 µL de tampão CTAB 2% (2% de Brometo de Cetil Trimetil Amônio - CTAB, 100 mM de Tris (pH 8,0), 20 mM de EDTA (pH 8,0), 1,4 M de NaCl e 1% de PVP) e 2 µL de β-mercaptoetanol. O material macerado foi colocado em microtubos com tampa de 2.000 µL e levados ao banho-maria a 65°C por 40 minutos, sendo estes agitados manualmente a cada 10 minutos.

Após o período de incubação, as amostras passaram por um processo de purificação com 1.000 µL de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1). Os tubos foram agitados levemente até obtenção de uma emulsão e, posteriormente, centrifugados a 14.000 rpm por 10 minutos.

O sobrenadante obtido foi coletado e removido, com o auxílio de uma micropipeta, para um novo microtubo contendo 1.000 µL de álcool:acetato de amônia gelado (6:1). As amostras foram levadas ao *freezer* por 24 horas para a precipitação do DNA, e logo após centrifugadas a 14.000 rpm por 10 minutos, para a então formação do precipitado. Em seguida o álcool:acetato de amônia foi descartado e o precipitado colocado para secar em temperatura ambiente. Após a secagem, este foi solubilizado em 50 µL de TE (Tris HCL 10 mM, pH 8,0; EDTA 1 mM).

A qualidade e a concentração de DNA de cada amostra foram determinadas em espectrofotômetro (AstraGene Microvolume Spectrophotometer), com base na absorbância a 260 nm e 280 nm. Após a determinação da concentração inicial de DNA, houve a diluição com TE (Tris-EDTA) deste para uma concentração trabalho de 5 ng/µL.



FIGURA 1A. Imagem aérea da localização da área de reflorestamento misto. 🌳 Parcelas utilizadas para amostragem dos indivíduos de *Schinus terebinthifolia* Raddi.



FIGURA 2A. Imagem aérea da localização da população natural de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizada no povoado de Pindoba, Sergipe.



FIGURA 3A. Estádio atual da área de estudo, em processo de restauração após 12 anos de plantio, no município de Laranjeiras, Sergipe. **A.** Vista geral da área. **B.** Interior do povoamento. **C.** Áreas de clareiras no interior do povoamento. **D.** Desenvolvimento das espécies em linhas de plantios no interior do povoamento. Fonte: Déda, 2016.

TABELA 1A. Características dos cinco pares de microsatélites de *Schinus terebinthifolia* Raddi utilizados nas amplificações (Willians et al., 2002). pb: tamanho dos alelos e T°a: temperatura de anelamento dos *primers* utilizadas neste trabalho.

Locos	Sequências iniciadoras 5'–3'	Sequências repetidas	pb	T°a (°C)
<i>Saat</i> T9 (AF404280)	ATTTGGTGAATAGGAGATGTTTTA ATTGAAATGTTTGGTTCATAGATA	(AAT) ₈	202	45
<i>Saat</i> T17 (AF404283)	TTGGGTAAATTGGTAGGTGT AGGGGTAAATGAAATCATCTTAT	(AAT) ₁₃	137	50
<i>Saat</i> T25 (AF404285)	GATCATTTGGAAAATAATAATAA CGTGCAGAACTTCAATTT	(AAT) ₁₀ (AAT) ₉	83	50
<i>Saat</i> T47 (AF404287)	CCTCTTAAGGAACCTTTTTATTATT TTGCTTTTCATTTGTTTATCTTA	(AAT) ₈	100	50
<i>Saat</i> T55 (AF404289)	AAGGGGTAAATAATAATCAAA ACTGGGAAGATAGATTACTTAGAA	(AAT) ₁₀	167	50

TABELA 2A. Indivíduos de *Erythrina velutina* Wild. localizados em área de reflorestamento misto no município de Laranjeiras, Sergipe.

N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	Parcela
01	-10,819452	-37,163151	5,00	12
02	-10,819455	-37,163089	7,00	12
03	-10,819450	-37,163166	2,70	12
04	-10,819412	-37,163063	3,00	12
05	-10,818144	-37,163422	6,00	19
06	-10,818216	-37,163415	6,00	19
07	-10,818139	-37,163219	3,00	19
08	-10,816894	-37,162217	2,30	25
09	-10,816867	-37,162242	2,50	25
10	-10,816859	-37,162341	3,30	25
11	-10,816996	-37,161042	5,00	26
13	-10,819344	-37,161006	3,00	15
14	-10,819775	-37,159211	5,50	30
12	-10,815686	-37,160671	3,00	14
16	-10,819505	-37,159325	9,00	15
15	-10,819641	-37,159402	3,00	15
17	-10,818126	-37,158402	3,30	23
18	-10,818120	-37,157166	5,00	24
19	-10,820544	-37,157135	2,80	11
20	-10,821541	-37,159055	6,50	4
21	-10,823019	-37,160877	6,50	1
22	-10,822960	-37,160790	5,00	1
23	-10,822932	-37,160694	4,80	1

TABELA 3A. Indivíduos de *Erythrina velutina* Wild. localizados nas diferentes populações naturais no estado de Sergipe.

Laranjeiras					
N. indivíduo	Latitude	Longitude	N. indivíduo	Latitude	Longitude
LA1	-10,834163	-37,191194	LA12	-10,841502	-37,194276
LA2	-10,834211	-37,191110	LA13	-10,840349	-37,185696
LA3	-10,834022	-37,191776	LA14	-10,836165	-37,184000
LA4	-10,834111	-37,192103	LA15	-10,835979	-37,183873
LA5	-10,834649	-37,192507	LA16	-10,835604	-37,183863
LA6	-10,834286	-37,190822	LA17	-10,835311	-37,183794
LA7	-10,834452	-37,190414	LA18	-10,835174	-37,183676
LA8	-10,831963	-37,189230	LA19	-10,834633	-37,183273
LA9	-10,831714	-37,189140	LA20	-10,834750	-37,183071
LA10	-10,833115	-37,189862	LA21	-10,833653	-37,182524
LA11	-10,831617	-37,187515	LA22	-10,829810	-37,179172
Carmópolis					
N. indivíduo	Latitude	Longitude	N. indivíduo	Latitude	Longitude
CA1	-10,686949	-37,036223	CA12	-10,618247	-36,980768
CA20	-10,686827	-37,035221	CA13	-10,620669	-36,982833
CA3	-10,686812	-37,037317	CA14	-10,621389	-36,983268
CA4	-10,686017	-37,036864	CA15	-10,621969	-36,984204
CA5	-10,682896	-37,032585	CA16	-10,627183	-36,998913
CA6	-10,682812	-37,030506	CA17	-10,677688	-37,036795
CA7	-10,683243	-37,032191	CA18	-10,676329	-37,036248
CA8	-10,682544	-37,033231	CA19	-10,676190	-37,035721
CA9	-10,673748	-37,028763	CA20	-10,674508	-37,035851
CA10	-10,672373	-37,028380	CA21	-10,675875	-37,035506
CA11	-10,670866	-37,027699			
Santana do São Francisco					
N. indivíduo	Latitude	Longitude	N. indivíduo	Latitude	Longitude
SF1	-10,305028	-36,593226	SF7	-10,304864	-36,592641
SF2	-10,305167	-36,593553	SF8	-10,304583	-36,592457
SF3	-10,305271	-36,593697	SF9	-10,304427	-36,592309
SF4	-10,305323	-36,593819	SF10	-10,304938	-36,591254
SF5	-10,305331	-36,593853	SF11	-10,305121	-36,590833
SF6	-10,305229	-36,593507	SF12	-10,302757	-36,591729

TABELA 3A. Continuação...

Pinhão					
Indivíduo	Latitude	Longitude	Indivíduo	Latitude	Longitude
PI1	-10,543846	-37,642969	PI12	-10,563419	-37,771557
PI2	-10,563042	-37,753173	PI13	-10,564895	-37,773294
PI3	-10,562786	-37,753298	PI14	-10,564711	-37,773511
PI4	-10,565355	-37,767027	PI15	-10,568621	-37,774955
PI5	-10,565272	-37,767349	PI16	-10,568777	-37,775025
PI6	-10,565251	-37,767569	PI17	-10,568614	-37,775295
PI7	-10,565162	-37,766739	PI18	-10,568924	-37,774747
PI8	-10,564883	-37,768521	PI19	-10,568949	-37,774667
PI9	-10,565050	-37,768544	PI20	-10,565605	-37,765149
PI10	-10,564654	-37,772163	PI21	-10,546401	-37,650549
PI11	-10,563820	-37,772409			
Lagarto					
Indivíduo	Latitude	Longitude	Indivíduo	Latitude	Longitude
LR1	-10,910933	-37,618259	LR6	-10,920268	-37,655225
LR2	-10,910928	-37,618250	LR7	-10,972790	-37,601172
LR3	-10,910740	-37,622287	LR8	-10,972789	-37,601172
LR4	-10,915009	-37,648953	LR9	-11,044077	-37,509095
LR5	-10,919777	-37,654432			

TABELA 4A. Indivíduos adultos de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizados em área natural no povoado Pindoba, Neópolis, Sergipe.

N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
01	-10,277483	-36,707902	2,35	38	-10,277367	-36,707954	3,10
02	-10,277456	-36,707920	2,25	39	-10,277475	-36,707979	4,65
03	-10,277457	-36,707929	2,75	40	-10,277475	-36,707979	3,80
04	-10,277439	-36,707912	2,87	41	-10,277484	-36,707992	3,70
05	-10,277416	-36,707908	2,65	42	-10,277430	-36,707991	2,80
06	-10,277453	-36,707922	2,65	43	-10,277355	-36,707975	3,00
07	-10,277456	-36,707922	2,80	44	-10,277351	-36,707976	3,20
08	-10,277468	-36,707921	2,20	45	-10,277344	-36,707975	2,50
09	-10,277473	-36,707926	4,20	46	-10,277347	-36,707980	2,33
10	-10,277455	-36,707913	3,17	47	-10,277345	-36,707981	2,60
11	-10,277443	-36,707873	2,07	48	-10,277360	-36,708053	2,25
12	-10,277481	-36,707968	6,13	49	-10,277342	-36,708053	2,85
13	-10,277471	-36,707934	3,48	50	-10,277270	-36,708003	2,70
14	-10,275899	-36,706776	3,54	51	-10,277273	-36,708041	2,85
15	-10,277429	-36,707954	3,05	52	-10,277262	-36,708039	3,70
16	-10,277440	-36,707992	5,40	53	-10,277258	-36,708033	3,00
17	-10,277449	-36,707993	3,30	54	-10,277286	-36,708037	2,92
18	-10,277469	-36,707958	6,70	55	-10,277284	-36,708035	4,00
19	-10,277497	-36,707971	2,90	56	-10,277287	-36,708035	4,62
20	-10,277485	-36,707965	6,30	57	-10,277294	-36,708047	3,75
21	-10,277498	-36,708007	2,50	58	-10,277293	-36,708041	3,35
22	-10,277509	-36,708017	2,30	59	-10,277286	-36,708036	5,50
23	-10,277494	-36,708051	6,10	60	-10,277284	-36,708030	2,85
24	-10,277451	-36,708113	6,50	61	-10,277227	-36,708082	4,80
25	-10,277405	-36,708059	8,50	62	-10,277272	-36,708092	4,85
26	-10,277341	-36,708020	10,00	63	-10,277275	-36,708054	3,88
27	-10,277344	-36,708005	2,78	64	-10,277277	-36,708055	4,15
28	-10,277448	-36,707988	4,70	65	-10,277279	-36,708047	3,58
29	-10,277449	-36,707982	4,85	66	-10,277264	-36,708042	4,31
30	-10,277311	-36,707934	2,87	67	-10,277291	-36,708008	4,61
31	-10,277351	-36,707965	2,22	68	-10,277287	-36,708043	2,20
32	-10,277387	-36,707951	3,10	69	-10,277287	-36,708043	3,81
33	-10,277396	-36,707968	3,25	70	-10,277304	-36,708059	3,00
34	-10,277393	-36,707969	3,05	71	-10,277252	-36,708058	3,50
35	-10,277393	-36,707969	2,80	72	-10,277250	-36,708077	4,60
36	-10,277362	-36,707920	4,00	73	-10,277302	-36,708074	2,90
37	-10,277357	-36,707917	4,20	74	-10,277247	-36,708056	26,58

TABELA 5A. Indivíduos juvenis de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizados em área natural no povoado Pindoba, Neópolis, Sergipe.

N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
01	-10,277480	-36,707887	1,90
02	-10,277413	-36,707946	1,26
03	-10,277399	-36,707995	2,00
04	-10,277467	-36,707941	1,10
05	-10,277431	-36,707962	1,20
06	-10,277431	-36,707960	1,50
07	-10,277429	-36,707960	1,80
08	-10,277513	-36,708001	1,40
09	-10,277501	-36,707947	1,70
10	-10,277500	-36,707948	1,00
11	-10,277495	-36,707971	1,40
12	-10,277497	-36,708035	1,60
13	-10,277480	-36,708032	1,25
14	-10,277470	-36,708055	0,90
15	-10,277406	-36,708125	0,50
16	-10,277408	-36,708114	0,70
17	-10,277415	-36,708121	0,50
18	-10,277422	-36,708118	0,35
19	-10,277425	-36,708115	0,35
20	-10,277425	-36,708115	0,42
21	-10,277425	-36,708114	0,35
22	-10,277361	-36,707999	1,70
23	-10,277425	-36,707984	0,65
24	-10,277395	-36,707953	0,25
25	-10,277428	-36,707984	1,90
26	-10,277428	-36,707984	1,90
27	-10,277361	-36,708054	0,70
28	-10,277342	-36,708057	0,65
29	-10,277296	-36,708040	1,95
30	-10,277313	-36,708086	1,55
31	-10,277287	-36,708007	1,70
32	-10,277307	-36,708092	1,20

TABELA 6A. Indivíduos adultos de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizados na área de reflorestamento misto no município de Laranjeiras, Sergipe.

Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
01	01	-10,823034	-37,160709	7,70	17	27	-10,819197	-37,157101	10,50
01	02	-10,823163	-37,160787	6,18	17	28	-10,819294	-37,157009	11,80
01	03	-10,823111	-37,160704	8,58	17	29	-10,819221	-37,157024	9,40
01	04	-10,823090	-37,160645	6,93	19	30	-10,818154	-37,163358	8,10
01	05	-10,823167	-37,160803	5,77	19	31	-10,818248	-37,163379	7,90
01	06	-10,823143	-37,160870	7,63	19	32	-10,818336	-37,163275	9,20
01	07	-10,823175	-37,160823	5,49	19	33	-10,818290	-37,163299	12,10
14	08	-10,819315	-37,161057	6,50	19	34	-10,818269	-37,163292	10,50
14	09	-10,819285	-37,161079	6,40	19	35	-10,818143	-37,163310	7,20
14	10	-10,819394	-37,161107	6,90	19	36	-10,818079	-37,163244	11,80
14	11	-10,819379	-37,160996	8,80	19	37	-10,818146	-37,163199	11,90
14	12	-10,819417	-37,160967	7,60	19	38	-10,818154	-37,163193	11,20
14	13	-10,819452	-37,160938	7,30	19	39	-10,818229	-37,163154	8,50
14	14	-10,819500	-37,161037	8,60	19	40	-10,818240	-37,163153	8,40
14	15	-10,819475	-37,160917	9,60	19	41	-10,818195	-37,163153	8,10
15	16	-10,819621	-37,159343	7,00	19	42	-10,818236	-37,163179	9,30
15	17	-10,819689	-37,159352	6,00	19	43	-10,818269	-37,163233	7,30
15	18	-10,819683	-37,159187	8,20	19	44	-10,818252	-37,163258	9,50
15	19	-10,819593	-37,159242	12,10	21	45	-10,818172	-37,160925	7,90
15	20	-10,819550	-37,159185	11,70	21	46	-10,818244	-37,160867	7,50
15	21	-10,819560	-37,159114	5,00	21	47	-10,818208	-37,160809	8,90
15	22	-10,819646	-37,159134	11,20	21	48	-10,818241	-37,160805	8,10
17	23	-10,819230	-37,157268	6,60	21	49	-10,818094	-37,160829	8,20
17	24	-10,819246	-37,157180	6,70	21	50	-10,818065	-37,160817	9,90
17	25	-10,819283	-37,157128	7,60	21	51	-10,818081	-37,160749	7,80
17	26	-10,819311	-37,157125	10,60	21	52	-10,818150	-37,160735	6,80

TABELA 6A. Continuação...

Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
21	53	-10,818137	-37,160714	8,40	30	68	-10,815625	-37,160880	5,50
21	54	-10,818198	-37,160693	8,70	30	69	-10,815643	-37,160896	5,20
21	55	-10,818290	-37,160767	8,00	30	70	-10,815568	-37,160793	5,50
21	56	-10,818183	-37,160756	9,70	30	71	-10,815602	-37,160777	9,30
22	57	-10,818113	-37,159690	8,80	30	72	-10,815623	-37,160838	10,40
22	58	-10,818123	-37,159671	9,20	30	73	-10,815698	-37,160803	6,70
22	59	-10,818092	-37,159640	11,20	30	74	-10,815724	-37,160811	7,50
22	60	-10,818146	-37,159624	8,50	30	75	-10,815699	-37,160738	8,60
22	61	-10,818023	-37,159632	8,90	30	76	-10,815643	-37,160754	9,30
22	62	-10,818069	-37,159592	12,20	30	77	-10,815612	-37,160733	6,70
22	63	-10,818144	-37,159530	12,40	30	78	-10,815589	-37,160733	7,30
22	64	-10,818066	-37,159523	17,00	30	79	-10,815627	-37,160708	5,90
22	65	-10,818076	-37,159480	9,00	30	80	-10,815637	-37,160702	4,60
22	66	-10,818062	-37,159471	13,80	30	81	-10,815714	-37,160686	9,20
30	67	-10,815593	-37,160897	6,50	30	82	-10,815713	-37,160678	7,40

TABELA 7A. Indivíduos juvenis de *Schinus terebinthifolia* Raddi localizados na área de reflorestamento misto no município de Laranjeiras, Sergipe.

Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
01	1	-10,823079	-37,160714	2,45	01	27	-10,822929	-37,160651	2,09
01	2	-10,823143	-37,160719	0,65	01	28	-10,822915	-37,160634	3,00
01	3	-10,823113	-37,160762	2,14	01	29	-10,822883	-37,160635	2,46
01	4	-10,823090	-37,160799	0,77	01	30	-10,822895	-37,160639	0,98
01	5	-10,823176	-37,160776	2,60	14	31	-10,819365	-37,161081	0,56
01	6	-10,823178	-37,160781	3,10	14	32	-10,819365	-37,161082	0,56
01	7	-10,823163	-37,160796	2,14	14	33	-10,819463	-37,161061	0,43
01	8	-10,823052	-37,160827	0,66	14	34	-10,819450	-37,161058	0,26
01	9	-10,823041	-37,160816	4,10	14	35	-10,819447	-37,161056	0,45
01	10	-10,823033	-37,160778	0,46	14	36	-10,819441	-37,161048	0,56
01	11	-10,823026	-37,160781	1,77	14	37	-10,819440	-37,161044	0,39
01	12	-10,823024	-37,160784	1,31	14	38	-10,819425	-37,161041	0,37
01	13	-10,823012	-37,160727	2,63	14	39	-10,819514	-37,160983	0,75
01	14	-10,823043	-37,160709	0,89	14	40	-10,819516	-37,160978	0,74
01	15	-10,823020	-37,160730	1,96	14	41	-10,819515	-37,160963	0,82
01	16	-10,823094	-37,160668	3,20	14	42	-10,819560	-37,160948	0,72
01	17	-10,823038	-37,160659	0,78	15	43	-10,819578	-37,159336	0,58
01	18	-10,822982	-37,160695	3,80	15	44	-10,819579	-37,159329	0,42
01	19	-10,822978	-37,160694	5,00	15	45	-10,819544	-37,159316	0,58
01	20	-10,823027	-37,160723	1,18	15	46	-10,819506	-37,159292	0,55
01	21	-10,822948	-37,160693	0,58	15	47	-10,819502	-37,159285	0,38
01	22	-10,822986	-37,160686	1,13	15	48	-10,819502	-37,159276	0,84
01	23	-10,822935	-37,160712	1,13	15	49	-10,819509	-37,159268	0,56
01	24	-10,822985	-37,160704	0,72	15	50	-10,819514	-37,159266	0,31
01	25	-10,822881	-37,160710	0,55	15	51	-10,819550	-37,159248	0,46
01	26	-10,822887	-37,160640	4,50	15	52	-10,819705	-37,159070	0,71

TABELA 7A. Continuação...

Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
15	53	-10,819714	-37,159106	2,70	21	78	-10,818193	-37,160823	0,21
15	54	-10,819711	-37,159102	0,68	21	79	-10,818191	-37,160824	0,40
15	55	-10,819709	-37,159099	4,30	21	80	-10,818179	-37,160819	0,26
17	56	-10,819242	-37,157222	0,64	21	81	-10,818154	-37,160993	0,22
17	57	-10,819428	-37,157107	0,52	21	82	-10,818171	-37,160955	0,45
17	58	-10,819270	-37,157135	0,23	21	83	-10,818178	-37,160942	0,37
17	59	-10,819283	-37,157119	0,56	21	84	-10,81816	-37,160924	0,49
17	60	-10,819299	-37,157108	0,23	21	85	-10,818088	-37,160901	0,23
17	61	-10,819284	-37,157106	0,23	22	86	-10,818068	-37,159545	0,31
17	62	-10,819282	-37,157078	0,20	22	87	-10,818064	-37,159567	0,50
19	63	-10,818222	-37,163223	0,78	22	88	-10,81806	-37,159561	0,57
19	64	-10,818233	-37,163224	0,74	22	89	-10,818060	-37,159559	0,69
19	65	-10,818235	-37,163224	0,58	22	90	-10,818056	-37,159551	0,40
19	66	-10,818136	-37,163163	0,20	22	91	-10,817990	-37,159504	0,32
19	67	-10,818147	-37,163138	0,69	22	92	-10,817953	-37,159444	0,40
19	68	-10,818164	-37,163131	0,70	22	93	-10,817957	-37,159444	0,37
19	69	-10,818195	-37,163146	2,33	30	94	-10,815610	-37,160870	0,09
19	70	-10,818202	-37,163151	2,64	30	95	-10,815610	-37,160875	0,14
19	71	-10,818207	-37,163149	0,25	30	96	-10,815607	-37,160879	0,18
19	72	-10,818226	-37,163145	0,30	30	97	-10,815607	-37,160882	0,09
19	73	-10,818225	-37,163146	0,19	30	98	-10,815588	-37,160833	0,12
19	74	-10,818183	-37,16337	0,70	30	99	-10,815688	-37,160834	0,26
21	75	-10,818241	-37,16092	0,86	30	100	-10,815736	-37,160811	0,09
21	76	-10,818206	-37,160914	0,51	30	101	-10,815676	-37,160766	0,28
21	77	-10,818187	-37,160816	0,61	30	102	-10,815705	-37,160779	0,19

TABELA 7A. Continuação...

Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)	Parcela	N. indivíduo	Latitude	Longitude	Altura (m)
30	103	-10,815675	-37,160802	0,40	30	113	-10,815671	-37,160727	0,11
30	104	-10,815648	-37,160754	0,22	30	114	-10,815661	-37,160711	0,17
30	105	-10,815640	-37,160777	0,21	30	115	-10,815723	-37,160745	0,15
30	106	-10,815596	-37,160759	0,09	30	116	-10,815754	-37,160766	0,24
30	107	-10,815601	-37,160761	0,09	30	117	-10,815747	-37,160719	0,15
30	108	-10,815577	-37,160765	0,16	30	118	-10,815754	-37,160720	0,16
30	109	-10,815585	-37,160753	0,09	30	119	-10,815742	-37,160735	0,25
30	110	-10,815586	-37,160724	0,13	30	120	-10,815738	-37,160749	0,11
30	111	-10,815585	-37,160726	0,07	30	121	-10,815713	-37,160745	0,11
30	112	-10,815657	-37,160717	0,18					



A comparative framework of the *Erythrina velutina* tree species in reforested land and native populations

E.M.S. Souza¹, G.S. Pereira², R. Silva-Mann³, S.V. Álvares-Carvalho⁴ and R.A. Ferreira⁵

¹Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil

²Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia em Recursos Naturais, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil

³Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil

⁴Programa de Pós-Graduação PNPD-CAPES, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil

⁵Departamento de Ciências Florestais, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil

Corresponding author: E.M.S. Souza

E-mail: ericafloresta@yahoo.com.br

Genet. Mol. Res. 15 (2): gmr.15028534

Received February 4, 2016

Accepted March 11, 2016

Published June 17, 2016

DOI <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15028534>

ABSTRACT. *Erythrina velutina* Willd. (Fabaceae: Papilionoideae) is a pioneer species found in tropical and subtropical regions of the world that has medicinal properties and that is used in reforestation projects. This species is rare in some areas of northeastern Brazil. This study aimed to characterize and compare genetic structures of natural and restored populations of *E. velutina*, with a focus on the selection of tree seeds. A total of 108 individuals from five natural populations and one restored population were analyzed using ISSR markers, resulting in 407 polymorphic fragments. A high rate of polymorphism was