

GEORGIA VILELA MARTINS

**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES
NATURAIS DE *Hancornia speciosa* Gomes NO NORDESTE DO
BRASIL**

RECIFE- PE – FEVEREIRO

2011



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA – MELHORAMENTO GENÉTICO DE
PLANTAS

**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES
NATURAIS DE *Hancornia speciosa* Gomes NO NORDESTE DO
BRASIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Melhoramento Genético de Plantas.

ORIENTAÇÃO:

Professor Dr. Edson Ferreira da Silva – UFRPE

RECIFE - PE – FEVEREIRO

2011

GEORGIA VILELA MARTINS

Dissertação defendida e aprovada pela banca examinadora em ___/___/___

ORIENTADOR:

Prof. Dr. Edson Ferreira da Silva – UFRPE

EXAMINADORES:

Dr. Ildo Eliezer Lederman – IPA

Prof. Dr^a Angélica Virgínia Valois Montarroyos –UFRPE

Prof. Dr^a Elizabeth Ann Vaesay – ESALQ/USP

RECIFE - PE, BRASIL

2011

Aos meus pais, Jorge Araújo e Maria do Carmo,

O F E R E Ç O

*Aos meus pais, Jorge e Maria do Carmo,
aos meus irmãos Gustavo e Glauce por
acreditarem em mim e pela força e apoio
em todos os momentos.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sua presença em todos os dias de minha vida;

A minha mãe Maria do Carmo e ao meu pai Jorge e aos meus irmãos Gustavo e Glauce por acreditarem no meu potencial e pelo apoio sempre;

Ao professor Edson Ferreira da Silva pela oportunidade e pela confiança em mim depositada;

Aos professores da Pós Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, em especial aos professores Reginaldo de Carvalho, Gerson Quirino e a Professora Luíza Suelly pela enorme contribuição no conhecimento e a professora Vivian Loges pela simpatia e eterna boa vontade em resolver os problemas dos alunos da pós graduação. A Bernadete (Bete) pela sua simpatia e disposição a nos ajudar sempre. A turma 2009.1 da Pós-Graduação em Melhoramento Genético de Plantas, em especial as amigas eternas, Uíara, Kaliny, Silvany, Morganna e Carliane pela ajuda nas horas difíceis, por várias noites de estudo juntas e também pelos excelentes momentos de lazer. Ao querido amigo Fábio por participar dessa caminhada e pela ajuda em genética molecular. Aos queridos e eternos amigos Helton, Júnior, Mariana e Leonardo, pela amizade e companheirismo nessa longa caminhada. A todos os professores e amigos que fazem parte da Universidade Federal Rural de Pernambuco por participarem da minha formação, em especial, as grandes e eternas amizades que tive oportunidade de fazer durante a minha estada na UFRPE;

A Wellington pela amizade de tantas horas e pela imensa ajuda em todas as horas de necessidade, desde a graduação;

A professora Elizabeth Ann Vaeseey e equipe do laboratório de Genética e Evolução de plantas - ESALQ/USP pelo acolhimento e conhecimento adquirido durante minha estada em Piracicaba;

A Priscilla prima pelo companheirismo, momentos de descontração e apoio;

A Danielly e Cristina pela ajuda no laboratório;

A Rafael Trindade pela amizade e ajuda.

A CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível superior) pela concessão de bolsa durante o mestrado.

Ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pelo apoio financeiro para a realização do projeto.

Enfim,

A todos aqueles que contribuíram e participaram dessa longa caminhada,

O meu eterno, MUITO OBRIGADA!!!

SUMÁRIO

Lista de figuras	vii
Lista de tabelas	viii
Resumo	ix
Capítulo I – Considerações Gerais	12
1. Introdução	13
2. Revisão bibliográfica	16
2.1. Ambientes de ocorrência da mangabeira na região nordeste	16
2.2. Fragmentação da vegetação nos tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas	17
2.3. A <i>Hancornia speciosa</i> Gomes	18
2.3.1. Aspectos botânicos e distribuição da espécie	18
2.3.2. Importância Sócio-econômica	21
2.3.3. Recursos genéticos da mangabeira no Nordeste	23
2.4. Aplicação das isoenzimas no estudo de populações naturais	23
2.5. Variabilidade e estrutura genética em populações naturais	25
2.6. Fluxo gênico	29
2.7. Tamanho efetivo	30
Referências	33
Capítulo II – Diversidade e estrutura genética em populações naturais de <i>Hancornia speciosa</i> Gomes no Nordeste brasileiro	44
Resumo	45
Abstract	46
Introdução	47
Materiais e métodos	48
Resultados e Discussão	51
Conclusão	56
Tabelas e Figuras	57
Referências	63
Anexo	68

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Mangabeira (*H. speciosa*) em ambiente de tabuleiro costeiro 19
- Figura 2.** Mapa do Brasil, em destaque os Estados de Pernambuco e Alagoas indicando as seis populações de *H. speciosa* Gomes amostradas 58
- Figura 3.** Análise de agrupamento das distâncias genéticas de Nei (UPGMA) entre as seis populações mangabeira estudadas 62
- Figura 4.** Relação genética não viesada de Nei (1978) e distância geográfica entre as seis populações de *Hancornia speciosa* estudadas 62

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Identificação das populações e municípios de coleta, número de indivíduos (<i>n</i>) de seis populações de mangabeira (<i>H. speciosa</i>), e suas respectivas coordenadas geográficas	58
Tabela 2. Frequência dos alelos observados em cada loco nas populações de <i>H. speciosa</i> estudadas	59
Tabela 3. Índices de diversidade genética por populações <i>H. speciosa</i> baseados em dez locos isoenzimáticos.....	60
Tabela 4. Coeficientes de coancestralidade avaliado para os 11 locos isoenzimáticos estudados em seis populações naturais de <i>H. speciosa</i>	60
Tabela 5. Identidade genética (<i>G_I</i>), estimativa da divergência genética (<i>F_{S7}</i>) calculadas segundo Nei (1978), fluxo gênico e distância geográfica aos pares de populações de <i>H. speciosa</i>	61

RESUMO

A espécie *Hancornia speciosa* Gomes é uma frutífera nativa do Brasil, conhecida popularmente como mangabeira, que em tupi-guarani significa "fruta boa de comer". Essa espécie tem ampla distribuição no país, encontrando-se principalmente nas regiões Nordeste, Sudeste e Centro Oeste em áreas de tabuleiros costeiros, baixadas litorâneas e cerrado. Dentre as fruteiras nativas a mangabeira vem despertando grande interesse das agroindústrias, pois seu fruto é bastante apreciado para a produção de polpas, sorvete e geléias, assim como para o consumo *in natura*. Apesar de sua ampla distribuição, vem ocorrendo uma drástica redução de sua vegetação nativa, principalmente nos tabuleiros costeiros e nas baixadas litorâneas nordestinas, devido à implantação de monoculturas como coqueirais e canaviais, pastagens e crescente especulação imobiliária e da exploração inadequada feita por meio do extrativismo. Diante do exposto, faz-se necessário, estudos de caráter genético a nível populacional, uma vez que, existem poucas informações sobre aspectos ecológicos e genéticos da espécie. A preocupação em minimizar a perda de diversidade genética da mangabeira vem crescendo, pois o valor dos recursos genéticos de uma espécie está diretamente relacionado com a magnitude da variabilidade genética disponível. Com o intuito de disponibilizar informações sobre os recursos genéticos da mangabeira, os objetivos do presente trabalho foram avaliar a diversidade genética de seis populações naturais de *H. speciosa* Gomes nos Estados de Pernambuco e Alagoas, caracterizar a estrutura genética a partir de marcadores isoenzimáticos. Onze locos polimórficos foram utilizados para estimar as frequências alélicas referentes a 164 indivíduos, distribuídos nas seis populações: Gambá, Itamaracá, Nazaré, Barra de Sirinhaém, Tamandaré, no Estado de Pernambuco, e Maragogi no Estado de Alagoas. As populações apresentaram, em geral, alto nível de polimorfismo, com média de 1,9 alelos por loco. A heterosigosidade média observada apresentou-se maior do que a esperada, onde \hat{H}_e variando entre 0,30 e 0,42. O índice de fixação variou para cada loco

($f = -0,137$ e $-0,788$), apresentando-se negativo para todos, indicando ausência de endogamia e excesso de heterozigotos. O fluxo gênico estimado para as populações aos pares apresentou-se em geral elevado variando de 2,58 a 13,18 evidenciando a alta proporção de migrantes entre populações. O baixo valor da divergência genética ($\theta_p = 0,064$) converge para os altos valores encontrados de fluxo gênico entre as populações.

Palavras chave: isoenzima, variabilidade genética, conservação *in situ*, fluxo gênico, mangabeira

CAPÍTULO I

CONSIDERAÇÕES GERAIS

1 – INTRODUÇÃO

O Brasil é considerado o país detentor da maior biodiversidade do planeta, possuindo grande número de ecossistemas, de espécies que interagem dentro destes ecossistemas, e de alelos que diferenciam os indivíduos de cada espécie em determinada população (GUERRA et al., 1998; VILELA-MORALES & VALOIS, 2000; CLEMENT, 2001). Estima-se que 250 mil espécies de plantas já foram descritas em âmbito mundial e o Brasil é considerado o país mais rico, cerca de 60 mil espécies, correspondente a 22% do total incluindo-se entre elas aproximadamente 500 espécies frutíferas, porém, a maioria dessa biodiversidade ainda foi pouco estudada (ARAGÃO et al., 2002; VIEIRA NETO, 2002), demonstrando que existe grande potencial econômico, ecológico, genético, social e científico ainda desconhecido das espécies (ODALIA-RÍMOLI et al., 2000).

A espécie *Hancornia speciosa* Gomes é uma frutífera nativa do Brasil, conhecida popularmente como mangabeira, que em tupi-guarani significa "fruta boa de comer". Essa espécie ocorre espontaneamente nas Regiões Centro-Oeste, Norte, Nordeste e Sudeste (LEDERMAN et al., 2000). Sendo considerada uma das frutíferas mais promissoras, principalmente na região Nordeste, por sua elevada importância socioeconômica, já que durante parte do ano inúmeras famílias obtiveram na colheita e comercialização do fruto uma importante ocupação e fonte de renda (SILVA JÚNIOR et al., 2006).

O fruto da mangabeira é bastante apreciado, principalmente nas Regiões Nordeste e Centro Oeste, em virtude das excelentes características organolépticas e do elevado valor nutritivo, apresentando teor protéico superior ao da maioria dos frutos, além da boa digestibilidade. A utilização agroindustrial dos frutos é largamente difundida nas regiões Nordeste e Centro Oeste, principalmente na fabricação de suco e do sorvete, podendo ainda ser utilizada na produção de doces, xarope, compotas, vinho e vinagre (LEDERMAN et al., 2000).

Apesar do potencial, as atividades antrópicas como a especulação imobiliária e a implantação de monoculturas (coqueirais, canaviais e

pastagens) têm causado redução da vegetação nativa nas áreas litorâneas do Nordeste, e conseqüentemente, erosão genética nas espécies associadas a este ambiente. As principais áreas de devastação dos remanescentes de mangabeira no Nordeste são os Estados de Pernambuco, Alagoas, Paraíba e Rio Grande do Norte (SILVA JÚNIOR et al., 2006; VIEIRA NETO et al., 2009).

A conservação das espécies em seus habitats requer o conhecimento da variabilidade e da estrutura genética de suas populações naturais, pois, o valor dos recursos genéticos de uma espécie está diretamente relacionado com a magnitude da variabilidade genética disponível (KAGEYAMA et al., 1998; SILVA JÚNIOR et al., 2007).

Neste sentido, é de fundamental importância o entendimento dos padrões de distribuição da variabilidade genética, pois eles estão associados à forma de distribuição dos alelos e genótipos dentro de uma população. De forma generalizada, fazendo com que os indivíduos de uma população de plantas geralmente diferem entre si em diversos caracteres. Técnicas moleculares são usadas para acessar e quantificar esta variabilidade, apontando direções importantes na orientação e na monitoração destes ambientes, mediante a junção de conceitos de ecologia e genética populacional (KAGEYAMA et al., 1998; BOTREL & CARVALHO, 2004).

Os marcadores isoenzimáticos têm sido utilizados com sucesso em estudos genéticos de muitas espécies vegetais na identificação e caracterização de variedades, em estudos de mapeamento genético, avaliação da diversidade genética em populações, bem como para obtenção de estimativas de taxas de cruzamento (LOPES et al., 2002; SOUSA et al., 2007).

As informações geradas em estudos de caracterização da diversidade genética poderão oferecer elementos importantes que facilitarão a definição de estratégias de conservação, a fim de garantir a continuidade do processo evolutivo das populações a longo prazo.

Paiva & Kageyama (1993) apontam a necessidade de um maior número de estudos que caracterizem os eventos relacionados à movimentação dos alelos (níveis de diversidade, estrutura genética, sistema reprodutivo, taxa de

cruzamento, fluxo gênico, etc.) em populações naturais, bem como os vetores envolvidos e sua ação. Do mesmo modo, a integração dos fatores ligados à estrutura genética e às dinâmicas ecológicas e evolutivas é de fundamental importância para que haja a definição de estratégias efetivas de conservação a fim de garantir a sobrevivência de espécies e populações em longo prazo (BOTREL & CARVALHO, 2004; WALDT & KAGEYAMA, 2004).

Os objetivos do presente trabalho foram avaliar a diversidade genética dentro e entre seis populações naturais de *H. speciosa* Gomes nos Estados de Pernambuco e Alagoas a partir de marcadores isoenzimáticos. Procurou-se estimar a magnitude e a distribuição da variabilidade genética, avaliar o fluxo gênico entre as populações e disponibilizar informações que poderão ser utilizadas em programas de conservação e/ou melhoramento genético da espécie.

2 – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 – Ambientes de ocorrência da mangabeira na Região Nordeste

A região Nordeste do Brasil é constituída por 20 grandes unidades geoambientais de paisagem que são divididas conforme suas características morfoestruturais, geomorfológicas e geográficas. Dentre estas estão os tabuleiros costeiros e a baixada litorânea na faixa costeira do Brasil (CINTRA & LIBARDI, 1998; SILVA JÚNIOR et al., 2006).

Os tabuleiros costeiros estão presentes em todo o litoral do Nordeste brasileiro, com área estimada de 98.503 km², correspondendo a 5,92% da região Nordeste. Esta paisagem apresenta topografia plana ou suavemente ondulada, baixa fertilidade natural e elevada profundidade dos solos. Corresponde em sua maior parte à Zona da Mata, cuja vegetação original era a floresta tropical, hoje em grande parte devastada pela exploração econômica predatória ou substituída por áreas agrícolas. A baixada litorânea por sua vez, apresenta 32.838 km², que corresponde a 1,97% do Nordeste, e nesta paisagem, estão incluídas restingas, dunas, praias e manguezais (CINTRA & LIBARDI, 1998; SILVA JÚNIOR et al., 2006).

A importância social e econômica desses ambientes nos Estados da Bahia, Sergipe, Alagoas, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte e Ceará é demonstrada através das grandes concentrações urbanas e pela diversidade de explorações agrícolas com grande potencialidade para produção de alimentos (CINTRA & LIBARDI, 1998).

A vegetação típica dos tabuleiros e das baixadas litorâneas são as florestas ombrófila densa (Pluvial tropical), estacional semidecidual (Tropical subcaducifólia), estacional decidual (Tropical caducifólia), savana (Cerrado), savana estéptica (Caatinga), formações pioneiras (Praias, dunas, restingas, manguezais, depressões brejosas) e vegetação de transição (Tensão ecológica). Muitas espécies frutíferas estão associadas a essas formas de vegetação, como o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), o jenipapeiro (*Genipa*

americana L.), a cajazeira (*Spondias mombim* L.), o araçazeiro (*Psidium* spp.), a pitangueira (*Eugenia uniflora* L.), a mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), entre outras (SILVA JÚNIOR et al., 2006).

2.2- Fragmentação da vegetação nos tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas

Historicamente as áreas costeiras apresentam destaque na atividade agrícola desempenhando papel importante no desenvolvimento econômico do Brasil, principalmente a partir da implantação de monoculturas como a cana-de-açúcar, o coco, o cacau e os citros. Entretanto, a forma de exploração dos recursos naturais pela agricultura praticada na referida região está levando a transformação drástica dessas paisagens e ao esgotamento dos recursos genéticos nativos desses ambientes (DIÉGUES & ROSMAN, 1998; SILVA JÚNIOR et al., 2006).

A degradação dos recursos naturais e a fragmentação de habitats, conseqüências das atividades antrópicas, têm causado declínio na biodiversidade e perda irreparável da variabilidade genética de grande parte dos recursos genéticos vegetais existentes levando algumas espécies nativas a extinção (COSTA et al., 2009; ALLPHIN et al., 1998). Segundo Costa et al. (2009), a redução do tamanho original das áreas com cobertura vegetal nativa tem provocado erosão genética em populações de várias espécies, e de acordo com Heywood & Iriondo (2003), nos últimos 50 anos a intensidade das ações antrópicas sobre o meio ambiente tem causado perda, degradação e fragmentação de habitats, com subsequente perda de espécies e da variabilidade genética.

Souza et al. (2007a) afirmam que há necessidade de se conhecer a situação atual de distribuição das espécies nesses ambientes florestais para garantir a possibilidade de se gerar estratégias que busquem a conservação destas áreas e permitam que sejam traçadas metas para recuperação, recomposição e restauração de suas populações.

Para a conservação de espécies, tanto animal quanto vegetal, há duas alternativas, a conservação *in situ*, onde as espécies são mantidas em seus habitats naturais de origem, preservando seu ecossistema inteiro, e a conservação *ex situ* a qual ocorre em condições artificiais, fora do seu habitat natural (GRIFFITH, 1987).

A vantagem da conservação *in situ* sobre a *ex situ*, está justamente na preservação de maior biodiversidade, visto que, preserva o ecossistema inteiro e não apenas amostras de germoplasmas de uma espécie. Para retirar a espécie de seu habitat original e colocá-la numa coleção *ex situ* deve-se ter conhecimento suficiente sobre estas espécies para garantir sua sobrevivência em condições controladas (GRIFFITH, 1987; KAGEYAMA, 1987; VILELA-MORALES & VALOIS, 1996). Segundo Kageyama (1987) a conservação *in situ* é a mais adequada para espécies arbóreas tropicais por manter a espécie no seu ambiente natural conservando o máximo possível do número de alelos e/ou a diversidade de genótipos para que a evolução ocorra de forma contínua.

2.3 - A espécie *Hancornia speciosa* Gomes

2.3.1 – Aspectos botânicos e distribuição da espécie

A *Hancornia speciosa* Gomes, conhecida popularmente como mangabeira, é uma frutífera nativa do Brasil (Figura 1). Pertence à classe *Dicotyledoniae*, ordem *Gentianales*, família *Apocinaceae* e ao gênero *Hancornia*. Esse gênero é considerado monotípico por apresentar apenas a espécie *H. speciosa*, porém, são descritas seis variedades botânicas para esta espécie, *H. speciosa* var. *speciosa*, *H. speciosa* var. *maximiliani*, *H. speciosa* var. *cuyabensis*, *H. speciosa* var. *lundii*, *H. speciosa* var. *gardneri* e *H. speciosa* var. *pubescens*, as quais se diferenciam por algumas características morfológicas, principalmente relacionadas às folhas, flores e frutos (MONACHINO, 1945; GANGA et al., 2010). A variedade *speciosa* ocorre predominantemente no Nordeste, a *gardneri* ocorre no Brasil Central; a *pu-*

bescens em Goiás e Minas Gerais; a *cuyabensis* no Mato Grosso, mais especificamente na Chapada dos Guimarães; a variedade *maximiliani* em Minas Gerais e a *lundii* ocorre nos Estados de Minas Gerais, Pernambuco, Bahia e Goiás (MONACHINO, 1945).

A mangabeira é uma árvore de porte médio, que pode atingir até dez metros de altura, apresenta copa irregular, tronco tortuoso, bastante ramificado e áspero. As folhas são opostas, simples, pecioladas, glabras, brilhantes e coriáceas. Suas flores são do tipo inflorescência apresentando entre uma e sete flores de coloração branca (SILVA JÚNIOR et al., 2006; FERREIRA, 2006).



Figura 1. Mangabeira (*H. speciosa*) em ambiente de tabuleiro costeiro

Na região Nordeste, a mangabeira floresce entre os meses de agosto e outubro, durante o período de seca, e o amadurecimento dos seus frutos ocorre nos meses de pleno verão, entre janeiro e março, período esse conhecido como safra-botão. Existe uma segunda época de florescimento, no

Nordeste ocorre entre os meses de abril a junho, que é a época de chuvas, é conhecida como safra-das-flores e o amadurecimento dos frutos ocorre nos meses de julho a setembro. As flores da mangabeira são hermafroditas e apresentam auto-incompatibilidade, o que a torna dependente de polinizadores, caracterizando-a uma espécie tipicamente alógama (SILVA JÚNIOR et al., 2006).

O fruto da mangabeira é uma baga aromática, de forma elipsoidal ou arredondada, variando entre 2,5 a 6,0 cm de diâmetro. Apresenta exocarpo amarelo ou esverdeado com ou sem manchas avermelhadas, sua polpa é bastante suave, doce, carnosos-viscosa e ácida. Cada fruto contém geralmente três sementes discóides, com diâmetro variando entre 7 e 8 mm (LEDERMAN et al., 2000; FERREIRA & MARINHO, 2007).

A mangabeira é uma espécie natural da zona de transição entre a vegetação tipo cerrado e bosque tropical atlântico no Brasil. Ocorre em várias regiões do país, desde os tabuleiros costeiros e baixada litorânea do Nordeste, onde é mais abundante, até em áreas de cerrado das regiões Centro-Oeste e Sudeste, e ocorre principalmente em áreas de vegetação aberta como cerrados, tabuleiros e restingas (VILLACHICA et al., 1996). Silva Júnior et al. (2006) relatam ainda sua ocorrência no Paraguai e na Bolívia.

Em geral, a mangabeira se desenvolve em solos ácidos, com baixo teor de matéria orgânica e nutriente, principalmente solos arenosos e não encharcados (VIEIRA NETO, 2002; SOARES et al., 2004). A temperatura média ideal para a mangabeira é cerca de 25°C, podendo ser encontrada em zonas com temperaturas mínimas e máximas de 15 a 34°C respectivamente. Por ser uma planta heliófita é muito exigente quanto à luminosidade e tolerante a períodos de déficit hídrico que é característico da região de seu desenvolvimento (VIEIRA NETO, 2002; SILVA JÚNIOR et al., 2006).

2.3.2 - Importância Sócio-econômica

Dentre as frutíferas nativas, a mangabeira tem apresentado grande potencial de consumo para o mercado brasileiro, se destacando pela vasta utilização e pelas características organolépticas dos seus frutos (LEDERMAN & BEZERRA, 2006; FERREIRA & MARINHO, 2007). Essa frutífera tem se destacado por sua importante contribuição socioeconômica, já que tem contribuído no reforço do orçamento de inúmeras famílias, que através do extrativismo, comercializam os frutos junto à população local, além de serem excelentes fontes nutricionais para as populações de baixa renda (LEDERMAN & BEZERRA, 2006; CAPINAN, 2007).

Apesar do aproveitamento ser bastante variado, o fruto é o principal produto, apresentando valor comercial significativo, devido aos excelentes aroma e sabor (SILVA JÚNIOR et al., 2006). Segundo Souza et al. (2007a), em Sergipe, a mangaba é uma das frutas mais abundantes e procuradas nas feiras livres, atingindo preço superior ao da uva e de outras frutas nobres.

Tais frutos são bastante utilizados no consumo *in natura*, porém, seu maior aproveitamento se dá nas formas processadas de polpas congeladas e sorvetes, além de doces, compotas, geléias, licores, xaropes, vinhos e vinagres. No Nordeste e Centro-Oeste do Brasil a mangabeira é uma das maiores produtoras de matéria-prima para indústrias de sucos e sorvetes (SOARES et al., 2004; FERREIRA & MARINHO, 2007).

Em média o fruto apresenta cerca de 77% de polpa, 11% de casca e 12% de semente, porém, apenas a polpa tem relevância no setor comercial. Apresenta excelente valor nutritivo, sendo que o teor de proteínas de 0,7g/100g de polpa é superior ao da maioria das espécies frutíferas. Esse fruto também é rico em diversos outros nutrientes como as vitaminas A, B₁, B₂ e C, além de ferro, fósforo e cálcio (SOARES et al., 2004). Segundo o mesmo autor o elevado teor de ferro, cerca de 28mg/100g de polpa, faz com que a mangaba seja uma das frutas mais ricas neste mineral.

De acordo com Vieira Neto et al. (2009), a região Nordeste, produziu no ano de 2005, cerca de 806 toneladas de frutos de mangabeira a partir da exploração extrativista, sendo Sergipe, Bahia e Rio Grande do Norte os maiores produtores de mangaba, respectivamente. Apesar da crescente conquista no mercado a mangabeira continua a ser uma cultura essencialmente extrativista, com raras exceções, não existem ainda pomares implantados com a finalidade de exploração comercial para a produção de frutos (ARAGÃO, 2003; LEDERMAN & BEZERRA, 2006). Lederman et al. (2000) relatam que o volume de frutos que chegam ao mercado geralmente não consegue atender à demanda das agroindústrias. Diante da crescente demanda por frutos e da gradual diminuição da oferta, devido principalmente à crescente devastação da vegetação nativa, fica evidente a necessidade do estabelecimento de políticas voltadas para o fortalecimento da cadeia produtiva da mangaba (VIEIRA NETO et al., 2009).

Segundo Dias et al. (2009), a exploração de uma espécie nativa depende de conhecimento técnico a respeito da propagação e do comportamento da mesma com relação às variações ambientais. De forma generalizada, as instruções técnicas são escassas para espécies nativas, havendo necessidade de realização de pesquisas que viabilizem sua exploração e inserção no mercado consumidor. Outra barreira para o aproveitamento sócio-econômico e para as pesquisas relacionadas a espécies frutíferas nativas é a forte pressão do mercado consumidor de frutas tradicionais de clima tropical e subtropical, já adaptadas, como também pelo mercado de frutas de clima temperado, adimatadas (SANTOS et al., 2010).

Além do fruto, outras partes da mangabeira também são utilizadas, porém com menor destaque. O látex extraído do tronco é utilizado para a produção de borracha (PINHEIRO & PINHEIRO, 2006), apresentando ainda importância na medicina popular para tratamento de doenças como, tuberculose, úlceras, herpes, dermatoses e verrugas (SOARES et al., 2004). A madeira é utilizada em carpintaria para a confecção de caixas e na produção de lenha e carvão (SALOMÃO et al., 2005).

2.3.3 Recursos Genéticos da Mangabeira no Nordeste

Recursos genéticos são definidos como o conjunto de amostras de plantas, animais ou microorganismos que são obtidas com o objetivo de tornar disponíveis caracteres genéticos úteis e com valor atual ou potencial, e representa fonte primária de variabilidade para o aperfeiçoamento dos organismos (BERTOLDI, 2005).

Os recursos genéticos da mangabeira estão muito ameaçados na maioria dos Estados do Nordeste, principalmente em Pernambuco, Alagoas, Paraíba e Rio Grande do Norte devido à redução da área de remanescentes dos ecossistemas onde ocorre esta espécie (SILVA JÚNIOR et al., 2006). Essa diminuição é decorrente da fragmentação florestal, expansão imobiliária, e aumento das áreas cultivadas com cana de açúcar, coqueiros, pastagens, entre outras atividades. Os mesmos autores relatam que a mangabeira está passando por grande erosão genética em decorrência das atividades antrópicas.

A conservação dos remanescentes florestais em sua área de ocorrência natural é quase inexistente no Nordeste e a conservação *in situ* é dificultada pela vulnerabilidade das reservas biológicas existentes á ações antrópicas (GRIFFITH, 1987; SILVA JÚNIOR et al., 2006). Salomão et al. (2005) afirmam que ainda não existem estratégias para conservação *in situ* da mangabeira, e que há necessidade de se priorizar estudos para a conservação de germoplasma dessa espécie.

2.4 – Aplicação das isoenzimas no estudo de populações naturais

As isoenzimas são definidas como diferentes formas moleculares de uma mesma enzima que apresentam capacidade de catalisar a mesma reação na célula, Sendo conhecidas como marcadores genéticos bioquímicos, pois são produtos da expressão dos genes (ALFENAS et al., 1998).

O princípio básico adotado para utilização de dados isoenzimáticos é a diferença de mobilidade das isoenzimas em um campo elétrico, decorrente das diferenças nas seqüências de DNA que codificam tais enzimas. A eletroforese apresenta princípio simples, onde as moléculas de carga negativa migram para o pólo positivo e as moléculas de cargas positivas migram para o pólo negativo, ou seja, visa à separação de moléculas em função de suas cargas elétricas, tamanho e conformação (ALFENAS et al., 1998). Caso dois indivíduos apresentem diferenças na mobilidade, assume-se que essas diferenças apresentam base genética e sejam herdáveis (SOUZA, 2007b).

O controle genético dos marcadores bioquímicos se dá por meio de vários genes, que podem ser alelos em um mesmo loco ou estar situados em locos diferentes. A expressão das isoenzimas é codominante, isto é, em um indivíduo diplóide, ambos os alelos de um loco são expressos e facilmente visualizados, expressa herança mendeliana simples não permitindo a identificação de efeitos deletérios, epistáticos e pleiotrópicos o que as torna excelentes marcadores (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996; GLASENAPP, 2007).

Para interpretar os padrões de bandas resultantes da eletroforese isoenzimática é importante ter conhecimento prévio das subunidades que formam a enzima, por exemplo, as enzimas monoméricas são compostas apenas de um polipeptídeo, enquanto que enzimas diméricas são formadas por dois polipeptídios, as triméricas por três, e as tetraméricas por quatro (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996). Os indivíduos heterozigotos para uma enzima monomérica apresentam duas bandas referentes aos dois polipeptídios expressos pelos seus dois alelos no caso de indivíduos diplóides. No caso dos indivíduos heterozigotos para uma enzima dimérica além das duas bandas correspondentes aos dois polipeptídios, apresentam uma terceira banda intermediária, produto da conjugação dos dois polipeptídios, da mesma forma ocorre com os indivíduos heterozigotos para enzimas tri e tetraméricas, apresentando duas e três bandas intermediárias (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996; WENDEL & WEEDEN, 1989). Para os homozigotos, a

banda formada é sempre simples, pois o indivíduo apresenta apenas a produção de um tipo da enzima (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996).

Indubitavelmente, as isoenzimas contribuíram para avanços expressivos na genética, principalmente na área da genética de populações, revelando uma quantidade significativa de variação nos mais diferentes organismos (PINTO et al., 2001). As isoenzimas têm sido utilizadas em estudos com muitas espécies vegetais para a caracterização, estimativas de diversidade genética, estimativas de taxas de cruzamento natural e estudos de mapeamento genético (SOLTIS & SOLTIS, 1989). Padrões isoenzimáticos foram utilizados em estudos de caracterização e variabilidade em populações naturais de várias espécies, como *Cryptocarya moschata* (MORAES et al., 1999), *Dimorphandra mollis* BENTH. (GONÇALVES et al., 2010), *Annona crassiflora* Mart. (TELLES et al., 2003), *Calophyllum brasiliense* Camb. (BOTREL et al., 2006) e *Spondias monbim* L. (SILVA et al., 2009).

A utilização de dados moleculares podem ser aplicados para melhor compreender a dinâmica dos alelos nas populações de uma determinada espécie, fornecendo subsídios para o maior entendimento dos processos microevolutivos que atuam nas populações (REIS, 1996). Muitos estudos têm sido realizados sobre a variabilidade e a estruturação genética de populações naturais de espécies arbóreas tropicais com o uso da eletroforese de isoenzimas. Mesmo nos dias atuais com o surgimento de técnicas moleculares mais modernas, as isoenzimas continuam marcadores muito úteis para estudos genéticos (LOPES et al., 2002; BITTENCOURT, 2007). A distribuição da variabilidade genética nas populações serve como base para o melhoramento genético e preservação das espécies a partir dos dados obtidos pela eletroforese de isoenzimas (TELLES et al., 2001).

2.5 - Variabilidade e estrutura genética em populações naturais

Do ponto de vista genético, população é um conjunto de indivíduos da mesma espécie, que convivem em uma mesma área geográfica e que têm

capacidade de se inter acasalarem ao acaso, ou seja, trocam alelos que são transmitidos de uma geração para outra (ROBINSON, 1998).

A variabilidade é a condição fundamental para que haja evolução de uma espécie, uma vez que a seleção natural atua entre as variantes que ocorrem dentro das populações em função da adaptação ao ambiente, convergindo para a variação entre populações e, finalmente, para a variação entre espécies (TORGLER et al., 1995; VIDAL et al., 2006).

Em populações naturais, a distribuição da variabilidade é influenciada pelo modo de reprodução, sistemas de cruzamento, tamanho efetivo da população, fluxo gênico e distribuição geográfica, assim como fatores ambientais que possam influenciar ou direcionar essa distribuição (PAIVA & KAGEYAMA, 1993; AYRES & RYAN, 1999). A distribuição da variabilidade é resultante da interação de diversos fatores evolutivos, tais como mutação, migração, seleção e deriva genética (WALDT & KAGEYAMA, 2004).

Contudo, é de importância primária para a manutenção da diversidade genética e conseqüentemente do potencial evolutivo das espécies, o conhecimento da forma de organização da variabilidade genética nas populações (BOTREL & CARVALHO, 2004; BITTENCOURT, 2007). A conservação de espécies tem por base a manutenção dos níveis naturais de variabilidade genética nas populações (YEEH et al., 1996).

Os padrões de distribuição de variabilidade genética estão associados à forma como os alelos e os genótipos estão distribuídos no tempo e espaço, seja entre populações distintas geograficamente, dentro de um grupo local, ou mesmo em grupos de progênes (BOTREL & CARVALHO, 2004; BITTENCOURT, 2007; TARAZI et al., 2009).

A estruturação genética de uma população está relacionada a distribuição não casual de alelos ou genótipos no tempo e no espaço, resultante da ação e das interações de vários mecanismos evolutivos e ecológicos (LOVELESS & HAMRICK, 1984). A estrutura genética possibilita o entendimento do nível de endogamia biparental, à distribuição espacial dos

genótipos, o sistema de reprodução que controla a união dos gametas para a formação das progênes, à seleção natural, à deriva genética, às taxas de mutação e os processos de crescimento, mortalidade e reposição dos indivíduos que dão origem às populações futuras (GUSSON et al., 2005; BITTENCOURT, 2007).

Do ponto de vista ecológico, a estrutura genética é caracterizada pela natureza das relações entre os indivíduos com o ambiente, as interações entre os indivíduos e populações locais e também pela densidade populacional. Já do ponto de vista genético-evolutivo, esta estrutura se caracteriza pela variabilidade morfológica e quantitativa existentes entre indivíduos, estratégias adaptativas aos ambientes locais, sistema de reprodução e padrões de fluxo gênico (MARTINS, 1987).

Um programa de conservação ou de melhoramento genético para qualquer espécie necessita previamente do conhecimento dos padrões de distribuição da variabilidade genética nas populações naturais, pois, a partir desse conhecimento a exploração da variabilidade genética existente será realizada de forma racional, tanto para o uso direto no melhoramento genético, quanto para orientar a coleta, amostragem, conservação e preservação de germoplasma (PAIVA & KAGEYAMA, 1993; BOTREL & CARVALHO, 2004; REIS et al., 2009).

O estudo genético de populações tem o objetivo de descrever a quantidade de variação genética existente na área de estudo e quantificar da variabilidade genética de uma espécie, permitindo acesso às informações referente aos recursos genéticos disponíveis na população (HAMRICK & GODT, 1989; BITTENCOURT, 2007). O conhecimento da estrutura genética espacial pode melhorar a eficiência da amostragem objetivando maximizar a diversidade gênica ou minimizar os cruzamentos endogâmicos (GUSSON et al., 2005), sendo assim, é importante para se evitar perda de diversidade genética em populações que são ameaçadas por atividades madeireiras, desmatamento e fragmentação de hábitat, entre outros fatores (MORAES &

DERBYSHIRE, 2002).

Os estudos de estrutura genética são fundamentados no teorema de Hardy-Weinberg, o qual é a base da teoria genética da evolução. Este teorema assume a premissa que de uma geração para a outra não há mudança na abundância relativa dos alelos; a única mudança na composição genética da população é a redistribuição dos genótipos em frequências que serão mantidas em todas as gerações subsequentes, no modelo clássico de população infinita, de cruzamento aleatório, ocorrendo ausência de mutação, migração e seleção (FUTUYMA, 1992). Tal fato permite que sejam feitas inferências estatísticas, pois quando ocorrem desvios das proporções esperadas pelo Equilíbrio de Hardy-Weinberg significa que alguma das pressuposições do modelo foi violada e, então, são propostos modelos alternativos para a verificação das possíveis causas do desvio. Segundo o mesmo autor, as principais alterações nas frequências alélicas nas populações naturais podem ser decorrentes de processos sistemáticos como mutação, fluxo gênico e seleção natural ou processo dispersivo, como a deriva genética (FALCONER & MACKAY, 1996).

Os parâmetros genéticos populacionais estimados com base em marcadores genéticos podem ser utilizados para diversos fins. Quando o objetivo é a conservação de espécies estes parâmetros podem ser úteis na detecção de populações que apresentem diferentes magnitudes de variabilidade genética e que, portanto, requerem diferentes estratégias para sua conservação *in situ* ou *ex situ* (TELLES et al., 2003). Se o interesse é a domesticação e o uso comercial, estes parâmetros podem auxiliar na definição de programas de coleta visando à seleção de apenas parte da variabilidade que seja de interesse para o melhorista (BORÉM, 1998).

Em populações naturais, os estudos de variação genética envolvem duas questões básicas, descrever os níveis de variação genética mantida dentro das populações ou de espécies e o modo como a essa variação está partilhada dentro e entre essas populações (HAMRICK, 1983; LOVELESS & HAMRICK, 1984).

2.6 – Fluxo gênico

O termo fluxo gênico é usado para se referir aos mecanismos que resultam na movimentação de alelos de uma população para outra, ou seja, é o movimento de genes, seja a partir de movimento dos gametas, propágulos, ou indivíduos que efetivamente trocam alelos. (SLATKIN, 1985; NEIGEL, 1997).

A troca de genes entre populações é capaz de determinar a extensão das mudanças genéticas em populações locais, sendo um importante fator evolutivo que determina os genes em comum compartilhados entre os indivíduos das populações (MARTINS, 1987; FENSTER, 1991; GARANT et al., 2007). O fluxo gênico promove a disseminação de genes e genótipos de uma espécie (SLATKIN, 1987; MCDERMOTT & MCDONALD, 1993) e pode ser considerado benéfico por prevenir a depressão endogâmica e a redução da variação genética em populações (SEOANE, 2007).

Segundo Futuyama (1992), existem diversos modelos de fluxo gênico que correspondem às diferenças na estrutura da população, dentre os quais se incluem:

1. O modelo “continente-ilha”, no qual existe um movimento efetivo unidirecional de uma população grande, “continental”, para uma unidade menor, isolada;
2. O modelo de “ilha”, no qual a migração ocorre ao acaso entre o grupo de pequenas populações;
3. O modelo de “alpondras” (*stepping-stone*), no qual cada população recebe migrantes de populações vizinhas;
4. O modelo de “isolamento pela distância”, no qual o fluxo gênico ocorre localmente entre os vizinhos, em uma população contínua.

O fluxo de genes tanto dentro como entre populações está diretamente relacionado com a estrutura reprodutiva das plantas, estando praticamente impedido no caso de populações que se reproduzem assexuadamente e ocorrendo em diferentes modos e graus no caso de populações com

reprodução sexuada (MARTINS, 1987). As plantas dispersam seus genes durante dois estágios de vida: a dispersão do pólen antes da fertilização e a dispersão da semente após fertilização e desenvolvimento do embrião (HAMRICK 1982; SEOANE, 2007).

Segundo Hamrick & Loveless (1986), diferentes padrões na dispersão das sementes têm efeitos nos níveis de variação genética dentro das populações e na distribuição da variação genética entre as populações. Já com relação à dispersão de pólen, espécies tipicamente alógamas apresentam variação genética maior dentro das populações e menor entre elas, pois a divergência entre populações é inversamente proporcional ao fluxo gênico. No caso de populações que se reproduzem por autofecundação, onde se tem limitada dispersão de sementes, ocorre baixa variação dentro das populações e alta entre elas (LOVELESS & HAMRICK, 1987).

A importância do fluxo gênico está em contrapor os efeitos da deriva, que causa perda de alelos, caso a população permaneça isolada por várias gerações (SEOANE et al., 2000). O fluxo pode ser quantificado por métodos diretos ou indiretos, no modelo direto o fluxo é baseado na distância de transportes dos grãos de pólen e sementes, envolvem corantes como marcadores morfológicos e análise de paternidade, os quais possuem a limitação de só poderem ser aplicados em populações pequenas (ZUCCHI, 2002), enquanto que o indireto baseia-se na relação inversa entre divergência (\hat{F}_{ST}) entre populações e o número de migrantes por geração (Nm).

2.7 - Tamanho efetivo populacional

Guerra (2008) relata que a primeira definição de tamanho efetivo (\hat{N}_e) foi proposta por Wright (1931), sendo definida como o tamanho de uma população ideal em que a composição genética é influenciada por processos aleatórios, Digite a equação aqui.como deriva genética, da mesma maneira que uma população real de tamanho físico (N).

Em populações naturais ocorre a sobreposição de gerações, existindo indivíduos que ainda não atingiram a idade reprodutiva e outros que já a

ultrapassaram. Para a análise genética de uma população, os indivíduos destas duas categorias não contam para o tamanho efetivo (ROBINSON, 1998). Dessa forma, a medida de representatividade que se refere ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe, assim, diz respeito à representatividade genética de amostras, a fim de minimizar as eventuais perdas de alelos no processo de sua conservação (SEBBENN & SEOANE, 2005). Este é um parâmetro crucial para o julgamento do impacto da deriva sobre a estrutura genética de populações (VENCOVSKY, 1987).

O entendimento da relação entre o tamanho efetivo e o tamanho real de uma população de plantas é fundamental para um planejamento de conservação porque uma grande diferença entre N e \hat{N}_e pode iludir os pesquisadores quanto ao status de uma espécie. De forma geral, esta relação depende basicamente da variabilidade entre os indivíduos ao longo do tempo de seu sucesso reprodutivo, combinando tanto variáveis populacionais ecológicas quanto as genéticas (MORAES et al., 2002).

A diminuição do tamanho efetivo populacional é, portanto, um dos principais responsáveis pela perda de variabilidade em populações ameaçadas de extinção (VENCOVSKY, 1987). O tamanho efetivo inadequado pode acarretar mudanças aleatórias nas frequências alélicas ou deriva genética e também ao aumento da endogamia nas próximas gerações, que tem efeitos deletérios sobre a sobrevivência e vigor das espécies florestais, além do distanciamento entre indivíduos reprodutivos, a diminuição do fluxo gênico e o aumento da divergência genética entre as populações remanescentes de espécies arbóreas (SEBENN & SEOANE, 2005; BOTREL et al., 2006). Segundo Shimizu et al. (2000), a excessiva fragmentação das populações submete-as a um acentuado efeito de borda e à redução no seu tamanho efetivo, comprometendo a sustentabilidade tanto das populações da espécie em questão, quanto dos demais organismos, plantas ou animais associados.

Do ponto de vista da Genética de Populações, a erosão genética e as

medidas de minimização de seus efeitos, podem ser enfocadas sob a ótica do tamanho efetivo populacional, visto que, esse parâmetro permite que o número mínimo viável de indivíduos em uma população para que haja a representatividade efetiva da variabilidade genética (VENCOVSKY, 1987).

Segundo Kageyama et al. (1998), existem poucos exemplos de quantificação em relação à perda da diversidade genética pela fragmentação se referem a espécies arbóreas e herbáceas de clima temperado, com poucos casos estudados de espécies arbóreas tropicais. A redução da variação genética foi observada nas espécies herbáceas *Salvia pratensis*, *Scabiosa columbaria* e *Gentiana pneumonanthe* e na arbórea *Eucalyptus albens* (YOUNG et al., 1996). Hall et al. (1996) observaram menores níveis de diversidade genética em populações menores de *Pithecelobium elegans*.

O tamanho efetivo populacional pode ser estimado através dos componentes de variância, metodologia descrita por Vencovsky (1997). O estimador para indivíduos adultos de uma simples população pode ser calculado a partir da fórmula: $\hat{N}e = n/(1+f)$, com n sendo o número de plantas adultas e f o coeficiente de endogamia intrapopulacional.

O $\hat{N}e$ é um parâmetro de grande importância para delimitar área mínima viável para conservação *in situ* de uma espécie (SEBBENN, 1997). Além disso, o conhecimento do $\hat{N}e$ pode contemplar também os planos de conservação *ex situ*, pois, a coleta de sementes para coleções de germoplasma deve ser feita de maneira a se amostrar o máximo da representatividade genética (PÓVOA, 2002).

REFERÊNCIAS

ALFENAS, A. C.; PETERS, I.; BRUNE, W.; PASSADOR, G. C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1998, 574 p.

ALLPHIN, L.; WINDHAM, M. D.; HARPER, K. T. Genetic diversity and gene flow in the endangered dwarf bear poppy, *Arctomecon humilis* (Papaveraceae). **American Journal of Botany**. Baltimore, v. 85, n. 9, p. 1251-1261, 1998.

ARAGÃO, G. C. Industrialização e comercialização da mangaba em pequenas empresas: a experiência do pomar. In: **Simpósio Brasileiro Sobre a Cultura da Mangaba**, 2003, Aracaju, SE. Anais... Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. 1CD-ROM.

ARAGÃO, W. M. RANGEL, M. S. A.; ANDRADE, L. N. T.; COSTA, A. S. Recursos genéticos de fruteiras nativas e naturalizadas potenciais dos tabuleiros costeiros e da baixada litorânea nordestinos. In: VIEIRA NETO, R. D. **Frutíferas potenciais para os tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas**. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2002. p. 10-20.

AYRES, D. R.; RYAN, F. J. Genetic diversity and structure of the narrow endemic *Wyethia reticulata* and its congener *W. bolanderi* (Asteraceae) using RAPD and allozyme techniques. **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 86, n. 3, p. 344-353, 1999.

BERTOLDI, M. R. Regulação internacional do acesso aos recursos genéticos que integram a biodiversidade. **Direito Ambiental**, São Paulo, v. 39, p. 127-146, 2005.

BITTENCOURT, R. **Caracterização da estrutura genética interna e aspectos da autoecologia de uma população natural de imbuia (*Ocotea porosa* - Lauraceae)**. 2007, 84 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Curso de Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2007.

- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 1998, 453 p.
- BOTREL, M. C. G.; CARVALHO, D. Variabilidade isoenzimática em populações naturais de jacarandá paulista (*Machaerium villosum* Vog.). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 27, n. 4, p. 621-627, 2004.
- BOTREL, M. C. G.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D.; PINTO, S. I. C.; MOURA, M. C. O.; ESTOPA, R. A. Caracterização genética de *Calophyllum brasiliense* Camb. em duas populações de mata ciliar. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 30, n. 5, p. 821-827, 2006.
- CAPINAN, G. C. S. **Seleção de germoplasma de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) definidos por marcadores morfológicos e moleculares**. 2007. 83 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Curso de Fitotecnia, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz Das Almas, 2007.
- CINTRA, F. L. D.; LIBARDI, P. L. Caracterização física de uma classe de solo do ecossistema do Tabuleiro Costeiro. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 55, p. 367-378, 1998.
- CLEMENT, C. R. Melhoramento de espécies nativas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos & melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso - Fundação MT, 2001. p. 423-441.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ROA, R. A. R.; BUNGENSTAB, D. J.; MARTINS, W. J.; ROEL, A. R. Melhoramento genético de erva-mate nativa do Estado de Mato Grosso do Sul. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 3, p. 611-619, 2009.
- DIAS, T. J. PEREIRA, W. E.; CAVALCANTE, L. F.; RAPOSO, R. W. C.; FREIRE, J. L. O. Desenvolvimento e qualidade nutricional de mudas de mangabeiras cultivadas em substratos contendo fibra de coco e adubação fosfatada. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 2, p. 512-523, 2009.

DIÉGUES, A. C. S.; ROSMAN, P. C. **Caracterização dos ativos ambientais em áreas selecionadas na zona costeira brasileira**. Ministério do Meio Ambiente, Brasília. 1998, 140 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Longman, Essex UK, 1996, 464 p.

FENSTER, C. B. Gene flow in *Chamaecrista fasciculata* (Leguminosae) I. Gene dispersal. *Evolution*, Lawrence, v. 45, n. 2, p. 398-409, 1991.

FERREIRA, E. G. **Mangabeira (*Hancornia speciosa*): Sistema de produção**. João Pessoa: EMEPA/CNPQ, 2006. 40p. (Documentos, 53).

FERREIRA, E. G.; MARINHO, S. J. O. Produção de frutos de mangabeira para consumo *in natura* e industrialização. *Tecnologia & Ciências Agropecuária*, João Pessoa, v. 1, n. 1, p. 9-14, 2007.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: Embrapa- CENARGEM, 1996, 220 p.

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

GANGA, R. M. D.; FERREIRA, G. A.; CHAVES, L. J.; NAVES, R. V.; NASCIMENTO, J. L. do. Caracterização de frutos e árvores de populações naturais de *Hancornia speciosa* Gomes do cerrado. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v. 32, n. 1, p. 101-113, 2010.

GARANT, D.; FORDE, S. E.; HENDRY, A. P. The multifarious effects of dispersal and gene flow on contemporary adaptation. *Functional Ecology*, London, v. 21, p. 434-443, 2007.

GLASENAPP, J. S. **Estrutura genética e fenóis totais em populações naturais de barbatimão (*Stryphnodendron adstringens*)**. 2007, 84 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

GONÇALVES, A. C.; VIEIRA, A. F.; REIS, C. A. F.; CARVALHO, D. Conservação de *Dimorphandra mollis* BENTH. (Fabaceae) baseada na estrutura genética de populações naturais. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 34, n. 1, p. 95-101, 2010.

GRIFFITH, J. J. Economia da conservação *in situ* de recursos genéticos florestais. IPEF, Piracicaba, n. 35, p. 85-92, 1987.

GUERRA, C. R. S. B. **Conservação genética *ex situ* de populações naturais de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. em sistema silvipastoril.** 2008, 109 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Curso de Sistemas de Produção, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2008.

GUERRA, M. P.; NODARI, R. O.; REIS, M. S.; ORTH, A. I. A diversidade dos recursos genéticos vegetais e a nova pesquisa agrícola. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 28, n. 3, p. 521-528, 1998.

GUSSON E.; SEBBENN, A. M., KAGEYAMA P. Y. Diversidade e estrutura genética espacial em duas populações de *Eschweilera ovata*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 67, p. 123-135, 2005.

HALL, P.; WALKER, S.; BAWA, K. S. Effect of forest fragmentation on genetic diversity and mating system in tropical tree *Pithecellobium elegans*. **Conservation Biology**, Maldem, v. 10, n. 3, p. 757-768, 1996.

HAMRICK, J. L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, Columbus, v. 69, n. 10, p. 1685-1693, 1983.

HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. Isozyme variation in tropical trees: procedures and preliminary results. **Biotropica**, São Paulo, v. 18, p. 201-207, 1986.

HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W. Allozyme diversity in plant species. In: BROW, A. H. D.; CLEGG, M. T.; KAHLER, A. L.; WEIR, B. S. **Plant population genetics, breeding and genetic resources**, Sunderland: Sinauer Associates Inc., 1989. p. 43-63.

HEYWOOD, V. H.; IRIONDO, J. M. Plant conservation: old problems, new perspectives. **Biological Conservation**, Boston, v. 113, p. 321-335, 2003.

KAGEYAMA, P. Y. Conservação "in situ" de recursos genéticos de plantas. **IPEF**, Piracicaba, v. 35, p. 7-37, 1987.

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

LEDERMAN, I. E.; BEZERRA, J. E. F. Situação atual e perspectivas da cultura. In: SILVA JÚNIOR, J.F. da; LÉDO, A. da S. **A cultura da mangaba**. Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2006. p. 247-253.

LEDERMAN, I.E.; SILVA Jr., J.F.; BEZERRA, J.E.F.; ESPINDOLA, A.C.M. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000. 35p. (Série Frutas Nativas, 2).

LOPES, R.; BRUCKNER, C. H.; LOPES, M. T. G. Polimorfismo isozimático e potencial de utilização das isoenzimas como marcadores genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 151-158, 2002.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J.L. Distribution de la variation gentic en especies arbreas tropicales. **Revista de Biologia Tropical**, San Jose, v. 35, n. 1, p.165-176, 1987.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 15, n. 1, p.65-95, 1984.

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

MCDERMOTT, J. M.; MCDONALD, B. A. Gene flow in plant pathosystems. **Annual Review of Phytopathology**, v. 31, p. 353-373, 1993.

MONACHINO, J. A revision of *Hancornia* (Apocynaceae). *Lilloa*, Tucumán, v. 11, p. 19-48, 1945.

MORAES, P. L. R.; DERBYSHIRE, M. T. V. C. Estrutura genética de populações naturais de *Cryptocarya aschersoniana* Mez (Lauraceae) através de marcadores isoenzimáticos. *Biota Neotropica*, São Paulo, v. 2, n. 2, p. 1-19, 2002.

MORAES, P. L. R.; MONTEIRO, R.; VENCOVISKY, R. Conservação genética de populações de *Cryptocarya moschata* Nees (Lauraceae) na Mata Atlântica do estado de São Paulo. *Revista Brasileira de Botânica*, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 237-248, 1999.

NEIGEL, J. E. A comparison of alternative strategies for estimating gene flow from genetic markers. *Annual Review Ecology Systematics*, Palo Alto, v. 28, p. 105-128, 1997.

ODALIA-RÍMOLI, A.; ARRUDA E. J. de.; RÍMOLI, J.; BUENO, N. R.; COSTA, R. B. da. Biodiversidade, biotecnologia e conservação genética em desenvolvimento local. *Revista Internacional de Desenvolvimento Local*, Campo Grande, v. 1, n. 1, p. 21-30, 2000.

PAIVA, J. R.; KAGEYAMA, P. Y. Novo enfoque do melhoramento genético da seringueira para a região amazônica. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 28, n. 12, p. 1391-1398, 1993.

PAIVA, P. D. O. Cultura da mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). *Boletim Agropecuário - UFLA*, Lavras, n. 67, p. 1-12, 2006.

PIMENTEL, A. M. Utilização da técnica de eletroforese em genética florestal. *IPEF*, Piracicaba, v. 5, n. 15, p. 1-27, 1988.

PINHEIRO, E.; PINHEIRO, F. S. V. Produção de borracha. In: SILVA JUNIOR, J. F. da; LÉDO, A. da S. *A cultura da mangaba*. Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2006. p. 233-245.

PINTO, L. R.; VIEIRA, M. L. C.; SOUZA, A. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Isoenzimas e microssatélites em plantas. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 16-19, 2001.

PÓVOA, J. S. R. **Distribuição da variação genética de *Cedrela fissilis* Vell., em fragmentos florestais, no sul de Minas Gerais, por meio de isoenzimas.** 2002, 105 f. Dissertação (Mestrado) Curso - Engenharia Florestal, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

REIS, C. A. F.; SOUZA, A. M.; MENDONÇA, E. G.; GONÇALVES, F. R.; MELO, R. M. G.; CARVALHO, D. Diversidade e estrutura genética espacial de *Calophyllum brasiliense* Camb. (Clusiaceae) em uma floresta paludosa. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 2, p. 265-275, 2009.

REIS, M. S. Dinâmica da movimentação dos alelos: subsídios para conservação e manejo de populações naturais em plantas. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 4, p. 37-47 1996.

ROBINSON, I. P. Aloenzimas na genética de populações de plantas. In: ALFENAS, A. C.; PETERS, I.; BRUNE, W.; PASSADOR, G. C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1998. p. 329-380.

SALOMÃO, A. N.; SANTOS, I. R. I.; MUNDIM, R. C. Conservação, manejo e uso de sementes de *Hancornia speciosa* Gomez (Apocienaceae). **Documentos Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, Brasília, 2005, p. 26.

SANTOS, A. R. F.; SILVA, A. V. C.; GOES, I. B. SOUZA, E. M.; MUNIZ, E. N.; NARAIN, N. **Situação atual e perspectivas para o cultivo da mangaba no Estado de Sergipe.** Disponível em <http://www.cnpat.embrapa.br/sbsp/anais/Trab_Format_PDF/193.pdf>. Acesso em: 10 ago. 2010.

SEBENN, A. M.; SEOANE, C. E. S. Estimativa de tamanho efetivo de endogamia por marcadores genéticos. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 29, n. 1, p. 1-7, 2005.

SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Efeitos da fragmentação florestal na estrutura genética de populações de *Esenbeckia leiocarpa* Engl. (Guarantã). **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 57, p. 123-139, 2000.

SEOANE, C. E. S. **Efeitos da Fragmentação Florestal sobre a Genética de Populações de Guarantã**. Dados eletrônicos, Colombo: Embrapa Florestas, 1 CD-ROM. 2007. 80 p.

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

SILVA JUNIOR, J. F da.; ARAUJO, I. A.; BARREIRO NETO, M.; ESPÍNDOLA, A. C. M.; CARVALHO, N. S. G.; MOTA, D. M. Recursos genéticos nos tabuleiros costeiros e baixada litorânea do Nordeste. In: SILVA JUNIOR, J. F. da; LÉDO, A. da S. **A cultura da mangaba**. Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2006. p. 57-74.

SILVA JUNIOR, J. F da.; XAVIER, F. R. S.; LÉDO, C. A. da S.; NEVES JUNIOR, J. S.; MOTA, D. M. da.; SCHMITZ, H.; MUSSER, R. dos S.; LÉDO, A. da S. Variabilidade em populações naturais de mangabeira do litoral de Pernambuco. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 19, n. 4, p. 373-378, 2007.

SILVA, E. F.; MARTINS, L. S. S.; OLIVEIRA, V. R. Diversity and genetic structure in cajá tree (*Spondias mombin* L.) populations in Northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 117-181, 2009.

SLATKIN, M. Gene flow and the geographic structure of natural populations. **Science**, Washington, v. 236, p. 787-792, 1987.

SLATKIN, M. Gene flow in nature populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 16, p. 393-430, 1985.

SOARES, F. P.; PAIVA, R.; NOGUEIRA, R. C.; OLIVEIRA, L. M.; SILVA, D. R. G.; PAIVA, P. D. O. **Cultura da mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Boletim Agropecuário - Lavras, 2004. n.67; p.1-12.

SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. **Isozymes in plant biology**. Portland Dioscorides Press, 1989. 268 p.

SOUZA F. G.; FIGUEIREDO, R. W.; ALVES, R. E.; MAIA, G. A.; ARAÚJO, I. A. Qualidade pós-colheita de frutos de diferentes clones de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 5, p. 1449-1454, 2007.

SOUZA, A. M. **Estrutura genética e espacial de populações naturais de *Calophyllum brasiliense* Camb. na bacia do Rio Grande**. Tese (Doutorado em engenharia florestal, 2007 166p.

TARAZI, R; MANTOVANI, A.; REIS, M. S. Fine-scale spatial genetic structure and allozymic diversity in natural populations of *Ocotea catharinensis* Mez. (Lauraceae). **Conservation Genetics**, Arlington, v. 11, p. 965-976, 2009.

TELLES, M. P. C., VALVA, F. D., BANDEIRA, L. F., COELHO, A. S. G. Caracterização genética de populações naturais de araticunzeiro (*Annona crassiflora* Mart. - Annonaceae) no Estado de Goiás. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 26, n. 1, p. 123-129, 2003.

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

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

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. **IPEF**, Piracicaba, v. 35, p.79-84, 1987.

VIDAL, R. A.; HERNANDES, G. C.; WINKLER, L. M.; FEDERIZZI, L. C.; SILVA, P. R. Relação entre distância geográfica e variabilidade genética de uma população de *Bidens* spp. com resistência aos herbicidas inibidores de ALS. **Planta daninha**, Viçosa., v. 24, n. 1, p. 149-155, 2006.

VIEIRA NETO, R. D. **Fruteiras tropicais para os tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas**. Aracajú: Embrapa. 2002, 216 p.

VIEIRA NETO, R. D.; MELO, V. S.; DANTAS, J. O. **Caracterização do sistema produtivo da mangabeira no Município de Itaporanga D'Ajuda, Sergipe**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento - Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracajú, 2009. 21 p.

VILELA-MORALES, E. A.; VALOIS, A. C. C. Recursos genéticos vegetais autóctones e seus usos no desenvolvimento sustentável. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 17, n. 2, p. 11-42, 2000.

VILELA-MORALES, E. A.; VALOIS, A. C. C. Princípios para conservação e uso de recursos genéticos. In: PUIGNAU, J. P.; CUNHA, R. **Conservación de germoplasma vegetal**. Montevideo: IICA/Procisur, 1996. p. 13-34.

VILLACHICA, H.; CARVALHO, J. E. U. de; MÜLLER, C. H.; DIAZ S., C.; ALMANZA, M. **Frutales y hortalizas promisorios de la Amazonia**. Lima, Tratado de Cooperacion Amazonica, 1996, 367 p.

WADT, L. H. O.; KAGEYAMA, P. Y. Estrutura genética e sistema de acasalamento de *Piper hispidinervum*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, p. 151-157, 2004.

WENDEL, J. F.; WEEDEN, N. F. Visualization and interpretation of plant isoenzymes. In: SOLTIS, D. E.; SOLTIS, P. S. **Isozymes in plant biology**. Portland: Dioscorides Press, 1989. p. 1-20.

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

YEEH, Y.; KANG, S. S.; CHUNG, M. G. Evaluations of the natural monument populations of *Camellia japonica* (Theaceae) in Korea based on allozyme

studies. **Botanical Bulletin of Academia Sinica**, Taipei, v. 37, n. 2, p. 141-146, 1996.

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetics consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 11, n. 10, p. 413-418, 1996.

ZUCCHI, M. I. **Análise da estrutura genética de *Eugenia dysenterica* DC utilizando marcadores RAPD e SSR**. 2002. 188 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Curso de Genética e Melhoramento de Plantas Escola superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. São Paulo, Piracicaba, 2002.

CAPÍTULO II

Artigo

Diversidade e estrutura genética em populações naturais de *Hancornia speciosa* Gomes no Nordeste brasileiro

Georgia Vilela Martins¹, Luiza Suely Semen Martins², Elizabeth Ann Vaasey², Ildo Eliezer Ledreman³ e Edson Ferreira da Silva^{1*}

¹ Departamento de Biologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Rua Dom Manoel de Medeiros s/n, 52171-900, Dois Irmãos, Recife, (PE) Brasil. *Autor para correspondência (email: edson@dbufrpe.br)

RESUMO

Hancornia speciosa Gomes é uma árvore frutífera nativa do Brasil, pertencente à família Apocinaceae e é conhecida popularmente como Mangabeira. A espécie é economicamente importante principalmente por causa de seus frutos, que são amplamente consumidos *in natura* ou processados como sucos, sorvetes e geléias. O extrativismo e intensa atividade antrópica no ambiente de ocorrência natural da mangabeira no Nordeste do Brasil têm causado erosão genética na espécie e pouco se conhece sobre a estrutura genética das populações desta espécie. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade e a estrutura genética de populações naturais de *H. speciosa*. Utilizando 11 locos isoenzimáticos, avaliou-se 164 indivíduos, amostrados em seis populações naturais localizadas nos estados de Pernambuco e Alagoas, Nordeste do Brasil. Os resultados mostraram um alto nível de diversidade genética dentro da espécie ($\hat{H}_s=0,36$), sendo verificado que a maior parte da variabilidade genética encontra-se dentro das populações e pequena diferenciação entre as mesmas ($\hat{\theta}_p=0,064$). A endogamia dentro das populações ($\hat{f}=-0,555$) e entre elas ($\hat{F}=-0,428$) foi baixa evidenciando ausência de endogamia. O fluxo gênico estimado (Nm), variando de 2,48 a 13,18, valores não suficientes para evitar a diferenciação genética entre as populações. As análises multivariadas indicam que há relação entre distância genética e espaço geográfico, hipótese esta que foi confirmada por uma análise de padrão espacial utilizando o teste de Mantel ($r=0,3598$; $p=0,0920$) com 1000 permutações aleatórias). O alto índice de diversidade genética nas populações indica potencial para a conservação genética *in situ*.

Palavras-chave: variabilidade genética, isoenzima, mangabeira, conservação de recursos genéticos, fluxo gênico

ABSTRACT

Hancornia speciosa Gomes is a fruit tree native from Brazil. From the Apocinaceae family, this species is popularly known as mangabeira. It is economically important because of its fruits, which are widely consumed raw or processed as fruit jellies, juices and ice creams, which has made it a target of intense exploitation. The extractive activities and intense human activity on the environment of natural occurrence of *H. speciosa* has caused genetic erosion in the species and little is known about the ecology or genetic structure of natural populations of this species. In this context, the objective of this work was to evaluate the genetic diversity and genetic structure of *H. speciosa*. The genetic variability was assessed using 11 allozyme loci with a sample of 164 individuals distributed in six natural populations located in states of Pernambuco and Alagoas, northeastern Brazil. The results showed a high level of genetic diversity within the species ($\hat{H}_e=0.36$). Analysis of genetic structure indicated that most of the genetic variability of *H. speciosa* is within its natural populations with low difference among populations ($\hat{\theta}_p = 0.064$). Inbreeding within the populations ($\hat{f}=-0.527$) and among them ($\hat{F}=-0.423$) was low. The estimated gene flow (Nm) was high, ranged from 2.48 to 13.18, indicating to be enough to prevent the effects of genetic drift. Multivariate analyses indicated that a relationship between genetic and geographical distances exists, which was confirmed by a spatial pattern analysis using Mantel test ($r=0.3598$; $p=0.0920$) with 1000 random permutations). The high genetic diversity index in these populations indicates potential for *in situ* genetic conservation.

Key words: genetic variability, isozyme, mangabeira, genetic resources conservation, gene flow

INTRODUÇÃO

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma frutífera nativa do Brasil, pertencente à família Apocinaceae, ocorre espontaneamente as Regiões Centro-Oeste, Norte, Nordeste e Sudeste, e tem maior abundância nas áreas de tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas do Nordeste (Lederman et al., 2000). Para a espécie *H. speciosa* são descritas seis variedades: *H. speciosa* var. *Speciosa* Gomes, *H. speciosa* var. *maximiliani* A. DC., *H. speciosa* var. *cuyabensis* Malme, *H. speciosa* var. *lundii* A. DC., *H. speciosa* var. *Gardneri* (A.DC.) Muell. Arg., *H. speciosa* var. *pubescens* (Nees. Et. Martius) Muell. Arg. (Monachino, 1945), que fazem parte das vegetações de Restinga, de Cerrado e de Tabuleiro; é encontrada desde a faixa litorânea até o Agreste (Vieira Neto et al., 2009).

Economicamente, a mangabeira tem se destacado por conta de seus frutos, que são muito apreciados em virtude das excelentes características organolépticas e do elevado valor nutritivo com relação ao da maioria dos frutos, principalmente nas Regiões Nordeste e Centro Oeste do Brasil. Sua utilização agroindustrial é largamente difundida nas referidas regiões, principalmente para a fabricação de suco e sorvete, podendo ainda ser utilizada na produção de doces, xarope, compotas, vinho e vinagre (Lederman et al., 2000; Vieira Neto, 2002).

Segundo os dados do IBGE (2011) a região Nordeste é a maior produtora de frutos de mangabeira do Brasil, em 2010 contribuiu com 695 toneladas contra quatro toneladas da região Sudeste. O Estado de Sergipe é o maior Estado produtor, apresentando 56% do total produzido na região, seguido pelos Estados da Bahia e da Paraíba.

Entretanto, o crescimento da especulação imobiliária e a implantação de monoculturas (coqueirais, canaviais e pastagens) têm causado redução da vegetação e conseqüente erosão genética nas populações de mangabeira, principalmente nos tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas do Nordeste (Silva Júnior et al., 2006; Vieira Neto et al., 2009). A forma de exploração extrativista

também tem contribuído para a degradação destes ambientes (Silva Júnior et al., 2006).

A conservação das espécies em seus habitats requer o conhecimento da estrutura genética e da variabilidade dentro e entre populações (Brown & Moran, 1981). Para acessar a variabilidade genética de populações naturais de plantas podem ser utilizados os marcadores genéticos, visando obter informações necessárias e fundamentais à implantação de plano de conservação ou melhoramento (Karp et al., 1997). Estudos de polimorfismo de marcadores genéticos permitem tanto investigações sobre a estrutura e variabilidade genética, como também, que sejam realizadas estimativas do fluxo gênico entre populações (Shaw & Allard, 1981; Hamrick, 1982). Padrões isoenzimáticos foram utilizados em estudos de caracterização e variabilidade genética em várias espécies frutíferas, como a sirigueleira, *Spondias lutea* L. (Gois et al., 2009), o araticunzeiro, *Annona crassiflora* Mart. (Telles et al., 2003), o pequi, *Caryocar brasiliense* Camb. (Melo Júnior et al., 2004) e a cajazeira, *Spondias monbim* L. (Silva et al., 2009).

As informações geradas em estudos de caracterização de diversidade genética poderão fornecer elementos importantes que facilitarão a definição de estratégias de conservação, a fim de garantir a continuidade do processo evolutivo das populações da espécie em longo tempo (Rao & Hodgkin, 2002).

O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade e a estrutura genética de seis populações naturais de *H. speciosa* nos Estados de Pernambuco e Alagoas a partir de marcadores isoenzimáticos, visando disponibilizar informações para serem usadas em programas de conservação e melhoramento genético da mangabeira.

MATERIAL E MÉTODOS

Área de estudo e amostragem

Foram estudadas seis populações naturais de *H. speciosa* localizadas na região litorânea dos Estados de Pernambuco e Alagoas em regiões típicas de

tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas (Figura 2). As populações apresentaram diferentes tamanhos, Gambá teve área estimada de 107 hectares, Itamaracá com área de 345 ha, Nazaré de 34 ha, Sirinhaém de 111 ha, Tamandaré de 35 ha e 225 ha de área em Maragogi. O estado de conservação das áreas das populações estava bastante comprometido, sendo Gambá e Sirinhaém localizadas em áreas muito devastadas, caracterizadas pela baixa densidade de plantas de mangabeira e as demais populações, em áreas de pouca conservação e alta vulnerabilidade.

Foram coletadas folhas de 164 indivíduos distribuídos nas seis populações estudadas, no período de setembro a dezembro de 2009 (Tabela 1). As amostras foram obtidas de forma aleatória, buscando-se representar cada população de acordo com a densidade da espécie no local. Cada indivíduo foi identificado com placa de alumínio no caule com número correspondente e georreferenciado por meio de receptor Global Position System (GPS). O material biológico constituído de folhas jovens foi coletado e embalado com papel alumínio, acondicionados em sacos plásticos devidamente identificados. Em seguida foram armazenados em isopor com gelo até serem levadas ao Laboratório de Genética do Departamento de Biologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, onde foram mantidas em freezer a -20°C até o momento da extração das enzimas.

Extração e revelação de isoenzimas

A extração das enzimas foi realizada utilizando-se a solução tampão nº 1, descrita por Alfenas et al. (1998) e os extratos foram armazenados em freezer -20°C até a sua utilização. Foi utilizada eletroforese de isoenzimas horizontal, conduzida em meio de suporte de gel de amido a 13% (Alfenas et al., 1998), adicionando-se 6g de sacarose no gel. Os sistemas gel/eletrodo utilizados foram: TCB (Tris Citrato Borato, pH 7,5) e LB (Lítio Borato, pH 8,5). Após o processo de separação foi realizada a coloração específica para os seguintes sistemas isoenzimáticos: [esterase (EST, 3.1.1.1)], [fosfatase ácida (ACP, 3.1.3.2)], [fosfatase alcalina (AKP, 3.1.3.1)], [glutamato oxaloacetato transaminase (GOT,

2.6.1.1)], [leucina aminopeptidase (LAP, 3.4.11.1)], [malato desidrogenase (MDH, 1.1.1.37)] e [superóxido dismutase (SOD, 1.15.1.1)].

Análises estatísticas

As bandas visualizadas nos géis foram computadas de acordo com os alelos presentes em cada loco. Por ser um marcador co-dominante, utilizando-se 11 para homozigotos do alelo 1, 22 para homozigotos do alelo 2 e 12 para heterozigotos de acordo com a existência dos alelos. A variabilidade genética foi caracterizada através da heterozigosidade observada (\hat{H}_o), obtida por $\hat{H}_o = 1 - \sum p_{ii}$, onde p_{ii} = frequência dos genótipos homozigotos; diversidade gênica ou heterozigosidade esperada (\hat{H}_e) para cada loco, por $\hat{H}_e = 1 - \sum p_i^2$, onde p_i = frequência alélica estimada do i -ésimo alelo; porcentagem de locos polimórficos (\hat{P}) estimada pela média aritmética do número de locos polimórficos pelo número total de locos, considerando-se como loco polimórfico aquele cuja frequência do alelo mais comum não ultrapassasse 95%; número médio de alelos por loco (\hat{A}), obtido pela divisão do número total de alelos pelo número total de locos e índice de fixação (\hat{f}) foi estimado por $\hat{f} = 1 - (\hat{H}_o / \hat{H}_e)$.

Foram estimados os coeficientes de coancestralidade a partir da decomposição dos componentes de variação da análise de variância das frequências alélicas, de acordo com a metodologia proposta por Cockerham (1969). Para verificar se essas estimativas médias eram diferentes de zero, estimou-se o intervalo de confiança com 95% de probabilidade, pelo método de reamostragem *bootstrap*, utilizando-se 10.000 repetições sobre locos, com o auxílio do programa GDA (Lewis e Zaykin, 2000). O tamanho efetivo que mede a representatividade genética dos indivíduos amostrados na população em relação a uma população panmítica ideal foi estimado através da equação proposta por Vencovsky (1992) para os indivíduos adultos de uma simples população, onde, $N_e = n / (1 + \hat{f})$, sendo n o número de plantas amostradas e \hat{f} o coeficiente de endogamia intrapopulacional.

As estimativas de fluxo gênico entre as populações foram calculadas segundo Crow & Aoki (1984) a partir da equação: $Nm = [(1/F_{ST}) - 1] / 4\alpha$, em que $\alpha = [n / (n-1)]^2$ sendo Nm o número de migrantes e n o número de populações.

Essas medidas foram então utilizadas para a construção do dendrograma, usando o método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) utilizando o programa computacional FPG A, versão 1.3 (Tools For Population Genetic Analyses) (Miller 1997). O teste de Mantel foi realizado utilizando o mesmo programa para comparar a distância entre as matrizes de distância genética e geográfica 1000 permutações.

RESULTADOSE DISCUSSÃO

Os sete sistemas isoenzimáticos estudados possibilitaram a identificação de 11 locos (Tabela 2). ACP1 apresentou apenas o alelo 1, ACP2 e GOT revelaram a presença de três alelos e os demais, dois alelos cada, totalizando 23.

Observou-se grande variação nas frequências alélicas, desde a fixação até frequências muito baixas. O alelo 1 para o loco ACP1 apresentou-se fixado em todas as populações, não apresentando variabilidade. Nas populações Nazaré e Maragogi observou-se a presença do alelo 3 para o loco ACP2, com baixas frequências (0,0071 e 0,096), enquanto que nas demais populações o mesmo não se verificou, classificando-o portanto, como alelo raro. O alelo 2 para LAP2 se mostrou exclusivo, pois só foi observado na população Nazaré. Com relação à população Sirinhaém não foi identificada a presença dos alelos no loco EST2. Nas populações Tamandaré e Maragogi não foi verificada a ocorrência do alelo 3 para GOT e para as demais populações a frequência para o mesmo alelo foi muito baixa, não ultrapassando 0,167 (Nazaré), podendo ser também considerado um alelo raro.

As alterações nas frequências alélicas entre as populações podem ser indicativo de deriva genética ou também pode ser decorrente da migração,

através da troca de alelos. Análises de frequências alélicas são de grande importância, pois reflete os efeitos estocásticos mais adequados que a maioria dos parâmetros estudados em genética de populações (Botrel & Carvalho, 2004).

Considerando os parâmetros estimados a partir das frequências alélicas dos 11 locos estudados, a porcentagem dos locos polimórficos (\hat{P}) variou entre 73% (Tamandarê) e 91% (Nazarê), valores superiores ao encontrado por Botrel et al. (2006) estudando jacareúba, *Calophyllum brasiliense* (37,5 e 50%) e inferiores aos encontrados em populações de outras espécies nativas, com reprodução tipicamente alógama, como em siriguela, *Spondias lutea* L. (Gois et al., 2009), cajá, *Spondias monbim* (Silva et al., 2009) e faveiro, *Dimorphandra mollis* (Gonçalves et al., 2010) em que a porcentagem de locos polimórficos foi de 90 e 100% para o mesmo marcador. O número médio de alelos por locos (\hat{A}) (Tabela 3) apresentou variação entre as populações (1,82 em Tamandarê e 2,09 em Nazarê). Hamrick e Godt (1990) reuniram, em uma revisão, resultados de 653 trabalhos com isoenzimas e estimaram em média para as espécies vegetais 50,5% de locos polimórficos e 1,96 de alelos por locos. Por tanto, Considerando-se os sistemas mencionados, as populações de mangabeira estudadas apresentam bons níveis de polimorfismo, o que torna estas populações favoráveis à conservação genética *in situ* com objetivo de preservar o máximo de variabilidade possível.

As heterozigosidades média observadas (\hat{H}_o) detectadas em todas as populações de *H. speciosa* (Tabela 3) foram superiores a esperada (\hat{H}_e), indicando que há mais heterozigotos na população do que o esperado pelo Equilíbrio genético de Hardy-Weinberg. Observou-se que \hat{H}_o variou entre 0,46 (Tamandarê) e 0,64 (Nazarê), sugerindo que essas populações não são endogâmicas. Os valores encontrados para \hat{H}_e , que representa diversidade genética, foram elevados variando entre 0,30 (Tamandarê) e 0,42 (Nazarê). O excesso de heterozigotos decorre, possivelmente, de efeitos de seleção em favor dos mesmos e têm sido descritos para várias espécies arbóreas (Telles et al.,

2003; Melo Júnior et al., 2004; Gois et al., 2009; Gonçalves et al., 2010). Sebbenn et al. (2000) afirmam que dados sobre heterozigosidade são de extrema importância, pois, elevados níveis de variabilidade genética possibilitam a ocorrência de um grande número de novas combinações genotípicas, aumentando o potencial evolutivo das espécies, pela maior capacidade de adaptação às evatuais mudanças ambientais.

A relação entre \hat{H}_o e \hat{H}_e forneceu o índice de fixação (\hat{f}), que variou entre -0,44 e -0,69 nas populações. Os valores negativos indicam elevada heterozigose e ausência de endogamia para todas as populações estudadas, corroborando com os valores de \hat{H}_o e \hat{H}_e , sugerindo que estas populações são parmiticas.

Os níveis de variabilidade genética nas populações podem ser consequência da biologia reprodutiva dessa espécie, que apresenta flores hermafroditas e ainda apresenta autoincompatibilidade, o que favorece a fecundação cruzada, e fatos confirmados pelos valores negativos dos índices de fixação. Entretanto, a exploração desordenada dos frutos e a antropização dos ambientes de ocorrência da mangabeira dificultam a dispersão natural e o estabelecimento das plântulas, fato este que poderá ocasionar a perda da diversidade genética nas próximas gerações nessas populações.

Na determinação dos coeficientes de coancestralidade de Cockerham para os 11 locos isoenzimáticos (Tabela 4), considerando que o índice de fixação \hat{f} mede a endogamia dentro das populações, e os índices \hat{F} e $\hat{\theta}_p$ medem a endogamia para o conjunto das populações e a divergência genética entre as populações respectivamente, a média da fixação intrapopulacional foi negativa ($\hat{f}=-0,555$), sugerindo ausência de endogamia. O índice de fixação para o conjunto das populações também foi negativo ($\hat{F}=-0,428$) ratificando excesso de heterozigose para os locos. A diferenciação genética entre os locos foi relativamente baixa ($\hat{\theta}_p=0,081$). Botrel & Carvalho (2004) encontraram valor parecido em populações naturais de jacarandá paulista, *Machaerium villosum*

Vog. ($\hat{\theta}_p=0,061$), espécie arbórea de clima tropical e reprodução essencialmente alógama. Esse fato corrobora com os estudos de Loveless & Hamrick (1984), que afirmam em espécies tipicamente alógamas a variabilidade genética é maior dentro das populações.

Os valores de divergência genética, que apresentou média 0,081 entre as populações, reafirmam a baixa diferenciação genética entre as seis populações (Tabela 4). Isto significa que 8,1% da variabilidade genética se encontram entre as populações, e que 91,9% desta encontram-se dentro, mostrando que a maior parte dos recursos genéticos está dentro das populações.

O fluxo gênico estimado a partir dos números de migrantes (Nm) aos pares de populações de mangabeira apresentou-se elevados, variando de 2,20 (Sirinhaém e Maragogi) a 13,18 (Gambá e Itamaracá) (Tabela 5). Tal fato indica que há com partilhamento freqüente de alelos entre todas as populações. Valores de Nm acima de 1,0 são considerados altos o suficiente para não permitirem a diferenciação genética causada pela deriva (Ellstrand, 2003; Slatkin & Barton, 1989). Esses resultados mostram-se convergentes com o baixo valor de diferenciação genética ($\hat{\theta}_p=0,081$). Outras frutíferas nativas como pequi, *Caryocar brasiliense* Camb. (Melo Júnior et al., 2004) e cajá, *Spondias mombim* L. (Silva et al., 2009) também apresentaram altos valores de fluxo gênico (15,56) e (10,35) respectivamente. Segundo Seoane et al. (2000) o fluxo gênico é um fator evolutivo que favorece a homogeneização das populações, reduzindo a seleção e a deriva genética, e conseqüentemente minimizando a diferenciação genética.

A representatividade genética das amostras foi avaliada por meio da estimativa do tamanho efetivo populacional (N_e), parâmetro crucial no julgamento do impacto da deriva sobre a estrutura genética de populações e imprescindível para a conservação genética *in situ* (Moraes & Derbyshire, 2002). Os valores de N_e reafirmam a existência de baixa endogamia nas populações estudadas, já que os tamanhos efetivos calculados para cada uma das populações

foi superior ao número de indivíduos amostrados (Tabela 3). A relação entre o tamanho efetivo e o tamanho real populacional (N_e/n) permite calcular a população mínima viável, que corresponde ao número de indivíduos necessários à população para a manutenção de sua integridade genética. Esta relação é fundamental para o estabelecimento de estratégias de conservação (Raposo et al., 2007).

A identidade genética mostra que as seis populações são muito semelhantes, ratificando os baixos valores de F_{ST} (Tabela 5). A combinação entre os pares de populações, mostrou que Gambá e Itamaracá são as mais similares apresentando distância genética de 0,013 e o Nm de 13,18. Tal fato pode ser explicado pela proximidade geográfica dessas duas populações, podendo-se também pressupor que as mesmas têm origem comum e apresentam pouco tempo de separação.

O padrão de divergência entre as seis populações de *H. speciosa* pode ser visualizado no dendrograma de distância genética construído pelo método UPGMA (Figura 2) que, apesar do baixo nível de divergência, sugere a existência de três grupos formando um padrão hierárquico da forma ([Gambá, Itamaracá e Nazaré], [Sirinhaém e Tamandaré] e [Maragogi]). Os valores de distâncias genéticas entre os pares de populações (Tabela 5) revelaram que menor distância genética de Nei (1978) ocorreu entre as populações Gambá e Itamaracá (0,013) e a maior entre as populações Sirinhaém e Maragogi (0,073) (Tabela 5). Em relação à distância geográfica, a menor foi observada entre Sirinhaém e Tamandaré (7,2) e a maior foi entre Gambá e Maragogi (152,2). Populações próximas ficaram em diferentes grupos, sugerindo que não há correlação entre distância genética e distância geográfica.

O teste de Mantel apresentou correlação positiva ($r=0,3598$ e $p=0,0920$), entre distância genética (F_{ST}) e geográfica (Figura 3). O padrão de distribuição foi semelhante ao formado pelo agrupamento UPGMA, com a formação de três grupos. Apesar de o valor ser relativamente baixo da correlação entre as duas

matrizes, se comparado a outras espécies como a cagaiteira (*Eugenia dysenterica*) (Telles et al., 2001) que apresentou $r=0,72$ e pau-papel (*Tibouchina papyrus*) (Telles et al., 2010) com $r=0,71$, a correlação encontrada entre as seis populações de mangabeira indicou que as distâncias genética e geográfica estão relacionadas. Sugerindo que as populações estudadas podem estar se diferenciando através da relação flux o gênico e distancia geográfica.

CONCLUSÕES

1. As populações de *H. speciosa* estudadas apresentam altos índices de diversidade genética, sendo a maior parte encontrada dentro das populações.
2. O baixo índice de fixação observado nas seis populações, que indica ausência de endogamia, é decorrente do tipo de reprodução da espécie, tipicamente alógama.
3. A baixa divergência genética sugere pequeno grau de deriva nessas populações.
4. O conhecimento da variabilidade genética nas seis populações de mangabeira estudadas pode facilitar na definição de estratégias de conservação da espécie.
5. A população Nazaré, por ter apresentado os maiores índices de diversidade, é a mais adequada para a conservação *in situ*.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao CNPq pelo financiamento do projeto e à Empresa ComProducts do Brasil (unidade de Pernambuco), por ter cedido amido de milho (penetrose) utilizado no preparo dos géis para eletroforese.

Tabelas e figuras

Tabela 1. Identificação das populações e municípios de coleta, número de indivíduos (n) de seis populações de mangabeira (*Hancornia speciosa*), com suas respectivas coordenadas geográficas.

População	Localização	n	Coordenadas geográficas	
			Latitude	Longitude
Garibá	Goiana (PE)	24	07° 40' 14''	43° 54' 42''
Itamaracá	Itamaracá (PE)	28	07° 43' 10''	34° 50' 33''
Nazaré	Cabo de St. Agostinho (PE)	26	08° 20' 45''	34° 57' 45''
Sirinhaém	Barra de Sirinhaém (PE)	28	08° 40' 49''	35° 05' 09''
Tamandaré	Tamandaré (PE)	30	08° 44' 42''	35° 05' 46''
Maragogi	Maragogi (AL)	26	08° 32' 12''	35° 19' 12''



Figura 2. Mapa do Brasil, em destaque os Estados de Pernambuco e Alagoas indicando distribuição das seis populações de *Hancornia speciosa* amostrada.

Tabela 2. Frequência dos alelos observados em cada loco nas seis populações de *Hancornia speciosa* estudadas.

Loco	Alelo	Populações					
		Gam	Ita	Naz	Sir	Tam	Mar
ACP1	1	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
ACP2	1	0.521	0.370	0.536	0.357	0.500	0.577
	2	0.497	0.630	0.393	0.643	0.500	0.327
	3	0.000	0.000	0.0071	0.000	0.000	0.096
AKP	1	0.652	0.981	0.500	0.571	0.583	0.942
	2	0.348	0.019	0.500	0.429	0.417	0.058
EST1	1	0.625	0.625	0.542	0.893	1.000	0.500
	2	0.375	0.375	0.458	0.107	0.000	0.500
EST2	1	0.647	0.675	0.525	NA	0.367	0.500
	2	0.353	0.325	0.475	NA	0.633	0.500
LAP1	1	0.750	0.630	0.607	0.500	0.500	0.750
	2	0.250	0.370	0.393	0.500	0.500	0.250
LAP2	1	1.000	1.000	0.857	1.000	1.000	1.000
	2	0.000	0.000	0.143	0.000	0.000	0.000
MDH1	1	0.833	0.750	0.696	0.839	0.981	0.442
	2	0.167	0.250	0.304	0.161	0.019	0.558
MDH2	1	0.684	0.640	0.796	0.813	0.942	0.947
	2	0.316	0.360	0.204	0.188	0.058	0.053
SOD	1	0.646	0.685	0.661	0.696	0.567	0.577
	2	0.354	0.315	0.339	0.304	0.433	0.423
GOT	1	0.604	0.571	0.630	0.574	0.667	0.596
	2	0.333	0.393	0.296	0.259	0.333	0.404
	3	0.063	0.036	0.074	0.167	0.000	0.000

Gam = população Gamba; Ita = população Itamaracá; Naz = população Nazaré; Sir = população Sirinhaém; Tam = população Tamandaré; Mar = população Maragogi. *NA – valores não encontrados

Tabela 3. Índices de diversidade genética por populações de *Hancornia speciosa* baseados em dez locos isoenzimáticos.

População	n	P	A	H_o	H_e	f	N_e	N_e/n
Gambá	24	0,81	1,91	0,52	0,37	-0,44	42,9	1,79
Itamaracá	28	0,81	1,91	0,51	0,34	-0,52	58,3	2,08
Nazaré	26	0,81	1,91	0,64	0,42	-0,60	65,0	2,50
Sirinhaém	28	0,81	1,91	0,52	0,39	-0,54	60,9	2,17
Tamandaré	30	0,81	1,91	0,46	0,30	-0,69	96,8	3,23
Maragogi	26	0,81	1,91	0,51	0,35	-0,57	60,5	2,33
Média	27	0,81	1,91	0,53	0,36	-0,56	64,0	2,35

Número de indivíduos (n), porcentagem de locos polimórficos (P), número médio de alelos por locos (A), heterozigosidades observadas (H_o) e esperadas (H_e), índice de fixação (f), tamanhos efetivos (N_e) e relação entre o tamanho efetivo e tamanho real (N_e/n)

Tabela 4. Coeficientes de coancestralidade avaliado para os 11 locos isoenzimáticos estudados em seis populações naturais de *Hancornia speciosa*.

Locos	f	F	θ_s
ACP1	Ind.	Ind.	Ind.
ACP2	-0,623	-0,544	0,048
AKP	-0,729	-0,387	0,197
EST1	-0,688	-0,365	0,191
EST2	-0,597	-0,507	0,057
LAP1	-0,788	-0,724	0,036
LAP2	-0,137	-0,020	0,103
MDH1	-0,300	-0,086	0,265
MDH2	-0,231	-0,134	0,079
SOD	-0,432	-0,426	0,004
GOT	-0,532	-0,520	0,008
Média	-0,555	-0,428	0,081

Endogamia dentro das populações (f), endogamia entre as populações (F) e divergência genética entre as populações (θ_s). Ind.= valor indefinido.

Tabela 5. Identidade genética (G_I), estimativa da divergência genética (F_{ST}) calculadas segundo Nei (1978) e fluxo gênico (Nm) e distância geográfica aos pares de populações de *Hancornia speciosa*.

Combinações	G_I	F_{ST}	Distância geográfica (Km)	Nm
Gambá x Itamaracá	0,98	0,013	9,4	13,18
Gambá x Nazaré	0,99	0,018	74,8	9,47
Gambá x Sirinhaém	0,98	0,030	113,3	5,61
Gambá x Tamandaré	0,96	0,040	120,6	4,17
Gambá x Maragogi	0,95	0,061	152,2	2,67
Itamaracá x Nazaré	0,96	0,037	70,4	4,52
Itamaracá x Sirinhaém	0,96	0,037	109,6	4,52
Itamaracá x Tamandaré	0,93	0,061	116,8	2,67
Itamaracá x Maragogi	0,96	0,056	148,9	2,93
Nazaré x Sirinhaém	0,97	0,035	39,7	4,79
Nazaré x Tamandaré	0,96	0,040	46,8	4,17
Nazaré x Maragogi	0,96	0,036	79,2	4,68
Sirinhaém x Tamandaré	0,99	0,020	7,2	8,50
Sirinhaém x Maragogi	0,93	0,073	39,6	2,20
Tamandaré x Maragogi	0,99	0,063	32,6	2,58

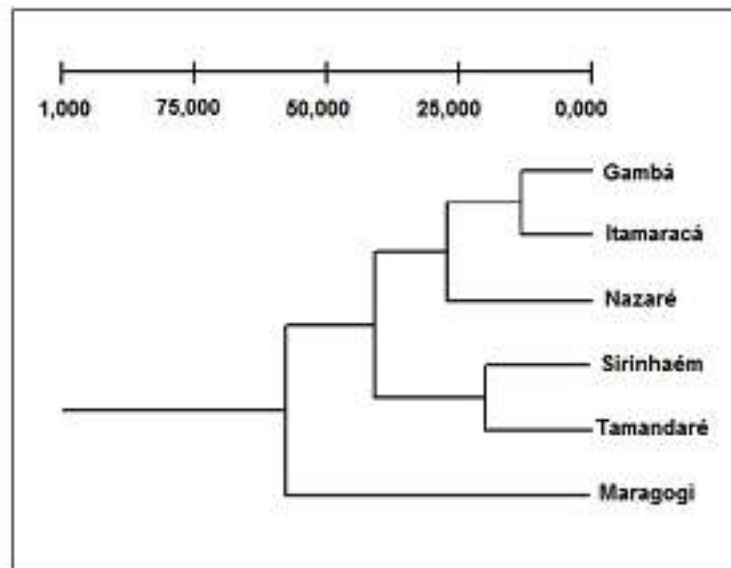


Figura 3. Análise de agrupamento das distâncias genéticas de Nei (UPGMA) entre as seis populações de *Hancornia speciosa* estudadas.

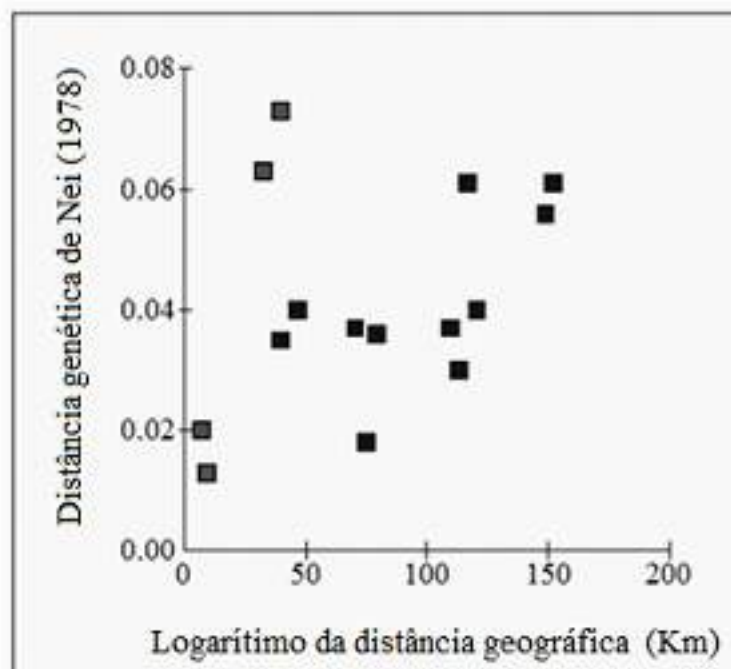


Figura 4. Relação genética não viesada de Nei (1978) e distância geográfica entre as seis populações de *Hancornia speciosa* estudadas. O coeficiente de correlação de Mantel foi ($r=0,3598$) $p=0,0920$.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALFENAS, A.C.; PETERS, I.; BRUNE, W.; PASSADOR, G.C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1998. 543p.

BOTREL, M.C.G.; CARVALHO, D. Variabilidade isoenzimática em populações naturais de jacarandá paulista (*Machaerium villosum* Vog.). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.27, p.621-627, 2004.

BOTREL, M.C.G.; SOUZA, A.M.; CARVALHO, D.; PINTO, S.I.C.; MOURA, M.C.O.; ESTOPA, R.A. Caracterização genética de *Calophyllum brasiliense* Camb. em duas populações de mata ciliar. **Revista Árvore**, Viçosa, v.33, p.821-827, 2006.

BROWN, A.H.D.; MORAN, G.F. Isozymes and the genetic resources of forest trees. In: CONCKLE, M.T. **Isozymes of North American forest insects.** Bekeley: Department Agriculture, 1981. p.1-10.

COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Lancaster, v.23, p.72-84, 1969.

CROW, J.F.; AOKI, K. Group selection for polygenic behavioral trait: estimating the degree of population subdivision. **Proceeding of Natural Academy of Sciences USA**, v.81, p.6073-6077, 1984.

ELLTSRAD, N.C. Current knowledge of gene flow in plants: implications for transgene flow. **Philosophical Transactions of Royal Society of London**, v.358, p. 1163-1170, 2003.

GOIS, I.B.; SILVA-MANN, R.; FERREIRA, R.A. Variabilidade genética de *Spondias lutea* L. em uma população do baixo São Francisco sergipano, por meio de isoenzimas. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.37, p.55-60, 2009.

GONÇALVES, A.C.; VIEIRA, A.F.; REIS, C.A.F.; CARVALHO, D. Conservação de *Dimorphandra mollis* Benth. (Fabaceae) baseada na estrutura genética de populações naturais. **Revista Árvore**, Viçosa, v.34, p.95-101, 2010.

HAMRICK, J.L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, Columbus, v.69, p.1685-1693, 1982.

HAMRICK, J.L.; GODT, M.J.W. Allozyme diversity in plant species. In: BROW, A.H.D.; CLEGG, M.T.; KAHLER, A.L.; WEIR, B.S. **Plant population genetics, breeding and genetic resources**, Sunderland: Sinauer Associates Inc. 1990.p.43-63.

IBGE. **Censo agropecuário 2011**. Rio de Janeiro: 2011.

KARP, A.; KRESOVICH, S.; BHAT, K.V.; AYADA, W.G.; Hodgkin, T. **Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies**. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, 1997. 47p.

LEDERMAN, I.E.; SILVA Jr., J.F.; BEZERRA, J.E.F.; ESPINDOLA, A.C.M. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000. 35p. (Série Frutas Nativas, 2)

LEWIS, P.O.; ZAYKIN, D. 2000. Genetic Data Analysis: computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0. <http://alleyn.eeb.uconn.edu/gda/2000> (acesso em 09 de novembro de 2010).

LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.15, p.65-95, 1984.

MELO JÚNIOR, A.F.; CARVALHO, D.; PÓVOA, J.S.R.; BEARZOTI, E. Estrutura genética de populações naturais de pequiheiro (*Caryocar brasiliense* Camb.). **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.66, p.56-65, 2004.

MILLER, M.P. 1997. TFPGA – Tools for Population Genetic Analyses: A Windows program for the analyses of allozymes and molecular population genetic data. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University.

MONACHINO, J. A revision of *Hancornia* (*Apocynaceae*). *Lilloa*, Tucumán, v.11, p.19-48, 1945.

MORAES, P.L.R.; DERBYSHIRE, M.T.V.C. Estrutura genética de populações naturais de *Cryptocarya aschersoniana* Mez (Lauraceae) através de marcadores isoenzimáticos. *Biota Neotropica*, São Paulo, 2002.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, Bethesda, v.89, n.3, p.583-590, 1978.

RAO, R.V.; HODGKIM, T. Genetic diversity and conservation and utilization of genetic resources. *Plant Cell*, Waterbury, v.68, p.1-19, 2002.

RAPOSO, A.; MARTINS, K.; CIAMPI, A.Y.; WADT, L.H.O.; VEASEY, E.A. Diversidade genética de populações de andiroba no Baixo Acre. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.42, p.1291-1298, 2007.

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

SEOANE, C. E.S.; KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M. Efeitos da fragmentação florestal na estrutura genética de populações de *Esenbeckia leiocarpa* Engl. (Guarantã). *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v.57, p.123-139, 2000.

SHAW, D.V.; ALLARD, R.W. Analysis of mating system parameters and population structure in Douglas-fir using single locus and multilocus methods. In: CONKLE, M.T. *Proceedings of Symposium on isozymes of North*

American Forest Trees and Forest Insect. USDA Forestry General Technical Report, Berkeley, p.18-22, 1981.

SILVA JUNIOR, J. F. da.; ARAUJO, I. A.; BARREIRO NETO, M.; ESPÍNDOLA, A. C. M.; CARVALHO, N. S. G.; MOTA, D. M. Recursos genéticos nos tabuleiros costeiros e baixada litorânea do Nordeste. In: SILVA JUNIOR, J. F. da.; LÉDO, A. da S. **A cultura da mangaba.** Aracaju, SE: Embrapa Tabuleiros Costeiros, p.57-74, 2006.

SILVA, E.F.; MARTINS, L.S.S.; OLIVEIRA, V.R. Diversity and genetic structure in cajá tree (*Spondias mombin* L.) populations in Northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.31, p.117-181, 2009.

SLATKIN, M.; BARTON, N.H. A comparison of three methods for estimating average levels of gene flow. **Evolution**, Lawrence, v.43, p.1349-1368, 1989.

TELLES, M.P.C.; SILVA, S.P. da, RAMOS, J.R.; SOARES, T.N.; MELO, D.B.; RESENDE, L.V.; BATISTA, E.C.; VASCONCELLOS, B.F. Estrutura genética em populações naturais de *Tibouchina papyrus* (pau-papel) em áreas de campo rupestre no cerrado. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.33, p.291-300, 2010.

TELLES, M.P.C.; VALVA, FABRIZIO D.; BANDEIRA, L.F.; COELHO A.S.G.. Caracterização genética de populações naturais de araticurzeiro (*Annona crassiflora* Mart. - Annonaceae) no Estado de Goiás. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.26, p.123-129, 2003.

TELLES, M.P.C.; SILVA, R.S.M.; CHAVES, L.J.; COELHO, A.S.G.; DINIZ FILHO, J.A.F. Divergência entre subpopulações de cagaiteira (*Eugenia dysenterica*) em resposta a padrões edáficos e distribuição espacial. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, p.1387-1394, 2001.

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

VIEIRA NETO, R. D.; MELO, V. S.; DANTAS, J. O. Caracterização do sistema produtivo da mangabeira no Município de Itaporanga D'Ajuda, Sergipe. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento - Embrapa Tabuleiros Costeiros**, Aracajú, 2009. 21p.

VIEIRA NETO, R.D. **Fruteiras tropicais para os tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas**. Aracajú: Embrapa. 2002. 216p.

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

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

ANEXOS

Normas da revista a ser publicado o artigo científico.

Revista Brasileira de Fruticultura

1. A Revista Brasileira de Fruticultura (RBF) destina-se à publicação de artigos e comunicações técnico-científicos na área da fruticultura, referentes a resultados de pesquisas originais e inéditas, redigidas em **português, espanhol ou inglês**, e ou 1 ou 2 revisões por número, de autores convidados.
2. É imperativo que todos os autores assinem o ofício de encaminhamento mencionando que: "OS AUTORES DECLARAM QUE O REFERIDO TRABALHO NÃO FOI PUBLICADO ANTERIORMENTE, OU ENCAMINHADO PARA PUBLICAÇÃO À OUTRA REVISTA E CONCORDAM COM A SUBMISSÃO E TRANSFERÊNCIA DOS DIREITOS DE PUBLICAÇÃO DO REFERIDO ARTIGO PARA A REVISTA.", deve indicar a natureza da publicação (ARTIGO OU COMUNICAÇÃO CIENTÍFICA). De acordo com a natureza da publicação, o mesmo deverá ser redigido de acordo com as respectivas normas. Trabalhos submetidos como artigo não serão julgados ou publicados na forma de Comunicação Científica e vice-versa.
3. **Quando o número de autores por manuscrito exceder a 4 (quatro), o mesmo deverá vir acompanhado de justificativa descrevendo a efetiva participação e/ou contribuição de cada um dos autores para a consecução do trabalho submetido.**
4. Os trabalhos devem ser encaminhados (SEM DISQUETE) em quatro vias (3 vias sem o nome do(s) autor(es) para serem utilizadas pelos assessores e uma via completa para o arquivo, incluindo e-mail.), em papel tamanho A4 (210 x 297mm), numeradas, com margens de 2 cm, em espaço um e meio, letra Times New Roman, no tamanho 13 e escritos em uma única face do papel.
5. O texto deve ser escrito corrido, numerando linhas e parágrafos. Tabelas e figuras em folhas separadas, no final do artigo.

6. O Custo para publicação na RBF é de R\$ 250,00 (sócio) por trabalho de 12 páginas (R\$ 50,00 por página adicional) a ser pago da seguinte forma:
 - 1.No encaminhamento inicial efetuar o pagamento de R\$ 100,00 e na aceitação do trabalho o restante da taxa:
 2. R\$ 150,00 para sócios (primeiro autor deverá ser sócio);
 3. R\$ 300,00 para não sócios.
 4. **Banco do Brasil, agência nº 0269-0 e Conta Corrente nº 8356-9 (enviar cópia do comprovante)**
 5. **OBS: Para trabalhos denegados ou encerrados, não será devolvido o pagamento inicial.**
 6. **Enviar os trabalhos para o editor-chefe da RBF, Prof. Carlos Ruggiero, Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane,s/n – Unesp/FCAV -CEP 14884-900 – Jaboticabal-SP - email: rbf@fcav.unesp.br . home page: www.rbf.org.br .**
 7. Uma vez publicados, os trabalhos poderão ser transcritos, parciais ou totalmente, mediante citação da RBF, do(s) autor(es) e do volume, número, paginação e ano. As opiniões e conceitos emitidos nos artigos são de exclusiva responsabilidade do(s) autor(es).
 8. Os artigos deverão ser organizados em **Título, Nomes dos Autores completos (sem abreviações e separados por vírgula, e de dois autores, separadas por &), Resumo (incluindo Termos para Indexação), Title, Abstract (incluindo Index Terms), Introdução, Material e Métodos, Resultados, Discussão (ou Resultados e Discussão), Conclusão, Agradecimentos (opcional), Referências Bibliográficas, Tabelas e Figuras.** O artigo deve ser submetido à correção de Português e Inglês, por profissionais habilitados, antes de ser encaminhado à RBF.

9. As comunicações devem ter estrutura mais simples 8 páginas, com texto corrido, sem destacar os itens, exceto Referências.
10. No **Rodapé** da primeira página, deverão constar a qualificação profissional, o endereço e e-mail atualizados do(s) autor(es) e menções de suporte financeiro.
11. As **Legendas** das Figuras e Tabelas deverão ser auto-explicativas e concisas. As Figuras coloridas terão um custo adicional de R\$400,00 em folhas que as contenham. As legendas, símbolos, equações, tabelas, etc. deverão ter tamanho que permita perfeita legibilidade, mesmo numa redução de 50% na impressão final da revista; parte alguma da Figura deverá ser datilografada; a chave das convenções adotadas deverá ser incluída na área da Figura; a colocação de título na Figura deverá ser evitada, se este **puder** fazer parte da legenda; as fotografias deverão ser de boa qualidade, bem focalizadas e de bom contraste, e serão colocadas em envelopes; cada Figura será identificada na margem, a traço leve de lápis, pelo seu número e nome do autor; as Figuras não devem estar danificadas com grampos.
12. Nas Tabelas, devem-se evitar as linhas verticais e usar horizontais, apenas para a separação do cabeçalho e final das mesmas, evitando o uso de linhas duplas.
13. **Apenas a versão final do artigo deve ser acompanhada por cópia em cd**, usando-se preferencialmente os programas Word for Windows (texto) e Excel (gráficos).
14. As citações de autores no texto deverão ser feitas com letras minúsculas, tanto fora quanto dentro dos parênteses, separadas por "&", quando dois autores. Quando mais de dois autores, citar o primeiro seguido de "et al". (não use "itálico").

REFERÊNCIAS:

NORMAS PARA REFERENCIA (ABNT NRB 6023, Ago. 2002)

As referencias no fim do texto deverão ser apresentadas em ordem alfabética nos seguintes formatos:

ARTIGO DE PERIODICO

AUTOR (es). Titulo do artigo. **Titulo do periódico**, local de publicação, v., n., p., ano.

ARTIGO DE PERIODICO EM MEIO ELETRONICO

AUTOR(es). Titulo do artigo. **Titulo do Periódico**, cidade, v., n., p., ano.

Disponível em:<endereço eletrônico>. Acesso em: dia mês (abreviado). ano

AUTOR(es). Titulo do artigo. **Titulo do Periódico**, local de publicação, v., n. p., ano. CD-ROM

LIVRO

AUTOR(es). **Titulo**: subtítulo. edição (abreviada). Local: Edidora, ano. p. (total ou parcial)

CAPITULO DE LIVRO

AUTOR. Titulo do capitulo. In: AUTOR do livro. **Titulo**: subtítulo. edição(abreviada). Local: Editora, ano. paginas do capitulo.

LIVRO EM MEIO ELETRONICO

AUTOR(es). **Titulo**. edição(abreviada). Local: Editora, ano. p. (total ou parcial).

Disponível em<endereço eletrônico>.Acesso em: dia mês (abreviado). Ano

AUTOR (es). **Titulo**. Edição (abreviada). Local: Editora, ano. p. CD-ROM

EVENTOS

AUTOR. Título do trabalho. In: NOME DO EVENTO, numeração, ano, local de realização.

Título...Local de publicação: editora, ano de publicação. p.

EVENTOS EM MEIO ELETRONICO

AUTOR. Título do trabalho. In: NOME DO EVENTO, numeração, ano, local de realização. **Título**...Local de publicação: Editora, data de publicação. Disponível em:

<endereço eletrônico>. Acesso em: dia mês (abreviado) ano.

AUTOR. Título do trabalho. In: NOME DO EVENTO, numeração, ano, local de realização. **Título**...Local de publicação: Editora, ano de publicação. CD-ROM

DISSERTAÇÃO, TESES E TRABALHOS DE GRADUAÇÃO

AUTOR. Título. ano. Numero de folhas ou volumes. Categoria da Tese (Grau e área de concentração)- Nome da faculdade, Universidade, ano.

NORMAS PARA TABELAS E FIGURAS:

Tabela - Microsoft Word 97 ou versão superior; Fonte: Times New Roman, tamanho 10; Parágrafo/Espaçamento simples; Largura da tabela em 10 ou 20,6 cm; Além de mandar a tabela no mesmo arquivo do trabalho, enviar cada tabela em arquivos separados; O título ou rodapé deverá ser digitado no MS Word.

Gráfico - Microsoft Excel/ Word 97 ou versão superior; Fonte: Times New Roman, tamanho 10; Parágrafo/Espaçamento simples; Largura da tabela em 10 ou 20,6 cm; Além de estar no corpo do trabalho, o gráfico deverá ser enviado separadamente, como imagem (na extensão jpg, tif ou gif com 300 dpi de resolução), e como arquivo do Excel atentando para as especificações de largura e fonte; O título ou rodapé deverá ser digitado no MS Word.

Fotos - Todas as fotos deverão estar com 300 dpi de resolução em arquivo na extensão: jpg, jpeg, tif ou gif; Além de estarem no corpo do trabalho, as fotos devem estar em arquivos separados; O título ou rodapé deverá ser digitado no MS Word.

Figuras ou imagens geradas por outros programas – As imagens geradas por outros programas que não sejam do pacote Office Microsoft, devem estar com 300 dpi na extensão: jpg, tif ou gif, Largura de 10 ou 20,6 cm; O título ou rodapé deverá ser digitado no MS Word.