

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PÓS GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

**DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E SISTEMAS DE  
CRUZAMENTO DE BRACATINGA (*Mimosa scabrella* Benth. var.  
*scabrella*) EM PAISAGEM MANEJADA  
EM ASSENTAMENTOS RURAIS**

**PRISCILA AMBRÓSIO MOREIRA**

**Florianópolis, SC**

**2009**

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PÓS GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

**DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E SISTEMAS DE  
CRUZAMENTO DE BRACATINGA (*Mimosa scabrella* Benth. var.  
*scabrella*) EM PAISAGEM MANEJADA  
EM ASSENTAMENTOS RURAIS**

**PRISCILA AMBRÓSIO MOREIRA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Santa Catarina como parte dos requisitos necessários para obtenção do título de Mestre em Ciências, área de concentração Recursos Genéticos Vegetais.

Orientador: Prof. Dr. Maurício Sedrez dos Reis

**Florianópolis, SC**

**2009**

# TERMO DE APROVAÇÃO

## PRISCILA AMBROSIO MOREIRA

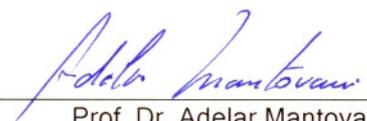
### DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E SISTEMAS DE CRUZAMENTO DE BRACATINGA (*Mimosa scabrella* Benth. var. *scabrella*) EM PAISAGEM MANEJADA EM ASSENTAMENTOS RURAIS

Dissertação julgada e aprovada em 05/06/2009, em sua forma final, pelo Orientador e Membros da Comissão Examinadora, para obtenção do título de Mestre em Ciências, Área de Concentração Recursos Genéticos Vegetais, no Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina.

#### COMISSÃO EXAMINADORA:

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Maurício Sedrez dos Reis  
Presidente e Orientador (CCA/UFSC)

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Nivaldo Peroni  
Membro (CCA/UFSC)

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Adelar Mantovani  
Membro (CAV/UDESC)

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Maurício Sedrez dos Reis  
Coordenador do Programa

Florianópolis, junho de 2009

*"Esquecer como escavar a terra e cuidar  
do solo é esquecer a nós mesmos "*

**Mahatma Gandhi**

## AGRADECIMENTOS

### MUITÍSSIMO OBRIGADA

Ao Prof. Mauricio Sedrez dos Reis, pela maestria do tom e do tempo no meu timbre; obrigada pela oportunidade de amadurecimento profissional e pessoal!

Ao Walter Steenbock, pela idealização do projeto, pela confiança na forasteira vinda de terras curitibanas, pela amizade, pelas conversas sempre ricas;

Aos agricultores "bracatingueiros" dos assentamentos de Calmon e Matos Costa, que não imaginam o quanto eu pensei neles, antes mesmo de chegar a conhecê-los; obrigada pela atenção, hospitalidade e experiência de vida;

Ao Seu Ervino e família, em Caçador, pela atenção e curiosidade contagiante.

Ao pessoal da COOPTRASC, ao casal Cátia de Oliveira Bortonoliol e Luís Sérgio "Índio" Telles Dias, pela atenção e acolhida em Matos Costa, junto com seus pequenos Maiz e Leon, pela descontração e bagunças que esquentaram aquele frio danado de junho;

Aos técnicos do INCRA: Diniz e "Japa", pelas caronas no assentamento e cordialidade;

À E.E.Epagri, pela hospitalidade;

Ao pessoal do Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais pela amizade e ajudas diárias, imprescindíveis ao bom andamento do trabalho, ao Ricardo Bittencourt pela iniciação nas técnicas eletroforéticas; aos bodoqueiros de plantão: Cristiano Schuch, Fernando André Loch, Caio Darós e gracias ao Tiago Montagna, também super força no laboratório; ao Diogo Klock Ferreira pela parceria nas análises com os softwares, por transmitir tão alegremente sua experiência na genética, pela troca de idéias e as caronas abençoadas; valeu galera!

Ao Lírio Dal Vesco pelos ensinamentos na lida no viveiro do CCA e no Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal da UFSC.

Ao Alexandre Sebbenn, pelas dicas valiosas na análise dos dados genéticos;

Ao Nivaldo Peroni, pela amizade e a sempre disposição para me ouvir, com sua capacidade brilhante de sanar dúvidas, mas de criar outras...(hehehe)

À Natalia Hanazaki, pela amizade e convivência durante o estágio de docência;

Aos Professores Ademir Reis; Alfredo Fantini; Charles Roland Clement; Mauricio Sedrez dos Reis, Miguel Pedro Guerra, Natália Hanazaki, Nivaldo Peroni, Rubens Onofre Nodari, Walter Simon de Boef, por ampliarem minha visão sobre os recursos genéticos vegetais;

Às amigas de Floripa: Heloísa "Lola" Fernandes, Elaine Zuchiwschi, Camila Vieira da Silva, Samanthinha Filippon, Manu Wiesbauer, Karina Hmeljevski, Nicole Vicente, Cris Baldauf, Fer Ribeiro, pelas festas e companhia em passeios e viagens, essenciais para manter a lucidez.

Ao Miodeli "Miolo" Nogueira Jr, pela eterna parceria, pelas conversas super inteligentes sobre Biologia, pelos "galhos quebrados", pelos sonhos compartilhados ...

À minha família, pela alegria e proteção sempre; ao Cadu Barros, pelos ensinamentos sobre a vida universitária e da profissão mestrando; pela companhia nas escapadas "obrigatórias" com as tiriricas e pedaladas de bike, que ajudavam a desanuviar; à minha mãe, pelo seu jeitinho "zen" de viver e sua nobreza, que me faz, todos os dias, mais forte!

À CAPES pela bolsa e CNPq pelo auxílio financeiro em campo/laboratório.

## SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS.....	ii
SUMÁRIO.....	iv
RESUMO.....	v
ABSTRACT.....	vi
LISTA DE FIGURAS.....	vii
LISTA DE TABELAS.....	viii
1. INTRODUÇÃO.....	1
1.1 <i>Mimosa scabrella</i> .....	2
1.2. O manejo local de <i>Mimosa scabrella</i> em assentamentos rurais no Planalto Norte de Santa Catarina .....	3
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	5
2.1 Perspectiva da conservação pelo uso.....	5
2.2 Domesticação de plantas e florestas.....	7
2.3 Importância do dinamismo genético em populações de plantas.....	8
2.4 Dinâmica evolutiva e manejo local.....	10
3.OBJETIVO GERAL.....	12
3.1 Objetivos específicos.....	12
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
4.1 Área de Estudo.....	13
4.2 Caracterização da diversidade, estrutura genética e sistema de cruzamento.....	15
4.2.1 Amostragem.....	16
4.2.2 Eletroforese de isoenzimas.....	19
4.2.3 Análise dos dados genéticos.....	20
4.3 Histórico das áreas amostradas.....	23
5. RESULTADOS.....	24
5.1 Histórico das áreas amostradas.....	24
5.1.1 Manejo da paisagem.....	24
5.1.2 Manejo das populações: Prática do desbaste.....	25
5.1.3 História natural de <i>M. scabrella</i> .....	26
5.2 Diversidade genética.....	28
5.2.1 Manejo da paisagem .....	31
5.2.2 Idade.....	31
5.2.3 Manejo das populações: Prática do desbaste.....	32
5.3 Estrutura genética .....	33
5.4 Diversidade e estrutura genética de progênes .....	36
5.5 Sistema de cruzamento .....	38
6. DISCUSSÃO.....	42
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	53
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	55
ANEXO 1 Roteiro de entrevista.....	66
ANEXO2. Amostras de géis de <i>M. scabrella</i> avaliados neste trabalho (a=FES; b=DIA; c=PGI; d=IDH; e=PGM.).....	67
ANEXO 3. Amostras de géis de <i>M. scabrella</i> avaliados neste trabalho. (f=PRX; g=6PGDH; h= $\beta$ -EST; i=SKDH.).....	68

## RESUMO

### DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E SISTEMAS DE CRUZAMENTO DE BRACATINGA (*Mimosa scabrella* Benth. var. *scabrella*) EM PAISAGEM MANEJADA EM ASSENTAMENTOS RURAIS

A diversidade genética, essencial para garantir a evolução e adaptabilidade contínua das espécies, também deve ser analisada em relação às decisões das populações humanas, segundo a perspectiva de uso e conservação da biodiversidade. No sul do Brasil, *Mimosa scabrella* Benth. var. *scabrella* (Fabaceae), árvore nativa do bioma Mata Atlântica, é usada na produção de carvão, base econômica de assentamentos rurais no Planalto Norte de Santa Catarina. O sistema de manejo local promove adensamentos monoespecíficos de *M. scabrella* (bracatingais) na paisagem. O manejo envolve uso de fogo em época e idade específicas, desbastes e manutenção do banco de sementes. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a influência do manejo local na diversidade, estrutura genética e sistemas de cruzamento de populações de *Mimosa scabrella* em paisagem manejada em assentamentos rurais da região. Foram analisadas 14 populações, através de marcadores alozímicos (8 locos polimórficos), sendo uma população regenerada naturalmente. De forma complementar, entrevistas semi estruturadas foram feitas nos locais de coleta a fim de avaliar o histórico da paisagem na área e possíveis efeitos da seleção humana na espécie. Os índices de diversidade médios obtidos foram altos ( $A=2,63$ ;  $H_e=0,376$ ;  $H_o=0,256$ ) e semelhantes entre todas as populações, além de alta endogamia em média ( $f=0,322$ ), coerente com os cruzamentos entre aparentados e autofecundações observados ( $t_m$  variou de 0,780 a 0,832). Há evidências de subestruturações dentro de cada bracatingal. Neste caso, a geração e manutenção de diversidade de *M. scabrella* pode funcionar como uma metapopulação. A prática do desbaste pode favorecer perda de alelos. Mas o padrão genético se mantém na geração atual, de acordo com o aporte de alelos raros e exclusivos observado entre as progênies. Foi observado alto fluxo gênico, levando à baixa divergência entre populações ( $\Theta_p=0,05$ ). Não foi evidente o papel da seleção natural favorecendo heterozigotos ao longo do ciclo de vida da espécie. Não foi detectada, até o momento, promoção intencional de fenótipos, pelos agricultores; o que contribuiria para gargalos genéticos. Os resultados obtidos indicam que as populações de *M. scabrella* estudadas apresentam baixo grau de domesticação da espécie, a qual pode ser intensificada, de acordo com as perspectivas futuras de uso da espécie no local, principalmente pelo alto grau de domesticação da paisagem. A manutenção do dinamismo genético deve ser garantida a partir do reconhecimento, pelas políticas ambientais, de populações sob diferentes graus de domesticação da paisagem, as quais, neste caso, são consideradas complementares do ponto de vista genético.

Palavras-chave: domesticação, manejo local, genética ecológica de populações

## ABSTRACT

### DIVERSITY, GENETIC STRUCTURE AND MATING SYSTEMS OF BRACATINGA (*Mimosa scabrella* Benth. var. *scabrella*) IN MANAGED LANDSCAPE AT RURAL SETTLEMENTS

Genetic diversity, essential for continued evolution and adaptability of species, has to be analyzed according to human population decisions as well, in the conservation-through-use approach of biodiversity. In the South of Brazil, *Mimosa scabrella* Benth. var. *scabrella* (Fabaceae), native tree from the Atlantic Forest, is used for coal production, an important economic activity of rural settlements in the North Plateau of Santa Catarina. The local management system promotes dense monospecific populations of *M. scabrella* (bracatingais) in the landscape. One of the management practices are the use of fire, logging and seed bank maintenance. The objective of this study was to evaluate the influence of local management in the diversity, genetic structure and mating systems of populations of *M. scabrella* in managed landscape in that region. Populations (14) were analyzed using allozymic markers (8 polymorphic loci). One of them, was regenerated naturally. In addition, semi structured interviews were developed in the local samples to evaluate the landscape history in the area and possible effects of human selection on species. The results indicated high genetic index ( $A=2,63$ ;  $H_e=0,376$ ;  $H_o=0,256$ ), similar between populations and also high inbreeding due to biparental inbreeding and selfing ( $t_m$  varied 0,780 to 0,832). There are evidences of subdivided populations. In this case, origins and maintenance of diversity could work as a metapopulation. Loss of alleles from logging practices were detected. But the general genetic pattern continues in the present generation, according to the rare and private alleles come from progenies. High gene flow and low genetic divergence were observed between populations ( $\Theta_p=0,05$ ). The role of natural selection in favoring heterozygosity throughout life cycle was not evident. It was not detected, until now, intentional promotion of phenotypes by farmers, which would contribute to bottlenecks. *M. scabrella* populations studied conform to low levels of species domestication that could be intensified under the future perspectives of species local use, specially to the high level of landscape domestication. The maintenance of genetic dynamism must be guaranteed through the local environmental policies that should acknowledge the presence of populations at different levels of landscape domestication, which in this case, are complementary to each other, in the genetic point of view.

Key words: domestication, local management, genetic ecological population

## LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1. Aspectos da paisagem em assentamentos rurais, Planalto Norte, SC. Bracatingais desenvolvidos (a) em áreas abertas com uso de fogo (b) para aproveitamento da madeira em fornos na produção de carvão (c).  
.....4
- FIGURA 2. Localização da área de estudo (a,b,c), modificado de Simó & Horn Filho (2004); indicando populações 1 a 13 amostradas nos assentamentos e população 14 na E.E.Epagri, sendo □= número da população em (c); aspectos da paisagem e uso da terra nos assentamentos conforme descrição no texto (d,e) .....15
- FIGURA3. Ramo florido de *Mimosa scabrella* variedade *scabrella*.  
.....16
- FIGURA 4. Bracatingais de diferentes idades amostrados, sendo A=jovem; B=adulto; C=em senescência ..... 19
- FIGURA 5. Dendrograma quanto à divergência genética ( $\Theta_p$ ) entre 13 populações de *Mimosa scabrella* em assentamentos rurais e uma população na E.E.Epagri, Planalto Norte/SC.....34

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1. Dados atuais (local e área) e históricos (forma de regeneração, idade, ocorrência de desbaste) das populações de <i>Mimosa scabrella</i> estudadas no presente trabalho. ....	18
TABELA 2. Sistemas enzimáticos interpretados a partir da técnica de eletroforese em gel de amido.....	20
TABELA 3. Estimativa das freqüências alélicas de populações de <i>M. scabrella</i> em assentamentos rurais e na E. E. Epagri, Planalto Norte/SC. ....	28
TABELA 4. Índices de diversidade genética estimados em populações de <i>M. scabrella</i> em assentamentos rurais e na E.E. Epagri, Planalto Norte/SC. ....	30
TABELA 5. Estimativa da divergência genética ( $\Theta_p$ ) entre os pares de populações de <i>Mimosa scabrella</i> , empregando-se 8 locos polimórficos a partir de 7 sistemas enzimáticos.....	35
TABELA 6. Estimativa das freqüências alélicas de progênies e adultos de 2 populações de <i>M. scabrella</i> em assentamentos rurais, Planalto Norte/SC.....	36
TABELA 7. Índices de diversidade genética estimados de progênies e adultos de 2 populações de <i>M. scabrella</i> em assentamentos rurais, Planalto Norte/SC.....	37
TABELA 8. Divergência genética ( $F_{st}$ ) entre freqüências alélicas de pólen e óvulo, graus de liberdade (GL), e teste de qui-quadrado ( $X^2$ ) para progênies de 2 populações de <i>Mimosa scabrella</i> em assentamentos rurais, Planalto Norte/SC.....	40
TABELA 9. Estimativa da taxa de cruzamento multilocos por indivíduo parental e parâmetros do sistema reprodutivo de 2 populações de <i>Mimosa scabrella</i> em assentamentos rurais, Planalto Norte, SC. ....	41

## 1. INTRODUÇÃO

A bracatinga (*Mimosa scabrella*) é uma espécie arbórea do bioma Mata Atlântica do Brasil, pertence à família Fabaceae, subfamília Mimosoideae, distribuindo-se do Rio Grande do Sul ao sul de Minas Gerais.

Por ser muito comum nos estágios iniciais da formação Floresta Ombrófila Mista (BURKART, 1979), as populações de *M. scabrella* podem formar adensamentos monoespecíficos (CARPANEZZI, 1997), chamados popularmente de bracatingais.

Esta fitofisionomia vem sendo favorecida desde o início do século XX em sistemas agroflorestais no sul do Brasil (BAGGIO *et. al.*, 1986) e atualmente é marcante em assentamentos de reforma agrária no Planalto Norte de Santa Catarina (STEENBOCK, 2009). Os bracatingais fornecem madeira para lenha e tábuas para palanques e assoalhos e a florada fornece mel. Também é obtido o mel de melato, produzido por abelhas que coletam as excreções açucaradas de cochonilhas (*Tachardiella* sp/ Hemiptera: Coccoidea), as quais se aproveitam da seiva elaborada de bracatingas (MARTINS, 2005).

Nas últimas duas décadas, a madeira da bracatinga vem sendo a base econômica para assentados da reforma agrária, do Planalto Norte de Santa Catarina, sendo matéria-prima na produção de carvão, o qual é vendido para siderúrgicas de Minas Gerais e São Paulo. Os bracatingais são resultado de um sistema tradicional de manejo que foi descrito por STEENBOCK (2009) e embora sejam raros os estudos avaliando os impactos e as condicionantes desta prática, o uso destas florestas é considerado ilegal pela legislação ambiental brasileira.

O presente trabalho, portanto, pretende contribuir nesta discussão, tendo como área de estudo os assentamentos rurais do Planalto Norte de Santa Catarina. Para tanto, considera que a diversidade genética de uma espécie pode ser alterada pela maneira como humanos usam e interagem com o ambiente em questão (CLEMENT, 1999; MARTINS, 1995; HECKENBERGER *et al.*, 2007). O conhecimento da distribuição e da dinâmica da diversidade genética permite avaliar se o manejo e a exploração de *M. scabrella* na forma como são praticados favorecem a conservação deste recurso genético.

## 1.1 MIMOSA SCABRELLA

São reconhecidas e cultivadas 2 variedades botânicas de *M. scabrella*: a variedade *scabrella* e a variedade *aspericarpa* Hoehne Burkart (conhecida como argentina), ambas de ocorrência restrita ao Brasil, segundo CARPANEZZI (1994). BARNEBY (1991) cita a bracatinga-argentina como uma curiosa forma de *Mimosa scabrella* Bentham com frutos fortemente verrucosos, mas ainda não a separa em variedade botânica.

*Mimosa scabrella* possui características de espécie pioneira. Produz frutos secos e deiscentes com sementes pequenas, abundantes e dispersão barocórica. CARPANEZZI (1997) observou que sementes de bracatinga podem permanecer viáveis no solo por 3 anos e há relato de agricultores de que as sementes germinam mesmo após 17 anos mantidas no solo (comunicação pessoal). A regeneração ocorre naturalmente a partir da abertura de grandes clareiras em floresta em áreas perturbadas, bem como através de queimadas que caracterizam o antigo sistema agroflorestal do sul do Brasil (CARPANEZZI, 1997).

A rusticidade e o caráter heliófilo da espécie proporcionam rápida cobertura de áreas de solos alterados ou degradados em que suas populações ocorrem (BAGGIO, 1994).

Esta espécie possui crescimento rápido, alcançando a idade reprodutiva aos 3 anos e sistema reprodutivo misto, com predominância de alogamia (SOBIERASJKI et al., 2006). Apresenta flores hermafroditas arranjadas em inflorescências globosas (capítulos), que são expostas em abundância no fim do inverno e durante a primavera, podendo uma árvore produzir 40.000 inflorescências (HARTER-MARQUES & ENGELS, 2003). Tal estratégia confere a possibilidade de uma ampla diversidade de visitantes florais como observado por HARTER-MARQUES & ENGELS (2003). Os polinizadores são abelhas como as do gênero *Plebeia* ou *Apis* (PIRANI & CORTOPASSI-LAURINO, 1993; HARTER-MARQUES & ENGELS, 2003).

Assim como outras espécies arbóreas pioneiras, a bracatinga apresenta um ciclo de vida relativamente curto, cerca de 20 a 25 anos (BAGGIO, 1994). No início do ciclo, segundo CARPANEZZI (1997), há uma forte competição intra-específica, bem como com outras espécies de plantas espontâneas. Ao longo do ciclo de vida, há redução demográfica. CARPANEZZI et al. (1988) identificaram de 2129 a 2636 plantas de bracatinga (DAP > 5 cm) por hectare em bracatingais de 4,5 a 7 anos, reduzindo-se esta densidade para 1691 plantas por hectare em bracatingal de 9,5 anos, 815 plantas por hectare em bracatingal de 12 anos e 509 plantas por hectare em bracatingal de 18 anos. Este padrão demográfico também

foi registrado por STEENBOCK (2009) na área dos assentamentos rurais estudados no presente trabalho.

## 1.2. O MANEJO LOCAL DE *MIMOSA SCABRELLA* EM ASSENTAMENTOS RURAIS NO PLANALTO NORTE DE SANTA CATARINA

O manejo local de *Mimosa scabrella* nos assentamentos rurais no Planalto Norte catarinense se assemelha ao sistema agroflorestal praticado na região de Curitiba (BAGGIO, 1986), com a diferença de que estes visam a produção de lenha e aqueles, de carvão (STEENBOCK, 2009). Entretanto, este último autor argumenta que ambos são sistemas de domesticação da paisagem para o favorecimento da bracatinga, que poderiam ser classificados, no sentido proposto por CLEMENT (1999), como paisagens manejadas. O manejo local de bracatingais foi chamado por STEENBOCK (2009) de sistema tradicional de condução de bracatingais. O sistema se caracteriza pela manutenção do bracatingal até a idade adulta (acima de 9 anos) e aproveitamento da madeira nos fornos de carvão (Figura 1). A renovação do bracatingal é feita pelo uso do fogo após as geadas (agosto a janeiro). Nesta fase do ciclo do bracatingal, as populações adultas apresentam frequência relativa elevada de *M. scabrella* (superior a 65% e frequentemente 100%).



Figura 1. Aspectos da paisagem em assentamentos rurais, Planalto Norte, SC. Bracatingais desenvolvidos (a) em áreas abertas com uso de fogo (b) para aproveitamento da madeira em fornos na produção de carvão (c).

Ao longo deste processo, alguns agricultores praticam o desbaste de árvores, visando uso doméstico. Entretanto, parece haver graus de intensidade de desbaste. Existem aqueles que retiram tanto árvores adultas, sejam vivas e saudáveis (para o produto de caibros, palanques, escoras ou tábuas) quanto secas em pé ou caídas (para o produto de lenha para uso doméstico e, especialmente, carvão). E outros que não retiram as árvores adultas e saudáveis, usando apenas as secas e caídas. Ambos os tipos de desbaste não são sistemáticos e visam o aproveitamento ocasional da madeira (STEENBOCK, 2009).

O sistema tradicional de condução de bracatingais permite que se dê tempo para as sementes se enterrarem no solo, evitando sua exposição direta ao fogo, o que aumentaria a chance de mortalidade das sementes (CARPANEZZI, 1997). A época de queimada também busca não coincidir o crescimento das plântulas com os períodos de geada. Este conjunto de

práticas garante o desenvolvimento de um banco de sementes ao redor das plantas matrizes, o que é essencial para a continuidade do processo produtivo (STEENBOCK, 2009).

O carvão vegetal é produzido a partir da lenha pelo processo de carbonização. A carbonização da lenha é praticada de forma tradicional em fornos de alvenaria com ciclos de aquecimento e resfriamento que duram até vários dias. Os fornos cilíndricos com pequena capacidade de produção, sem mecanização e sem sistemas de recuperação de alcatrão continuam sendo os mais usados. Não há qualquer requisição para corte ou venda, sendo todo o processo realizado na ilegalidade, desde a extração da bracatinga (sem licença), da produção de carvão nos assentamentos (também sem licença, com a carvoaria apenas com registro no IBAMA) até a posterior comercialização nos supermercados e outros estabelecimentos comerciais da região (VPC/INCRA, 2006; STEENBOCK, 2009).

A Resolução 310 (CONAMA 2002) especificava os parâmetros para o manejo de *M. scabrella* em florestas nativas de estágio médio e avançado de regeneração, porém é considerada impraticável pelos assentados (STEENBOCK, 2009). Enquanto os assentados preferem se basear na semeadura natural e regeneração do banco de sementes, adotando práticas que se assemelham a plantios, esta resolução está baseada em critérios de manejo que segue a lógica da exploração seletiva. A Resolução 310 proíbe a supressão dos bracatingais e afirma que, para continuidade dos mesmos, a exploração deve garantir a manutenção de pelo menos 50 indivíduos/ha. Além de não condizer com a realidade dos assentados, utiliza critérios sobre a manutenção da população sem nenhum estudo prévio.

A partir das interpretações de STEENBOCK (2009), foi editada em 2007, a Instrução Normativa nº43, que reconhece a existência de práticas locais de condução de bracatinga, favorecendo, pela via da legalização, a possibilidade de uso tradicional dos bracatingais em Santa Catarina. Embora esta instrução seja divergente ao proposto pela resolução nº 310 (CONAMA, 2002), ambas estão atualmente impraticáveis. Hoje, considerando o Decreto de Regulamentação da Lei nº 11.428 (BRASIL, 2008), qualquer manejo de bracatingais fica impossibilitado, por ser classificado como manejo de florestas naturais e não plantadas.

## **2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA**

### **2.1 PERSPECTIVA DA CONSERVAÇÃO PELO USO**

A partir da Convenção da Diversidade Biológica (CDB), instrumento legal proposto durante reunião das Nações Unidas sobre biodiversidade em 1992; o termo

agrobiodiversidade vem sendo usado como referência a todos os componentes da diversidade biológica usados direta ou indiretamente na agricultura (CLEMENT *et al.*, 2007).

No entanto, segundo LEACH (1997), a definição de agricultura pode assumir um sentido mais amplo do que apenas monocultura de grãos como proposto pelo modelo de produção europeu. Assim, arboricultura ou silvicultura também são sistemas produtivos, que se caracterizam pelo cultivo ou manejo de florestas.

A agrobiodiversidade, portanto, está condicionada ao manejo humano e este pode ser considerado um estímulo à conservação biológica como sugerem CLEMENT (1999) e MICHON (2005). Além disso, BALÉE (1998) argumenta que o manejo do ambiente florestal não necessariamente ocasiona a degradação ambiental, podendo, em alguns casos, promover endemismos e riqueza de espécies. Para BERKES & FOLKE (2000) o manejo se associa à conservação quando tem a capacidade de se transformar frente às mudanças ambientais e sociais. De forma complementar, JARVIS & HODGKIN (2000) afirmam que manejo sustentável e conservação serão efetivos nos casos em que determinado recurso natural tenha valor concreto no momento atual tanto para uma nação quanto para comunidades humanas locais.

Sob esta perspectiva, o componente humano pode ser considerado um outro nível importante de proteção da conservação da diversidade biológica (BERKES & FOLKE, 2000).

Entretanto, vários estudos documentam o impacto humano como uma ameaça à biodiversidade, na medida que promove fragmentação de florestas em mosaicos e perda de habitats devido, principalmente, à ampliação de áreas para pastagens, uso de fogo e intensificação do extrativismo (OLMOS *et al.*, 2002; LOWE *et al.*, 2005). Para SIMONS & LEAKEY (2004), é evidente que as florestas naturais não irão atender as demandas de mercado e o cultivo destas florestas se faz cada vez mais necessário.

O estudo da intervenção humana não é livre de subjetividade, podendo assumir diferentes conotações de acordo com o ponto de vista do pesquisador (ALVES & ALBUQUERQUE, 2005). Neste trabalho, será adotada a noção de "manejo" acompanhada do adjetivo "local" que, segundo ANTWEILER (1998) trata-se de "*soluções técnicas fundamentadas na experiência das pessoas sobre a ecologia da região, valorizando suas habilidades e as instituições locais, bem como os esforços para conferir maior visibilidade e articulação dos problemas vividos por grupos sociais minoritários e marginalizados*".

De qualquer maneira, esta abordagem da "conservação pelo uso" ainda segue como hipótese, uma vez que até o momento, são poucos os estudos avaliando os processos dinâmicos decorrentes do manejo, integrando o papel do homem como dispersor e

descrevendo sua implicação na estrutura e dinâmica das populações e comunidades ecológicas (PERONI, 2007; TICKTIN, 2004).

## 2.2 DOMESTICAÇÃO DE PLANTAS E FLORESTAS

A interação entre plantas e pessoas é um processo co-evolutivo denominado domesticação (HARLAN, 1992). Caracteriza-se por fenômenos genéticos e ecológicos, mas também culturais, uma vez que é influenciada pela capacidade humana de transformação e aprendizado (ZEDER, 2006), bem como pelo contexto político, econômico e social onde ocorre (BALÉE & ERICKSON, 2006).

O processo de domesticação de espécies vegetais pode ser categorizado, segundo CLEMENT (1999), de acordo com a recorrência de seleção de fenótipos ao longo de gerações, o que ocasiona diminuição gradual da variabilidade genética das populações, principalmente por efeito de seleção.

Assim, segundo CLEMENT (1999), população silvestre é definida como população natural não modificada por intervenção humana, ao passo que uma população domesticada seria dependente da intervenção humana para sua manutenção. Entre essas duas categorias extremas (silvestres e domesticadas), ao longo de um gradiente de domesticação, há as populações incipientemente domesticadas; as quais apresentam fenótipos que diferem pouco da amplitude de variação encontrada nas populações silvestres. Nas populações semi-domesticadas a seleção humana é um pouco mais intensa, sendo que a variação fenotípica aumenta, pois inclui tanto os tipos comuns e tipos novos. Neste gradiente, a variabilidade genética tende a diminuir, uma vez que apenas alguns tipos são selecionados para a próxima geração. Há ainda, as populações incidentalmente co-evoluídas, as quais se adaptam aos ambientes antrópicos, porém sem sofrer seleção.

O auge da domesticação da espécie acontece quando a pressão de seleção acarretou uma diminuição ainda maior na variabilidade genética na população da planta e houve perda da adaptabilidade ecológica, dependendo, assim, do manejo humano e do ambiente criado pelos humanos para se propagar.

CLEMENT *et al.* (2009a) lembram que a influência humana nos ecossistemas é antiga e distinta em diferentes partes do globo, sendo que o uso do fogo marca o início do processo de domesticação da paisagem pelo ser humano, há pelo menos 130.000 anos AP. Assim, CLEMENT (1999) também propõe um gradiente de domesticação da paisagem, a qual,

segundo este autor, ocorre conscientemente ou inconscientemente, a partir do desenvolvimento de um ambiente mais produtivo para o homem.

Assim, áreas não-manipuladas são conhecidas como pristinas. As paisagens chamadas de promovidas são aquelas onde ocorre o favorecimento da reprodução de indivíduos de espécies desejáveis. Já nas paisagens manejadas, a modificação é mais intensa, pois além de favorecer a reprodução, as intervenções podem incluir semeadura, transplante das espécies e uso de insumos. As paisagens domesticadas alcançam o auge da promoção da produtividade para o homem e, geralmente, se apresentam como monoculturas da espécie de interesse (CLEMENT, 1999). No entanto, MICHON (1999) se refere a um caso de manejo de agroflorestas como domesticação de florestas, em que há o favorecimento de diversas espécies numa paisagem altamente produtiva. Neste sentido, embora ocorra favorecimento de uma espécie em um local, em uma escala mais ampla da paisagem existe uma variedade de outras espécies que são o resultado da produção diversificada de produtos florestais madeiráveis e não madeiráveis. Há que se considerar, ainda, que embora existam paisagens com grau elevado de domesticação, estas não necessariamente contenham plantas domesticadas (CLEMENT, 1999).

Estes graus de domesticação de florestas nem sempre são evidentes, podendo assumir aspecto muito semelhante a florestas nativas, virgens ou pristinas. BALÉE (1992) denominou florestas antropogênicas, os artefatos humanos resultantes do manejo por grupos indígenas na Floresta Amazônica. MICHON (2005) relatou a existência de confusão entre órgãos do governo e pesquisadores, no que diz respeito à tomada de decisões na conservação de determinadas florestas na Indonésia, que não são consideradas produto da ação de grupos humanos locais.

### 2.3 IMPORTÂNCIA DO DINAMISMO GENÉTICO EM POPULAÇÕES DE PLANTAS

A diversidade genética das espécies é um dos componentes da agrobiodiversidade de acordo com a CDB, sendo considerada fundamental para a garantia de evolução e adaptabilidade frente à variação ambiental (MARTINS, 1987; ATTA-KRAH *et al.*, 2004).

A manutenção de variantes propicia um maior repertório de possibilidades, enquanto que uma base genética restrita, aliada à perda de alelos, leva à depressão por endogamia, diminuindo o potencial adaptativo da população (SEBBENN, 2002).

Por outro lado, LEDIG (1986), seguindo a teoria neutralista (KIMURA, 1976), afirma que o nível de diversidade genética é um reflexo dos parâmetros da história de vida, do

sistema de cruzamento e de eventos recentes, não sendo necessariamente adaptativo. Neste caso, as variações representam fixações por deriva genética de alelos mutantes, não necessariamente favorecidos por seleção natural (KIMURA, 1976). De qualquer modo, segundo a teoria neutralista, alelos neutros têm potencial latente para seleção quando novas condições são impostas (TORGGLER, 1995). Assim, embora haja controvérsia no significado do papel da seleção, a diversidade genética é considerada matéria-prima para a evolução das populações de organismos (LEDIG, 1986).

De acordo com LOVELESS & HAMRICK (1984), a diversidade genética dos indivíduos está estruturada no espaço e no tempo, pois se distribui geograficamente entre populações e dentro das populações e pode variar entre gerações.

Fatores microevolutivos como mutação, migração (fluxo gênico), seleção (natural ou artificial) e deriva genética atuam modificando a estrutura genética, o que confere um dinamismo genético intrínseco às populações, o qual Sewall Wright denominou na década de 30 de teoria do equilíbrio instável (HANSKI & SIMBERLOFF, 1997). Segundo esta teoria, as frequências alélicas e genotípicas variam de acordo com um balanço entre forças estruturadoras, como deriva genética e seleção que tendem à perda e fixação de alelos; com forças desestruturadoras como fluxo gênico, que amplifica a base genética.

REIS (1996) argumenta que o dinamismo genético deve ser garantido nas estratégias de conservação e manejo que visam explorações controladas, respeitando-se a auto ecologia da espécie. Assim, a preocupação é a manutenção dos níveis de variabilidade, o qual é garantido, através da continuidade da movimentação dos alelos em níveis compatíveis com a estrutura original. Adicionalmente, JAMNADASS *et al.* (2009), considerando o longo tempo para detectar variação genética em espécies arbóreas, sugere que os estudos relacionados ao manejo priorizem os níveis de conectividade e fluxo gênico entre populações, mais do que a diversidade, a menos que a espécie seja no mínimo semi-domesticada.

LEDIG (1986) afirma que existe uma prescrição para o manejo, considerada óbvia, a qual envolve reduzir a endogamia, promover heterozigosidade, cruzamentos e migração entre populações. Porém, considera que há um risco de que a "contaminação" de pólen de espécies domesticadas possa reduzir o "fitness" da espécie em uma área de floresta nativa, uma vez que o alto vigor em uma condição, pode não ser em outra.

Por outro lado, JARVIS & HODGKIN (2000) questionam se programas de conservação e uso devem focar em pequenas populações interdependentes e ligadas por dispersão e migração (metapopulações) ou se o foco seja a área individual manejada pelo agricultor. Para tanto, é importante compreender os mecanismos pelos quais a diversidade é

gerada e mantida nas espécies e então identificar estas áreas. Os estudos nesta direção devem, portanto, avaliar a quantidade de diversidade genética existente em determinada espécie em uso e como esta se distribui no tempo e no espaço.

## 2.4 DINÂMICA EVOLUTIVA E MANEJO LOCAL

De acordo com JARVIS & HODGKIN (2000), a diversidade e estrutura genética também devem ser relacionadas às decisões das populações humanas no que diz respeito sobre como, quando e onde manejar determinada espécie.

Estas decisões representam um fator de seleção, a qual pode ser intencional ou não, e que é intrínseca ao processo de domesticação. Contudo, embora a seleção atue fixando características e reduzindo a variabilidade genética em um nível local em um intervalo de tempo, há evidências de que a domesticação seja um sistema “aberto”, uma vez que é influenciada por diversas forças e eventos. O processo de domesticação, neste sentido, foi denominado de dinâmica evolutiva por MARTINS (1995). Neste caso, a conservação de determinados genótipos é secundária aos processos que permitem a evolução continuada da espécie em questão, ou seja, que favoreçam a manutenção de variação genética.

Dentre os estudos que abordam a dinâmica evolutiva resultante do manejo local, destaca-se PERONI & MARTINS (2000), que argumentam que a própria característica itinerante do manejo de roças, por exemplo, baseado na lógica de derrubada de vegetação em estágios avançados de sucessão e queima como forma de incorporar nutrientes (agricultura de coivara); possibilita a ocorrência de fluxo gênico através do tempo, favorecendo a germinação de sementes do banco de sementes de espécies domesticadas. Além disso, a abertura de floresta para implantação da roça pode estimular colonização de tipos selvagens e hibridação com os cultivados (MARTINS, 1995). Outro exemplo, CLEMENT *et al.* (2009b) estudando diversidade vegetal em solos antropogênicos, chamados de terra preta de índio, resultado de práticas hortícolas e acúmulo de materiais orgânicos de grupos de ribeirinhos pré-colombianos na região Amazônica; argumentam que estas áreas, onde há este tipo de solo, podem atuar como reservatório de agrobiodiversidade, contribuindo com o incremento de diversidade de áreas vizinhas através da migração de propágulos.

COLE *et al.* (2007), estudando populações manejadas de pupunha (*Bactris gasipaes*) e DYER & TAYLOR (2008), estudando milho (*Zea mays*), discutiram a importância das percepções individuais dos agricultores sobre o uso e valor de um tipo específico da planta na estruturação genética local e regional. Portanto, nestes casos, foi fundamental entender como

a diversidade da espécie é percebida pelo grupo humano em estudo. Nestes casos, o papel da migração contrabalançando os efeitos de seleção, através de trocas de propágulos (sementes, raízes) entre pessoas foi documentado tanto em espécies arbustivas e herbáceas (PERONI & MARTINS, 2000; LOUETTE, 2000; DYER & TAYLOR, 2008; ZIMMERER & DOUCHES, 1991), quanto arbóreas (ADIN *et al.*, 2004; COLE *et al.*, 2007). Para JAMNADASS *et al.* (2009), determinar a proporção da variação genética na escala geográfica local é importante, uma vez que grande parte da variação genética dentro das espécies ocorre justamente na paisagem imediatamente ao redor das roças e quintais manejados pelos agricultores. Assim, estes autores, embasados em contextos nos quais propágulos são trazidos de áreas selvagens para serem plantados em quintais agroflorestais, como no caso de *Inga edulis* (HOLLINGSWORTH *et al.*, 2005), *Bactris gasipaes* (ADIN *et al.*, 2004, COLE *et al.*, 2007), *Vitellaria paradoxa* (KELLY *et al.*, 2004), propõem que esta variação local deve ser mantida alta, evitando-se os gargalos genéticos relacionados à seleção humana.

Também é importante avaliar como a seleção do ambiente criado pelas populações humanas está influenciando a espécie, bem como, os possíveis gargalos genéticos associados. Neste sentido, ZÁRATE *et al.* (2005), descrevendo um modelo de domesticação para árvores de *Leucena esculenta*, sugere que além de seleção e deriva genética no momento de escolha de sementes em populações selvagens, a variação genética da espécie também esteja relacionada à seleção do ambiente no local de plantio, originando ecótipos. LINS NETO (2008) observou em populações de umbu (*Spondias tuberosa*) submetidas a diferentes regimes de manejo local da paisagem em caatinga brasileira, uma similaridade entre as áreas, quanto à diversidade morfológica da espécie. Este resultado, segundo o autor, indica um processo de domesticação incipiente da espécie, especialmente devido à tolerância entre os agricultores quanto à ocorrência de tipos diferentes de umbu.

Estudos filogeográficos também abordaram o processo de domesticação, como MILLER & SCHAAL (2005) sobre variação genética de seriguela (*Spondias purpurea*) e apontam para que alguns habitats em agroecossistemas possam funcionar como reservas genéticas para a espécie. RODRIGUES *et al.* (2004), usando marcadores moleculares validam as variações morfológicas e filogenéticas das variedades de pupunha (*Bactris gasipaes*). SANTOS (2009) caracterizou a diversidade cultural, fenotípica e genética de *Acca sellowiana* na floresta ombrófila mista e campos de altitude no sul do Brasil, constatando alta diversidade em plantas mantidas por agricultores em relação à área de ocorrência natural da espécie, bem como a presença de conhecimento local associado à espécie.

Há ainda a possibilidade de que o ambiente criado estruture a comunidade biológica, como polinizadores, dispersores, predadores, parasitas, porém isto ainda foi pouco explorado pela literatura científica, como revisado por TICKTIN (2004).

A dinâmica evolutiva e o grau de domesticação, os quais refletem a interação mútua entre as pessoas e seu entorno, merecem especial atenção na tomada de decisões, como políticas públicas ambientais (JARVIS & HODGKIN, 2000). Mas estes autores lembram que as decisões de populações humanas que manejam populações de plantas são também influenciadas pelos aspectos sociais, econômicos e legais. Assim, afirmam que as políticas públicas devem se basear a partir da descrição do que está acontecendo em determinada área de estudo, evitando-se apenas fornecer "*soluções abstratas*". No entanto, estudos com esta abordagem e que se relacionem à diversidade e estrutura genética, ainda são escassos, principalmente no que se refere ao manejo de espécies arbóreas.

### **3. OBJETIVO GERAL**

Avaliar a influência do manejo local na diversidade e estrutura genética de populações de *Mimosa scabrella* em paisagem manejada em assentamentos de reforma agrária no Planalto Norte de Santa Catarina.

#### **3.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- comparar a diversidade e estrutura genética de populações de *M. scabrella* em duas formas distintas de manejo da paisagem
- em paisagem manejada, comparar a diversidade e estrutura genética de populações de *M. scabrella* com diferentes idades
- avaliar o efeito das práticas de desbastes na próxima geração em paisagem manejada
- caracterizar o sistema de cruzamento de populações de *M. scabrella* em paisagem manejada
- avaliar, do ponto de vista genético-ecológico, as políticas públicas relacionadas ao manejo de *M. scabrella*

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 ÁREA DE ESTUDO

As populações de bracatinga estudadas estão localizadas na região dos municípios de Calmon e Matos Costa. Como referência, também foi estudada uma população na área da Estação Experimental da Epagri em Caçador (Figura 2).

A região estudada está inserida no alto do Vale do Rio do Peixe e Alto Irani, onde predomina o Planalto dos Campos Gerais que se caracteriza pelo relevo ondulado com altitudes entre 900 a 1000m (Figura 2). A geologia é composta por rochas vulcânicas provenientes de derrames basálticos da Formação Serra Geral. O solo predominante é o Neossolo Litólico Distrófico e o clima é mesotérmico úmido ou Cfb, segundo a classificação de Koëppen, indicando ausência de estação seca e verão fresco (temperatura média do mês mais quente inferior a 22°C), além de geadas frequentes (VPC/INCRA, 2006). De acordo com o relatório para licenciamento ambiental elaborado pela empresa VPC em parceria com o INCRA (VPC/INCRA, 2006), os assentamentos estudados Putinga, Jangada e 13 de Outubro foram implantados no início da década de 80 após negociações entre o Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária (INCRA) e as entidades de representação dos agricultores, principalmente Movimento dos Sem Terra (MST) e a Igreja Católica. A trajetória de ocupação dos assentamentos estudados deu-se, principalmente do extremo oeste para leste no estado de Santa Catarina, mas posteriormente, ocorreram outras ocupações menores, com abrangência mais localizada e independente do movimento inicial.

Os assentamentos Putinga e Jangada estão inseridos na região do município de Calmon/SC e o assentamento 13 de Outubro na região do município de Matos Costa/SC. Os assentamentos estão parcelados, respectivamente em 220; 110 e 35 lotes/família. Cada lote ocupa uma área de 19 hectares, sendo que a área total ocupada pelos 3 assentamentos abrange em torno de 7.000ha. Há famílias que são proprietárias (regular ou irregularmente) de mais de um lote.

A área ocupada para a implantação do assentamento Putinga e Jangada pertenciam, respectivamente à antiga fazenda Putinga e Jangada da qual herdaram os nomes. O assentamento 13 de Outubro foi implantado numa área antes pertencente à agroindústria Madeireira Foro Industrial de Curitiba.

Atualmente, as atividades econômicas mais comuns nos assentamentos, como a agricultura (fumo, milho, feijão) e o extrativismo vegetal (carvão) estão relacionadas ao uso

ou à ocorrência do fogo. O fogo é utilizado como principal instrumento de preparação da terra para o plantio. A agricultura se utiliza do fogo para a “limpeza” de áreas após a colheita. Além disso, costuma-se aproveitar a seca da taquara lixa (*Merostachis multiramea*), espécie bastante observada em todo o assentamento, para limpar as áreas por meio da queimada para posterior uso (VPC/INCRA, 2006).

A florística regional encontra-se intensamente alterada pela substituição das áreas naturais por cultivos agrícolas, florestais, pastagens exóticas introduzidas e desmatamento para produção de carvão, sendo minoria as áreas onde as espécies características da formação original estejam ainda presentes de forma natural (VPC/INCRA, 2006).

Desse modo, na paisagem predominam florestas secundárias em estágio inicial (38%), seguido de estágios médios (31%) e áreas agrícolas (26%), confrontantes com grandes reflorestamentos de *Pinus* sp, sendo que os bracatingais adultos são incluídos nos estágios médios de acordo com os critérios adotados pela legislação ambiental, como altura e diâmetro a altura do peito.

Também foi avaliada uma população fora da área dos assentamentos (Figura 2), localizada no entorno da Reserva Genética de Caçador, na área da Estação Experimental da Epagri em Caçador. Esta área formalmente pertencendo à Embrapa, foi cedida em regime de comodato à Epagri S.A, sendo considerada área de utilidade pública desde 1948.

Segundo um antigo morador do entorno e ex funcionário na Estação, na área da Estação Experimental da Epagri, havia áreas de experimentação agrícola em que se costumava usar o fogo na lavoura. Apenas recentemente, entre 15 a 20 anos, o uso do fogo foi abandonado, dando início à regeneração espontânea da vegetação. Há ainda a informação de que existiam áreas reservadas, em que era proibida a intervenção humana, o que atualmente corresponde à Reserva Genética de Caçador, um dos maiores remanescentes contínuos (1.157ha) de Floresta Ombrófila Mista (KURASZ *et al.*, 2005). Como resultado do uso do solo da Estação Experimental da Epagri, de acordo com análises de imagens de satélite o entorno da Reserva Genética se caracteriza por grandes reflorestamentos de *Araucaria angustifolia* em estágio avançado (37,85%), vegetação nativa (21,64%); áreas agrícolas (14,28%), pastagens (14,20%); capoeiras (7,48%) e o restante com corpos d'água, várzeas e fruticultura (KURASZ *et al.*, 2005). Na área da E.E.Epagri, a densidade de indivíduos de bracatinga é visivelmente menor que nos assentamentos, formando manchas pequenas e esparsas.

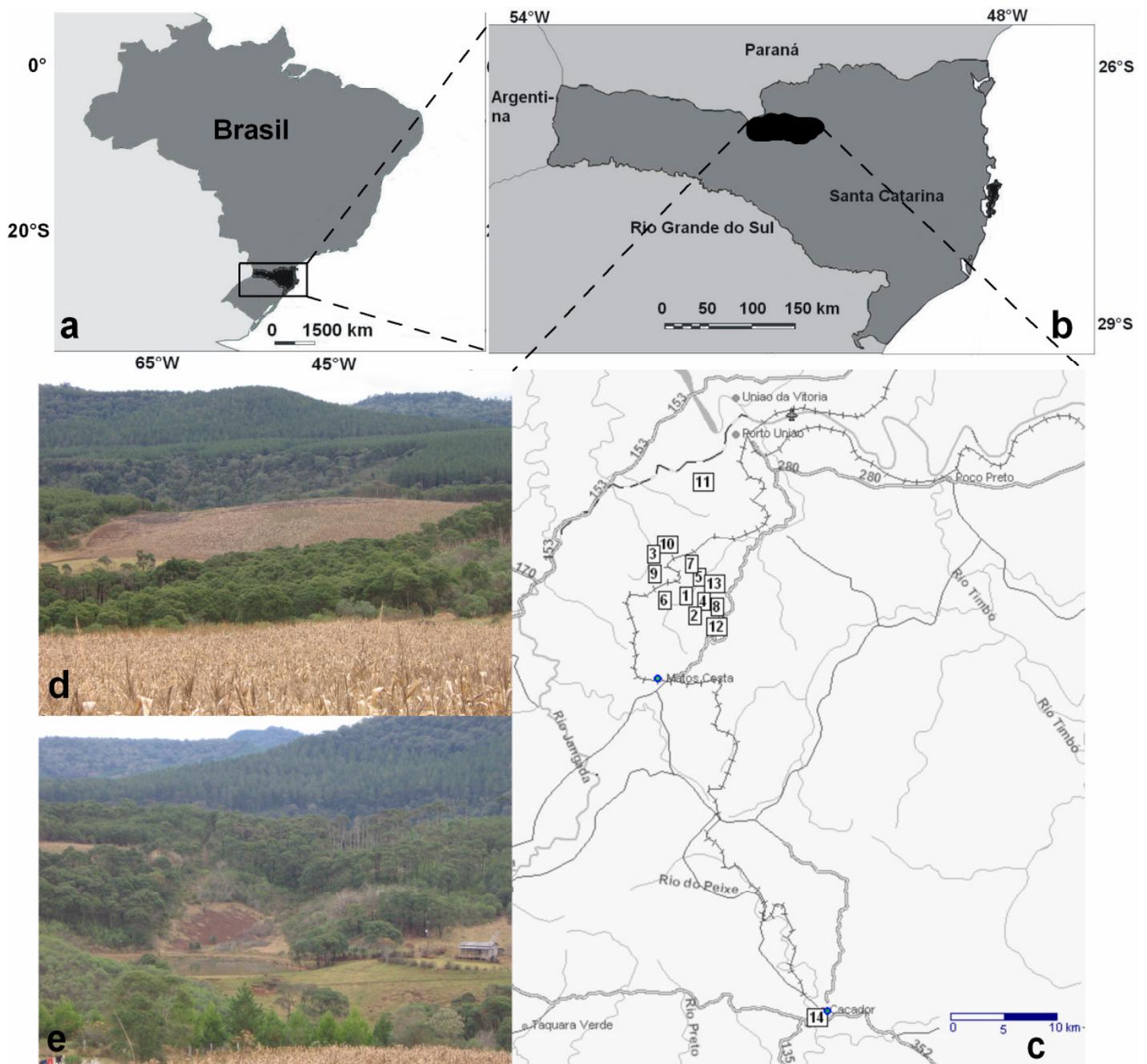


Figura 2. Localização da área de estudo (a,b,c), modificado de SIMÓ & HORN FILHO (2004); indicando populações 1 a 13 amostradas nos assentamentos e população 14 na E.E.Epagri, sendo □= número da população em (c); aspectos da paisagem e uso da terra nos assentamentos conforme descrição no texto (d,e).

## 4.2 CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E SISTEMA DE CRUZAMENTO

### 4.2.1 Amostragem

O presente trabalho trata de populações de *Mimosa scabrella* variedade *scabrella*, que ocorre e é manejada na região de estudo (Figura 3).



Figura 3. Ramo florido de *Mimosa scabrella* variedade *scabrella*.

Foram amostradas 13 populações de bracatinga na área dos assentamentos rurais, sendo 9 no assentamento Putinga, 3 no assentamento Jangada e 1 no assentamento 13 de Outubro.

As populações estudadas nos assentamentos correspondem àquelas manejadas pelo sistema tradicional de condução de bracatingais avaliados por STEENBOCK (2009). Dessa maneira, foi considerada uma população amostral, o conjunto de indivíduos gerados em um determinado evento de fogo em um lote. Importante mencionar que houve lotes em que se amostrou mais de uma população, sendo estas vizinhas entre si, como no caso das populações 10 e 3 em um lote e no caso das populações 2, 4 e 8 em outro lote.

Em algumas populações (com área igual ou inferior a 1ha), a coleta envolveu quase a totalidade dos indivíduos da população. Foram coletadas amostras foliares (3 a 4 folíolos de uma folha recomposta) de 50 árvores em cada população.

Para alcançar os objetivos propostos, as populações foram amostradas de modo a obter contrastes de idade, desbaste, distância geográfica e manejo da paisagem.

Em relação à idade, foram analisadas apenas as populações dos assentamentos. Foram considerados jovens, os bracatingais de 2 a 4 anos, adultos os de 9 anos e senescentes, os de 13 anos a 17 anos (Figura 3), totalizando 4 populações jovens, 3 populações adultas e 5 populações senescentes, conforme descrito na Tabela 1.

Quanto ao desbaste, 5 populações adultas foram submetidas ao desbaste de árvores adultas e sadias (população 5, 6, 7, 11 e 12) e 4 populações adultas foram submetidas ao desbaste de apenas árvores secas (população 8, 9, 10 e 13), todas localizadas nos assentamentos conforme descrito na Tabela 1.

Quanto à distância geográfica entre as populações, com auxílio de GPS, foi marcado um ponto em cada população amostrada e as distâncias geográficas calculadas no programa GPS TrackMaker.

Quanto ao manejo da paisagem, cada população adulta e senescente do assentamento foi comparada com a população da E.E.Epagri.

Em todas as populações amostradas, foi adotado o critério de distância mínima de 20m entre as árvores. Nos assentamentos, no caso de bracatingais com tamanho reduzido ( $\leq 1ha$ ) foi utilizada a distância mínima de 5m a fim de se alcançar uma coleta mínima de 50 árvores. Na E.E.Epagri, os indivíduos foram amostrados ao longo de um transecto seguindo a borda de fragmentos de floresta secundária, áreas agrícolas e trilhas.

Foram coletadas sementes de 14 matrizes adultas em duas populações, sendo uma população do assentamento Jangada (população 10) e outra população do assentamento 13 de Outubro (população 11), as quais diferem quanto à prática do desbaste. Não houve critério definido na escolha das matrizes.

As sementes coletadas foram imersas em água quente (80°) (BIANCHETTI, 1981) no dia anterior ao plantio e semeadas em caixas de isopor contendo como substrato terra, casca de arroz carbonizado e matéria orgânica (esterco e húmus) na proporção 1:1:1, em casa de vegetação. As plântulas foram regadas diariamente e após 2 meses da semeadura foi feita a amostragem de folíolos de 15 plântulas por matriz em cada população, totalizando 28 progênies.

Tabela 1. Localização e caracterização das populações de *Mimosa scabrella* estudadas no presente trabalho. NPFT, RGV/ UFSC. Florianópolis. 2009.

População	Coordenadas	Local	Idade (anos)	Desbaste <sup>(3)</sup>	Área (ha)
1	26° 39' S 51° 11' W	assentamento Putinga	3	----	2
2	26° 40' S 51° 10' W	assentamento Putinga	2	----	0,5
3	26° 36' S 51°13' W	assentamento Jangada	2	----	1
4	26° 40' S 51° 10' W	assentamento Putinga	4	----	1
5	26° 38' S 51° 11' W	assentamento Putinga	9	sim	0,5
6	26° 40' S 51° 14' W	assentamento Putinga	9	sim	0,5
7	26° 36' S 51°13' W	assentamento Jangada	9	sim	0,5
8	26° 40' S 51° 10' W	assentamento Putinga	15	não	2
9	26°36' S / 51°13' W	assentamento Putinga	13	não	4
10 <sup>(1)</sup>	26° 36' S 51°13' W	assentamento Jangada	15	não	1
11 <sup>(1)</sup>	26°28' S 51°09' W	assentamento 13 de Outubro	15	sim	0,5
12	26° 40' S 51° 10' W	assentamento Putinga	17	sim	8
13	26° 38' S 51° 11' W	assentamento Putinga	13	não	0,6
14	26°49' S 50°58'W	E. E. Epagri <sup>(2)</sup>	?	não	5

(1) análise de progênies e matrizes

(2) regeneração espontânea, sendo todas as outras de regeneração induzida com fogo

(3) Desbaste de árvores adultas e sadias (não secas)



Figura 4. Bracatingais de diferentes idades amostrados, sendo A=jovem; B=adulto; C=em senescência, mostrando árvores sem folhas.

#### 4.2.2 Eletroforese de isoenzimas

Para a caracterização genética das populações estudadas, foram utilizados marcadores alozímicos, com base nos procedimentos de ALFENAS *et al.* (1998). Amostras de tecidos foliares foram coletadas, acondicionadas em sacos plásticos e armazenadas em isopor com gelo para transporte até o laboratório. Os procedimentos em laboratório foram iniciados no máximo 4 dias após a coleta, em função da rápida degradação das folhas de *Mimosa scabrella*.

Para extração das enzimas foram utilizados 2 a 3 folíolos totalmente verdes, evitando-se aqueles avermelhados, no caso das progênies, devido ao provável excesso de compostos secundários que prejudicam a extração. O material foi macerado com pitadas de areia e PVPP (Polivinil Polipirrolidona) e 3 gotas de solução de extração nº 1 segundo ALFENAS *et al.* (1998). Os sistemas enzimáticos com melhor nitidez das bandas foram selecionados a partir de testes prévios com 18 sistemas enzimáticos em diferentes sistemas tampões (Histidina, Citrato de Morfolina e Tris-Citrato). Na Tabela 2 estão descritos os sistemas enzimáticos usados na análise conforme receitas de ALFENAS *et al.* (1998), a camada utilizada para revelação, a estrutura quaternária da enzima e o número de locos efetivamente avaliados. Para a migração das enzimas, foi utilizada eletroforese horizontal conduzida em gel de amido (penetrose 30) a 13%. O sistema tampão gel/eletrodo utilizado foi Tris-Citrato (TC), usando as concentrações 27 g/L de Tris e 16,52 g/L de Ácido Cítrico em pH 7,5. As voltagens

utilizadas durante a migração das enzimas foram: 80 V (20 min), 100V (20min), 150V (20min), 180V (5h a 7h). Amostras dos géis analisados estão expostas nos Anexos 2 e 3.

Tabela 2. Sistemas enzimáticos interpretados a partir da técnica de eletroforese em gel de amido.

Enzima	Código	Camada usada para revelação	Estrutura	Nº locos avaliados
Esterase Fluorescente (FES)	EC 3.1.1.1	4	monomérica	2
Diaforase (DIA)	EC 1.8.1.4	3	monomérica	1
Fosfoglucoisomerase (PGI)	EC 5.3.1.9	2	dimérica	1
Isocitrato Desidrogenase (IDH)	EC 1.1.1.42	1	monomérica	1
Fosfoglucomutase (PGM)	EC 5.4.2.2	5	monomérica	1
Peroxidase (PRX)	EC 1.11.1.7	4	monomérica	1
6 FosfogluconatoDesidrogenase (6PGDH)	EC 1.1.1.44	3	monomérica	1
Beta-Esterase ( $\beta$ -EST)	EC 3.1.1.1	2	monomérica	1
Xiquimato Desidrogenase (SKDH)	EC 1.1.1.25	1	monomérica	1

#### 4.2.3 Análise dos dados genéticos

A partir da interpretação dos zimogramas e definição dos genótipos de cada indivíduo avaliado, a diversidade genética das populações foi caracterizada pelas frequências alélicas, estimativas do número médio de alelos por loco ( $A$ ), percentagem de locos polimórficos ( $P_{95\%}$ ), percentagem de locos polimórficos ( $P_{99\%}$ ), heterozigosidade observada ( $H_o$ ), heterozigosidade esperada segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg ( $H_e$ ) e índice de fixação de Wright ( $f$ ).

As frequências alélicas foram estimadas segundo a expressão:

$$p_{ij} = n_{ij} / n_j$$

em que:

$p_{ij}$  = frequência do alelo  $i$  na população  $j$

$n_{ij}$  = número de ocorrências do alelo  $i$  na amostra da população  $j$

$n_j$  = número total de alelos encontrados na amostra da população  $j$

A estimativa do número médio de alelos por loco ( $A$ ) foi obtida a partir da divisão entre o número de alelos em todos os locos e o número total de locos observados.

A porcentagem de locos polimórficos se refere à proporção de locos que apresentam mais de um alelo. É obtida a partir da divisão entre número total de locos polimórficos e número total de locos amostrados. Locos polimórficos foram definidos em função da frequência do alelo mais comum não ultrapassando 95% ( $P_{95\%}$ ) ou 99% ( $P_{99\%}$ ).

A heterozigosidade observada ( $H_o$ ) foi obtida a partir da contagem no número de indivíduos heterozigotos em relação ao número total de indivíduos avaliados, em cada loco.

$$H_o = \sum n_{ij} / n$$

em que:

$n_{ij}$  = número de indivíduos heterozigotos

$n$  = número de indivíduos amostrados

A heterozigosidade esperada ( $H_e$ ) mede a probabilidade de que locos escolhidos ao acaso sejam heterozigotos com base nas frequências alélicas da população amostrada. É uma estimativa que independe como os alelos estão combinados, se em homozigose ou em heterozigose e, portanto, não é afetada pelo sistema de reprodução ou cruzamentos entre parentes, sendo também chamada de diversidade genética. Entretanto, depende muito da frequência dos alelos mais comuns (TORGGLER, 1995). A estimativa foi obtida a partir do estimador não viesado de NEI (1977), a partir de uma média entre os locos avaliados que leva em consideração o tamanho amostral:

$$H_e = \frac{2n(1 - \sum p_i^2)}{(2n-1)}$$

em que:

$H_e$  = heterozigosidade média esperada

$p_i$  = frequência alélica do  $i$ ésimo alelo

$n$  = número de indivíduos amostrados

O desvio da panmixia em função do sistema reprodutivo da espécie foi estimada pelo coeficiente de endogamia ( $F_{is}$ ), segundo NEI (1977) obtido por:

$$F_{is} = f = 1 - H_o / H_e$$

Para a caracterização da estrutura genética, foram estimadas as estatísticas F de Wright através do método de WEIR & COCKERHAM (1984), os quais se basearam na análise da variância das frequências alélicas.

$F_{it}$  = F; índice de fixação médio considerando em conjunto todas as subpopulações.

$F_{is}$  = f; índice de fixação médio dentro das populações

$F_{st}$  =  $\Theta_p$ ; índice de divergência genética entre as populações

Para caracterização da estrutura genética das progênies foi incluído mais um nível de análise, o qual representa a divergência genética entre as 28 progênies ( $\Theta_s$ ).

As populações foram analisadas isoladamente a partir de uma matriz de divergência genética através de coeficientes de divergência entre pares de populações ( $\Theta_p$ ), a qual serviu de base para a análise de agrupamento pelo método de aglomeração UPGMA - agrupamento por média aritmética não ponderada (LEGENDRE & LEGENDRE, 1993).

As frequências alélicas e a matriz de divergência genética foram obtidas com auxílio do programa FSTAT (GOUDET, 2002). Os índices de diversidade, estrutura genética e intervalos de confiança a 95% de probabilidade a partir de 1000 bootstraps sobre locos foram obtidos com auxílio do programa GDA (LEWIS & ZAYKIN, 2002). Para a análise de agrupamento UPGMA foi usado o programa Primer versão 6 (CLARKE & WARWICK, 2001). A correlação entre distância genética e geográfica foi avaliada a partir do teste de Mantel (MANTEL & VALAND, 1970) através do coeficiente de Spearman com auxílio do programa XLSTAT.

O sistema de cruzamento foi analisado a partir do genótipo das progênies e dos genótipos maternos de cada família. No caso das matrizes correspondentes não terem sido amostradas, os genótipos foram estimados pelo método do parental materno mais provável. A análise foi baseada nos modelos de reprodução mista de RITLAND & JAIN (1981) o qual assume que as progênies são resultado de autofecundações e cruzamentos e também pelo modelo de cruzamentos correlacionados (RITLAND, 1989), o qual considera que parte das progênies foi gerada por cruzamentos aleatórios e parte por cruzamentos biparentais. Para estas análises, foi utilizado o programa Multilocos MLTR (RITLAND, 2004).

Foram estimados os seguintes parâmetros:

a) taxa de cruzamento multilocos ( $t_m$ ) pelo método de máxima verossimelhança (Expectation-Maximization), tanto para o nível de família de cada população quanto para nível populacional.

b) taxa de cruzamento uniloco ( $t_s$ )

- c) taxa de cruzamento entre aparentados ( $t_m-t_s$ )
- d) correlação de autofecundação ( $r_s$ )
- e) correlação de paternidade ( $r_p$ )
- f) índice de fixação dos genótipos parentais ( $F_p$ )
- g) as frequências alélicas de pólen e óvulos

O erro padrão das estimativas foi obtido a partir de 1000 reamostragens bootstraps sobre os indivíduos dentro das progênes para taxa de cruzamento no nível de família e reamostragens de todas as famílias no nível populacional.

A avaliação de cruzamentos aleatórios foi realizada pelo teste de homogeneidade entre as frequências alélicas dos óvulos e pólen, calculando-se o estimador  $F_{st}$  (NEI, 1977). A significância  $F_{st}$  foi testada, para cada loco, pelo teste de qui-quadrado,  $X^2 = 2n \cdot F_{st} (k-1)$ , sendo  $(k-1)(s-1)$  graus de liberdade (WORKMAN E NISWANDER, 1970), em que:  $n$  = número de indivíduos nos grupos,  $k$  = número de alelos e  $s$  = número de grupos (2 – pólen e óvulo).

Segundo SEBBENN (2002), a partir dos parâmetros acima, é possível calcular:

- a) proporção de irmãos por autofecundação ( $s=1-t_m$ )
- b) proporção de meio-irmãos [ $t_m (1-r_p)$ ]
- c) proporção de irmãos completos ( $t_m \cdot r_p$ )
- d) coancestria média dentro de progênes ( $\theta_{xy}$ ), que indica a probabilidade de que dois alelos em dois indivíduos sejam idênticos por descendência, calculado conforme RITLAND (1989), sendo  $\Theta_{xy} = 0,125 (1+F_p)[4s + (t_m^2 + s \cdot t_m \cdot r_s) (1+r_p)]$ .

### 4.3 HISTÓRICO DAS ÁREAS AMOSTRADAS

Buscando complementar a discussão sobre a caracterização genética, foi investigado o histórico especificamente do local onde estão localizadas as populações amostradas a partir de entrevistas semi estruturadas (ALEXIADES, 1996). O roteiro utilizado está descrito no Anexo 1. A amostragem utilizada foi a intencional (TONGCO, 2007), tendo como unidade amostral, a família ( $n=10$ ) residente nos lotes estudados.

Foram anotados os seguintes aspectos:

1. manejo da paisagem
2. manejo das populações: critérios e motivações da prática do desbaste

3. história natural de *M. scabrella*: existência de tipos (fenologia, crescimento e produtividade) e interações bióticas (parasitismo por cochonilhas e fungos, polinização, dispersão de sementes).

Na área da E.E.Epagri foi investigado o histórico do uso de fogo a partir da entrevista de uma família. Foram entrevistados o Sr. E., 86 anos e seu filho, Sr. R., 40 anos, ambos ex funcionários da Unidade e antigos residentes do entorno da E.E.Epagri. Os resultados sobre o manejo da paisagem são apresentados de forma descritiva. Os aspectos da prática do desbaste e da história natural da planta foram analisados a partir de consensos entre as famílias conforme PHILLIPS (1996).

## **5. RESULTADOS**

### **5.1 HISTÓRICO DAS ÁREAS AMOSTRADAS**

#### **5.1.1 Manejo da paisagem**

De acordo com todos os agricultores entrevistados nos assentamentos, os bracingais amostrados foram formados com uso de fogo, entre 2 a 17 anos, conforme descrito na Tabela 1.

Em relação à vegetação e ao uso da área na época de implantação do assentamento, as entrevistas indicaram diferenças na paisagem. Os relatos indicam que os bracingais eram menores e menos frequentes que atualmente. Na área das populações 3, 6, 7, 9, 10 e 11 havia taquarais e "*vassoura*", mas poucos indivíduos de bracinga, cujos diâmetros eram maiores que os atuais. Nestes, foi relatada a alta probabilidade de que tais áreas já tivessem sido queimadas mais de uma vez, pois no local havia áreas abertas para roças de milho anterior à implantação do assentamento. Além disso, foi relatada a presença de fornos de carvão e aspecto "*limpo*" (sem vegetação) da área na população 3 e população 10, localizadas no mesmo lote. Na área das populações 1, 5, 8, 12, 13, havia "*mata nativa*", segundo a memória dos agricultores entrevistados, devido à presença no passado de araucária, canelas, imbuias e guaraperês. Nestas populações, ainda é possível encontrar tocos cortados de imbuias sob os bracingais ou nas áreas adjacentes. A intervenção na área destes lotes foi relacionada à exploração madeireira pouco antes da implantação do assentamento. Na área da população 4, foi relatada a existência de um bracingal já em estágio de senescência.

A família mais antiga entrevistada no assentamento vive há 50 anos no lote (onde estão as populações 2, 4 e 8) e garante que a área foi submetida ao fogo apenas recentemente.

No caso da população da E.E. da Epagri, local de experimentação agrícola desde a década de 40 até hoje, segundo a família entrevistada, trabalhou-se durante décadas com o uso do fogo na preparação do solo na lógica da agricultura de coivara. O uso do fogo foi abandonado recentemente, a partir dos últimos 15 ou 20 anos. Ainda segundo esta família, tolerava-se bracatinga sem favorecer seu desenvolvimento, pois era considerada planta sem valor.

### **5.1.2 Manejo das populações: Prática do desbaste**

O desbaste se caracteriza pela retirada de indivíduos, visando garantir um melhor desenvolvimento das bracatingas remanescentes, o que significa para os agricultores entrevistados, torná-las com maior diâmetro, tronco reto com poucos galhos, copa larga e arredondada e boa produção de sementes.

Nas populações amostradas em que é feito o desbaste de árvores sadias (Tabela 1), esta prática foi feita a partir dos 5 aos 7 anos pois, segundo um relato, até os 6 anos a bracatinga cresce pouco em diâmetro e apenas aumenta em altura. O desbaste serve, portanto, como estímulo ao desenvolvimento dos indivíduos que permanecem no bracatingal. É também considerado como uma imitação do processo natural de seleção da planta (“*usamos o que já iria morrer mesmo*”). Não houve, entretanto, critérios definidos para escolha dos indivíduos desbastados, nem uma sistemática quanto à frequência ou época de corte. São retiradas árvores finas ou grossas, que são aproveitadas no uso doméstico, como lenha e palanques.

Nas populações em que não se faz desbaste de árvores sadias, não há intenção de abrir espaço no bracatingal. Neste caso, o desbaste é visto como algo trabalhoso que já é realizado pela seleção natural nos primeiros anos do ciclo da bracatinga ou durante os períodos de geada.

Entretanto, todos os agricultores, inclusive aqueles que já usam as árvores sadias, admitem cortar e aproveitar os indivíduos chamados de “*dominados*” no início do ciclo. Estes indivíduos são aqueles que secam (perdem folhas) e crescem pouco em altura e diâmetro e que os agricultores contam que são o resultado da seleção do próprio bracatingal.

As árvores sadias, quando alcançam a idade adulta, em torno dos 10 a 15 anos, também começam a secar e perder as folhas, mas só secam completamente em torno dos 20 anos. Estes indivíduos que estão em senescência (“*perderam as folhas, ficam só estorvando*”) também são utilizados por todos os agricultores entrevistados.

### 5.1.3 História natural de *M. scabrella*

A senescência é reconhecida quando as árvores começam a perder as folhas e o tronco começa a enegrecer e a perder a casca, por volta dos 13 anos, segundo os agricultores. Neste caso, todos se referem à bracatinga como preta e o enegrecimento do tronco é relacionado à época de produção do mel de melato da cochonilha. A relação do enegrecimento da casca em função da presença de fungos sobre a excreção açucarada das cochonilhas não é reconhecida pelos agricultores. Nem todos os indivíduos de bracatingais secando e envelhecendo são formados por bracatingas pretas. O fato de desenvolver mais indivíduos pretos do que brancos, em determinado bracatingal é controverso, podendo ser relacionado, além da idade, à umidade e à fertilidade do solo (*"antigamente os posseiros escolhiam não fazer lavoura em área de bracatingal branco"*) ou ainda como algo aleatório, ditado pela natureza. Alguns agricultores (20%) consideram que as bracatingas pretas apresentam menor altura e vários (70%) acham sua madeira mais resistente ao corte por desenvolverem cerne; enquanto as brancas lascam com mais facilidade. Alguns (20%) discordam e afirmam que as bracatingas duras são aquelas com madeira mais escura, independente da cor da casca. É consenso, contudo, que as bracatingas com casca preta secam mais rapidamente do que as de casca branca. No uso habitual de madeira para o forno de carvão, os agricultores não percebem diferença no rendimento entre árvores brancas ou pretas.

A floração, segundo os agricultores, ocorre no final de agosto/setembro e antigamente, de acordo com o relato de G., 75 anos, *"quando bracatinga florescia, não geava mais, mas este ditado deixou de ser verdade, porque hoje tem mais geadas fora de época"*. Não foram citadas diferenças na floração e na produção de sementes quanto ao tipo de bracatinga (branca/preta). Não houve consenso quanto à diferença na produção de sementes entre árvores novas ou senis, porém todos afirmam que o bracatingal novo é mais fraco porque muitos indivíduos morrem nessa fase. Houve relatos sobre diferenças fenológicas devido ao manejo das populações pela prática do desbaste. Assim, entre os 5 e 6 anos, segundo 2 relatos, não há sincronicidade na floração dos indivíduos, pois existem aqueles que florescem tardiamente (com mais idade) ou como relatado: *"quando nasce povoado, demora para crescer, florescer..."*. Em função disso, o desbaste foi considerado (50% dos entrevistados), ainda que de forma especulativa, uma estratégia para adiantar e homogeneizar este amadurecimento dos indivíduos do bracatingal, mesmo por aqueles que não o praticam. Os agricultores que assumem a prática do desbaste (30%), afirmam que indivíduos que crescem em área com espaço nunca falham na produção de sementes, independente da idade. Os agricultores

enfaticamente uma alternância anual na intensidade da floração e da formação de sementes (50%). O ano de 2007, por exemplo, foi considerado ruim, com florada “*pouco cheia*” e formação de frutos sem sementes. O motivo não é claro, relacionado possivelmente a geadas fortes, não sendo prejudicial ao banco de sementes, pois segundo eles: “*é coisa da natureza; tem ano ruim, tem ano bom, sempre aconteceu assim!*”

A dispersão das sementes, segundo os agricultores, ocorre em curtas distâncias, podendo ser feita pelo vento, que leva galhos com as vagens, não alcançando distâncias além de um lote. Formigas e pombas também foram citadas como dispersores. Geralmente as sementes caem perto da árvore mãe, permanecendo viáveis no solo por 16 anos, segundo um relato. É quase unânime (90%) o fato de que, tanto dentro de um bracatingal, quanto entre bracatingais no mesmo lote, os indivíduos formados sejam irmãos. Entre os agricultores, não é feita troca de sementes de bracatinga. Reconhece-se a possibilidade de venda, mas ainda é algo que não ocorre efetivamente.

Quanto à polinização, há dificuldade em acompanhar a visita das flores no alto das árvores, mas foi relatada a presença de meliponíneos nos lotes, tais como: mandassaia, mirim e irapuá, contudo, não foram consideradas comuns no assentamento. A espécie mais observada é *Apis mellifera*, cujas caixas (2 a 3) são mantidas sob todos os bracatingais estudados. Nos bracatingais “pretos”, na época de produção de mel de melato pelas cochonilhas, se observa o forrageamento de abelhas nativas, moscas e beija-flores nas cascas destas bracatingas.

De acordo com os relatos dos agricultores, a bracatinga é uma produção nova no assentamento, e que merece mais experimentação, acompanhamento e observação por parte deles, o que já vem acontecendo em alguns casos.

## 5.2 DIVERSIDADE GENÉTICA

As frequências alélicas e os índices de diversidade das 14 populações de *M. scabrella* estudadas, estão detalhadas, respectivamente, nas Tabelas 3 e 4. Foram avaliados 8 locos polimórficos em 7 sistemas enzimáticos

Tabela 3. Estimativa das frequências alélicas de populações de *M. scabrella* em paisagem manejada em assentamentos rurais e sob regeneração espontânea na E. E. Epagri, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis. 2009.

Locos	Populações													E.E.Epagri
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
PGI (N)	37	48	49	47	37	49	44	28	49	46	40	49	36	50
1	0,041*	0	0,082	0,043*	0,135	0,092	0,102	0,018*	0,071	0,065	0,063	0,102	0,069	0,07
2	0,784	0,646	0,653	0,553	0,514	0,52	0,705	0,696	0,612	0,663	0,588	0,704	0,639	0,58
3	0,108	0,156	0,163	0,191	0,122	0,286	0,102	0,143	0,133	0,174	0,163	0,071	0,181	0,21
4	0,068	0,198	0,102	0,213	0,23	0,102	0,091	0,143	0,184	0,098	0,188	0,122	0,111	0,14
IDH(N)	43	43	40	24	34	46	35	29	27	44	37	48	49	40
1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,023 <sup>*,**</sup>	0	0	0	0
2	0,023*	0,023*	0	0,083	0	0	0	0,069	0	0,023*	0	0	0	0
3	0,163	0,047*	0,113	0,021*	0,029*	0,098	0,157	0,069	0,056	0,102	0,135	0,073	0,02*	0,038*
4	0,767	0,919	0,888	0,896	0,971	0,902	0,843	0,828	0,944	0,83	0,865	0,917	0,98	0,963
5	0,023*	0,012*	0	0	0	0	0	0,034*	0	0,023*	0	0,01*	0	0
6	0,023 <sup>*,**</sup>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
PRX (N)	44	39	37	44	32	45	40	23	47	41	45	39	41	46
1	0	0	0	0	0	0,022 <sup>*,**</sup>	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0,557	0,692	0,486	0,602	0,547	0,589	0,75	0,761	0,66	0,524	0,433	0,782	0,561	0,707
3	0,443	0,308	0,514	0,398	0,453	0,389	0,25	0,239	0,34	0,476	0,567	0,218	0,439	0,293

N= número de indivíduos amostrados; (\*) alelos raros ( $p < 5\%$ ); (\*\*) alelos exclusivos da população

Tabela 3. Estimativa das frequências alélicas de populações de *M. scabrella* em paisagem manejada em assentamentos rurais e sob regeneração espontânea na E. E. Epagri, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis. 2009.(continuação)

Locos	Populações													E.E.Epagri
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
6PGDH (N)	36	33	39	44	34	35	42	22	38	45	41	39	45	39
1	0,014*	0	0	0	0	0	0	0	0	0,022*	0	0	0	0
2	0,639	0,697	0,821	0,67	0,853	0,814	0,929	0,545	0,724	0,833	0,793	0,756	0,811	0,949
3	0,347	0,242	0,128	0,284	0,147	0,186	0,071	0,364	0,276	0,144	0,207	0,244	0,189	0,051
4	0	0,061	0,051	0,045*	0	0	0	0,091	0	0	0	0	0	0
PGM (N)	47	36	10	42	34	34	38	24	41	30	42	14	10	50
2	0,032*	0,028*	0,15	0,012*	0,162	0,103	0,105	0,042*	0,146	0	0,071	0,071	0,35	0
3	0,915	0,944	0,85	0,929	0,779	0,735	0,711	0,917	0,793	0,867	0,869	0,857	0,65	0,96
4	0,053	0,028*	0	0,06	0,059	0,162	0,184	0,042*	0,061	0,133	0,06	0,071	0	0,04*
DIA (N)	30	44	46	49	35	46	41	27	44	48	43	30	30	36
1	0,033*	0,136	0,076	0,082	0,129	0,043*	0,134	0,13	0,057	0,063	0,058	0,333	0,1	0,139
2	0,833	0,682	0,75	0,796	0,8	0,837	0,695	0,741	0,807	0,802	0,802	0,517	0,767	0,764
3	0,133	0,182	0,174	0,122	0,071	0,12	0,171	0,13	0,136	0,135	0,14	0,15	0,133	0,097
FES1 (N)	30	35	3	38	36	34	4	18	26	5	16	37	44	44
1	0,2	0	0	0,026***	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	0,617	0,229	0,667	0,645	0,778	0,676	0,375	0,556	0,865	0,4	0,219	0,392	0,75	0,455
3	0,183	0,771	0,333	0,329	0,222	0,324	0,625	0,444	0,135	0,6	0,781	0,608	0,25	0,545
FES3 (N)	33	18	35	37	29	36	28	24	28	5	42	30	49	44
1	0	0	0	0,216**	0	0	0	0,25	0,107	0	0	0	0	0
2	0,273	0,278	0,057	0,203	0,276	0,361	0,143	0,146	0,304	0,4	0,024*	0,383	0,02*	0,205
3	0,727	0,722	0,943	0,581	0,724	0,639	0,857	0,604	0,589	0,6	0,976	0,617	0,918	0,795
4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,061**	0

Tabela 4. Índices de diversidade genética estimados em populações de *M. scabrella* em assentamentos rurais e na E.E. Epagri, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis. 2009.

População	N	idade	desbaste <sup>(1)</sup>	P <sub>99%</sub>	P <sub>95%</sub>	A	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	f	Total de alelos	Alelos raros
1	43,6	jovem	----	100	75,0	2,40	0,230	0,310	0,240*	25	7 <sup>(+)</sup>
2	37,0	jovem	----	100	100	2,75	0,208	0,367	0,435*	22	5
3	32,4	jovem	----	100	100	2,50	0,266	0,359	0,280	20	0
4	40,6	jovem	----	100	100	3	0,246	0,415	0,408*	24	5 <sup>(+)</sup>
5	33,9	adulto	sim	100	87,5	2,50	0,219	0,368	0,408*	20	1
6	40,6	adulto	sim	100	100	2,63	0,257	0,407	0,371*	21	2 <sup>(+)</sup>
7	34,0	adulto	sim	100	100	2,50	0,221	0,372	0,410*	20	0
8	24,4	senescente	não	100	100	3	0,252	0,424	0,410*	24	4
9	37,5	senescente	não	100	100	2,60	0,231	0,377	0,390*	21	0
10	33,0	senescente	não	100	100	2,90	0,431	0,407	-0,05	23	4 <sup>(+)</sup>
11	38,3	senescente	sim	100	87,5	2,50	0,241	0,330	0,272*	20	1
12	35,8	senescente	sim	100	100	2,60	0,282	0,399	0,297*	21	1
13	38,0	senescente	não	100	87,5	2,50	0,241	0,350	0,312*	20	1
Média Total	36,3			100	95,8	2,63	0,256	0,376	0,322*	21,61	1,44
E.E.Epagri	43,6	adulto		100	75	2,37	0,235	0,311	0,245*	21	2

N= número médio da amostra; P<sub>99%</sub> e P<sub>95%</sub> = porcentagem de locos polimórficos; A=número médio de alelos por loco; H<sub>o</sub>= heterozigidade observada; H<sub>e</sub>= diversidade genética; f= índice de fixação; (1) desbaste de árvores adultas e sadias (não secas); (\*) significativo no intervalo de confiança (p<0,05); (+) presença de alelos exclusivos.

### **5.2.1 Manejo da paisagem**

Na paisagem manejada nos assentamentos, as populações mostraram variação no número de alelos por loco, de 3 (PRX, DIA, FES 1) a 6 (IDH), enquanto que na população em paisagem não manejada (E.E.Epagri), este número variou de 2 (IDH, PRX, 6PGDH, PGM, FES1, FES3) a 4 (PGI). No total, foram encontrados 30 alelos nos assentamentos e 19 alelos na E.E.Epagri (Tabela 3). Na população E.E.Epagri não foram encontrados 11 alelos presentes nas populações dos assentamentos, como alelos 1, 2, 5 e 6 do loco IDH, alelo 1 do loco PRX, alelos 1 e 4 do loco 6PGDH, alelo 2 do loco PGM, alelo 1 do loco FES1 e alelos 1 e 4 do loco FES3. Não foram encontrados alelos fixados em nenhuma das situações. Na população E.E.Epagri, não foram observados alelos exclusivos.

Dentre os alelos nos assentamentos, 14 apresentaram frequência entre 1% a 5% (raros) em pelo menos uma das populações, havendo apenas dois alelos na E.E.Epagri nesta situação.

Os alelos com frequência superior a 5% (freqüentes), foram os mesmos em todas as populações e em todos os locos amostrados, conforme Tabela 3.

Quanto aos índices de diversidade, a porcentagem de locos polimórficos pelo critério a 99% foi igual a 100% em ambas as situações, porém com o critério a 95%, a população da E.E.Epagri mostrou menor polimorfismo (75%) em relação à média nos assentamentos (95,8%). O número médio de alelos por loco foi semelhante, variando de 2,63 nos assentamentos e 2,37 na E.E.Epagri. A heterozigosidade observada apresentou valores semelhantes, sendo 0,256 nos assentamentos e 0,235 na E.E.Epagri. A diversidade genética também foi semelhante entre as situações, sendo 0,376 nos assentamentos e 0,311 na E.E.Epagri (Tabela 4).

### **5.2.2 Idade**

Considerando a diferença na idade entre as populações nos bracingais dos assentamentos, o número total de alelos não mostrou padrão definido, sendo o menor valor obtido (20 alelos) tanto entre população senescente (número 13), quanto jovens (população 3) e adultas (populações 5 e 7). O maior valor obtido (25 alelos) foi em uma população jovem conforme Tabela 4.

Não foram encontrados alelos fixados em nenhuma das populações. Dentre os 30 alelos encontrados nos assentamentos, foram observados entre 1 a 2 alelos exclusivos, que

ocorreram tanto em populações jovens quanto adultas ou senescentes, sendo: alelo 6 do loco IDH na população 1; alelo 1 do loco FES 3 e alelo 1 do loco FES 1 na população 4; alelo 1 do loco PRX na população 6; alelo 1 do loco IDH na população 10 e alelo 4 do loco FES 3 na população 13 (Tabelas 3 e 4).

Alelos raros, com frequência entre 1% a 5%, foram encontrados em populações de diferentes idades. Dentre os 6 alelos exclusivos mencionados no parágrafo anterior, 5 eram raros. Foram observados 7 alelos raros na população 1; 5 alelos na população 2 e 4; 4 alelos nas populações 8 e 10; 2 alelos nas populações 6 e 13; 1 alelo nas populações 5, 11 e 12. No entanto, nas populações 3, 7, 9, as quais variam de jovens a senescentes, não foram encontrados alelos raros (Tabela 4).

Quanto aos índices de diversidade (Tabela 4), a porcentagem de locos polimórficos pelo critério a 99% foi igual a 100% em todas as populações, porém com o critério a 95%, algumas populações mostraram valores moderadamente inferiores, variando de 87,5% (população 5, população 11 e população 13) a 75% (população 1), não havendo padrão claro em relação à idade. O número médio de alelos por loco foi semelhante entre as populações, variando de 2,37 a 3 alelos. A heterozigosidade observada apresentou valores semelhantes entre populações com diferentes idades, variando de 0,208 a 0,282, com exceção da população 10 que mostrou valor discrepante e igual a 0,431. A diversidade genética variou de 0,310 na população 1 a 0,424 na população 8, também não mostrando diferença marcante entre idades.

### **5.2.3 Manejo das populações: Prática do desbaste**

Considerando a prática do desbaste nos bracatingais dos assentamentos, como descrito na Tabela 1, o número total de alelos foi moderadamente maior nas populações em que se desbasta apenas as árvores secas. Estas mostraram 20 alelos (população 13) e 24 alelos (população 8), como descrito na Tabela 4; enquanto aquelas submetidas ao desbaste de árvores sadias e adultas, mostraram 20 a 21 alelos. Foram encontrados 4 alelos exclusivos entre as populações com o desbaste de apenas árvores secas, sendo: alelo 1 do loco IDH e alelo 1 do loco 6PGDH na população 10; alelo 4 do loco 6PGDH na população 8 e alelo 4 do loco FES3 na população 13. Entre as populações submetidas ao desbaste de adultas e sadias, foi encontrado apenas 1 alelo exclusivo (alelo 1 do loco PRX na população 6). O número de alelos raros nas populações deste tipo de desbaste variou de 0 a 2, enquanto que nas

populações sem desbaste de sadias variou de 0 a 4, sendo os menores valores dados pelas populações 9 e 13 (Tabela 4).

Quanto aos índices de diversidade (Tabela 4), a porcentagem de locos polimórficos foi alto e igual ( $P_{95\%} = 100\%$ ) em ambas as situações, mostrando menor polimorfismo com critério a 99% em 2 populações submetidas ao desbaste de sadias (população 5 e 11) e em uma população sem desbaste de sadias (população 13). O número médio de alelos por loco não mostrou diferença marcante entre as situações, variando de 3 a 2,5 alelos. No geral, a heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e a diversidade genética ( $H_e$ ) mostraram valores semelhantes em ambos os contrastes. Porém, o menor valor de heterozigosidade observada (0,219) foi obtido para a população com desbaste de árvores adultas e sadias (população 5), enquanto que o maior valor (0,431) para a população desbaste sem este tipo de desbaste (população 10). Mesmo padrão foi obtido para diversidade genética, variando de 0,330 (população 11, com desbaste) a 0,424 (população 8, sem desbaste).

### 5.3 ESTRUTURA GENÉTICA

As populações dos assentamentos mostraram índice de fixação alto e significativo, sendo em média igual a 0,322. Na população E.E.Epagri, o índice também foi alto e significativo, sendo igual a 0,245 (Tabela 4). O índice de fixação por população nos assentamentos variou de -0,05 a 0,435, sendo na maioria, positivo e significativo, e apenas nas populações 3 e 10, os valores não foram diferentes de zero (Tabela 4).

O índice de fixação ( $F$ ) para o total de populações de *M. scabrella* estudadas foi igual a 0,363 e semelhante ao índice de fixação médio ( $f = 0,322$ ; Tabela 4); ambos significativamente diferentes de zero. A divergência genética entre populações ( $\Theta_p$ ) foi igual a 0,05; também significativamente diferente de zero.

O dendrograma formado a partir da divergência genética ( $\Theta_p$ ) entre os pares de populações estudadas (Tabela 5; Figura 5) mostrou a formação de 3 grupos, considerando divergência a partir de 0,04. Assim, o grupo 1 foi formado pelas populações 3, 13, 9, 5, 6, 1, 4 e 8; o grupo 2 pela população 11 e o grupo 3 pelas populações 7, E.E.Epagri, 12, 2 e 10.

A população 11 apresentou alguma divergência genética entre todas as outras populações do assentamento. De acordo com a análise entre cada par de população, como exposto na Figura 5, os valores de divergência genética foram maiores, principalmente em relação à população 11, que mostrou divergência de 16% em relação à população 9 (Tabela

5). Mas em relação a populações com características de idade e desbaste distintas da sua, a população 11, embora mais isolada, mostrou baixa divergência.

Não houve padrão aparente quanto às frequências alélicas e índices de diversidade genética entre os grupos. Em um nível de divergência genética ainda menor, entre 0,04 e 0,02, as populações 1, 4 e 8 foram agrupadas, sendo estas as de maior número total de alelos e maior número de alelos raros (Tabela 4). Não foram observados agrupamentos em função da idade ou da prática de desbaste.

De acordo com o teste de Mantel, a correlação entre distância geográfica e os valores de  $\Theta_p$  não foi significativa ( $r = 0,143$ ).

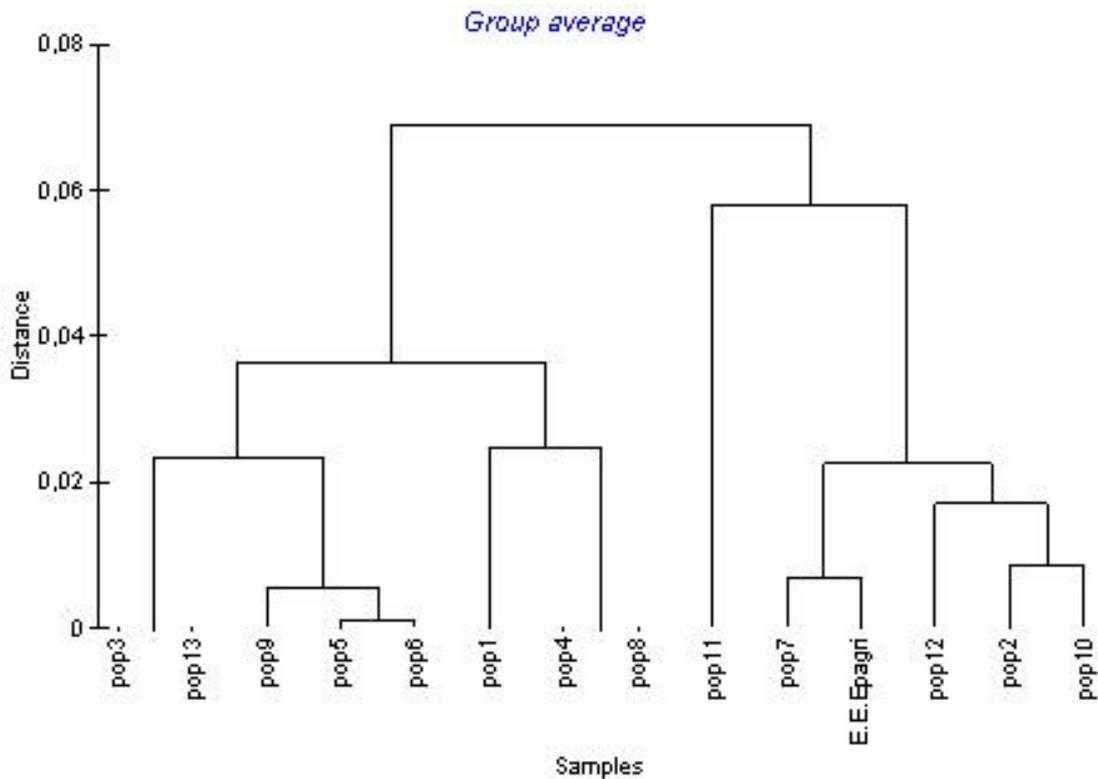


Figura 5. Dendrograma quanto à divergência genética ( $\Theta_p$ ) entre 13 populações de *Mimosa scabrella* em assentamentos rurais e uma população sob regeneração espontânea na E.E.Epagri, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis, 2009.

Tabela 5. Estimativa da divergência genética ( $\Theta_p$ ) entre os pares de populações de *Mimosa scabrella*, empregando-se 8 locos polimórficos a partir de 7 sistemas enzimáticos. NPFT, RGV/UFSC, Florianópolis, 2009.

$\Theta_p$	pop1	pop2	pop3	pop4	pop5	pop6	pop7	pop8	pop9	pop10	pop11	pop12	pop13
pop1	0												
pop2	0,086												
pop3	0,0106	0,08											
pop4	0,0206	0,0551	0,0183										
pop5	0,0392	0,1021	-0,0001	0,0187									
pop6	0,0306	0,0727	0,0118	0,0136	0,001								
pop7	0,0677	0,0241	0,0166	0,0599	0,0663	0,0413							
pop8	0,0282	0,0327	0,0411	-0,0028	0,0592	0,041	0,0423						
pop9	0,0254	0,1155	0,0396	0,0088	0,0021	0,0086	0,0973	0,0321					
pop10	0,0287	0,0083	0,0444	0,0112	0,0397	0,0034	0,0164	0,0269	0,0588				
pop11	0,1082	0,0396	0,0462	0,0935	0,1176	0,1003	0,0412	0,0984	0,1667	0,0472			
pop12	0,0791	0,0135	0,0748	0,0574	0,0773	0,0582	0,015	0,0306	0,0818	0,0204	0,1005		
pop13	0,0653	0,1312	-0,016	0,0604	0,0142	0,0362	0,0613	0,081	0,0383	0,0921	0,1113	0,1093	
E.E.Epagri	0,077	0,0278	0,0286	0,0439	0,0497	0,0386	0,0069	0,0542	0,0811	0,013	0,0605	0,0383	0,0823

#### 5.4 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE PROGÊNIES

As frequências alélicas e índices de diversidade de progênies da população 10 e da população 11 estão expostos, respectivamente na Tabela 6 e Tabela 7. Foram avaliados 10 locos polimórficos em 9 sistemas isoenzimáticos.

Tabela 6. Estimativa das frequências alélicas de progênies e adultos parentais de 2 populações de *M. scabrella* em assentamentos rurais, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis. 2009.

		Locos								
Progênies	Alelos	beta-EST	PGI	IDH	SKDH	PRX	6PGDH	DIA	FES 1	FES 3
POP 11	N	185	202	178	185	160	188	187	156	203
	1	0,057	0,064	0	0,138	0,003**	0	0,07	0,013*	
	2	0,608	0,547	0,104	0,232	0,606	0,755	0,816	0,397	0,062
	3	0,127	0,161	0,208	0,63	0,391	0,242	0,115	0,59	0,904
	4	0,205	0,228	0,688			0,003**		0	0,034*
	5	0,003**	0							
POP 10	N	144	197	146	118	144	156	136	180	192
	1	0,118	0,069	0,062*	0,008**	0,003**	0,042*	0,055	0	
	2	0,677	0,665	0,003**	0,462	0,566	0,792	0,721	0,444	0,099
	3	0,17	0,173	0,075	0,53	0,431	0,167	0,224	0,506	0,88
	4	0,035*	0,089	0,86			0		0,05	0,021*
	5	0	0,005**							
Adultos	N		40	37		45	41	43	16	42
	1		0,063	0		0	0	0,058	0	
	2		0,588	0		0,433	0,793	0,802	0,219	0,024
	3		0,163	0,135		0,567	0,207	0,14	0,781	0,976
	4		0,188	0,865			0		0	0
	5		0	0						
POP 10	N		46	44		41	45	48	5	5
	1		0,065	0,023*		0	0,022*	0,063	0	
	2		0,663	0,023*		0,524	0,833	0,802	0,4	0,4
	3		0,174	0,102		0,476	0,144	0,135	0,6	0,6
	4		0,098	0,83			0		0	
	5			0,023*						

N= número de indivíduos amostrados, (\*) alelos raros (p<5%), (\*\* ) alelos muito raros (p<1%).

Tabela 7. Índices de diversidade genética estimados de progênies e adultos parentais de 2 populações com práticas diferentes de desbaste de *M. scabrella* em assentamentos rurais, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis.2009.

Desbaste árvores secas (POP 10)		Famílias	N	P <sub>99%</sub>	P <sub>95%</sub>	A	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	f	Total de alelos	Alelos raros
adultos			33,0	100	100	2,90	0,431	0,407	-0,05	23	4
progênies		14	146,6	87,3	81,0	2,20	0,254	0,337	0,263*	31	3

Desbaste árvores sadias (POP 11)		Famílias	N	P <sub>99%</sub>	P <sub>95%</sub>	A	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	f	Total de alelos	Alelos raros
adultos			38,3	100	87,5	2,50	0,241	0,330	0,272*	20	1
progênies		14	183,4	92,8	87,3	2,38	0,255	0,358	0,295*	30	2

N= número médio da amostra; P<sub>99%</sub> e P<sub>95%</sub> = porcentagem de locos polimórficos; A=número médio de alelos por loco; H<sub>o</sub>= heterozigossidade observada; H<sub>e</sub>= diversidade genética; f= índice de fixação; (\*) significativo no intervalo de confiança (p<0,05).

O número total de alelos foi semelhante, sendo 30 alelos nas progênies da população 11 e 31 nas progênies da população 10. O número de alelos por loco variou de 3 (locos SKDH, DIA, FES 3) a 5 (loco beta-EST). Não foram encontrados alelos fixados. Ambas as populações de progênies apresentaram 4 alelos exclusivos: alelo 5 do loco beta-EST, alelo 4 do loco 6PGDH, alelo 1 do loco PGM, alelo 1 do loco FES 1 nas progênies da população 11 e alelo 5 do loco PGI, alelo 1 do loco IDH, alelo 1 do loco 6PGDH, alelo 4 do loco FES 1 nas progênies da população 10. Quanto à frequência dos alelos, foram encontrados 5 alelos muito raros (p<1%) em ambas as populações. Foram encontrados 4 alelos raros (1%<p<5%), sendo 2 alelos na população 11 e 3 alelos na população 10.

Em relação à geração parental, as progênies apresentaram alelos raros e exclusivos (Tabela 6). Os adultos da população 11 não apresentaram 4 alelos raros/muito raros presentes nas progênies, são eles: alelo 1 (PRX), alelo 4 (6PGDH), alelo 1 (FES1), alelo 4 (FES3) e 1 alelo freqüente (p>5%), alelo 2 (IDH). Os adultos da população 10 não apresentaram 4 alelos raros/muito raros presentes nas progênies, são eles: alelo 5 (PGI), alelo 1 (PRX), alelo 4 (FES1), alelo 4 (FES3). Os alelos mais freqüentes nas progênies, também o foram nos adultos.

Quanto aos índices de diversidade (Tabela 7), as progênies de ambas as populações mostraram alta porcentagem de locos polimórficos, sendo valores mais altos na população 11. Com o critério a 99%, o polimorfismo variou entre 87,3% a 92,8%; enquanto que a 95%

variou de 81% a 87,3%. O número médio de alelos por loco foi semelhante entre as duas populações, variando de 2,20 a 2,38 alelos. Os valores de heterozigidade observada e diversidade genética foram semelhantes e variaram, respectivamente, de 0,254 a 0,255 e de 0,337 a 0,358.

Em relação aos adultos, o polimorfismo a 99% foi menor nas progênes em ambas as populações, enquanto que a 95%, houve diferença apenas na população 10, com menor polimorfismo nas progênes (Tabela 7). Na população 11, a heterozigidade observada e diversidade genética foram semelhantes entre as gerações, entretanto, na população 10, apesar de valores semelhantes de diversidade genética, a heterozigidade observada foi quase o dobro nos adultos (Tabela 7).

Quanto à estrutura genética, o índice de fixação em cada população de progênie ( $f$ ) foi alto e positivo, variando de 0,263 a 0,295 (Tabela 7). Entre gerações, o índice de fixação foi semelhante entre adultos e progênes da população 11, porém na população 10 mostrou diferenças, sendo alto e positivo apenas nas progênes (Tabela 7).

O índice de fixação ( $F$ ) para o conjunto das 28 progênes amostradas nas 2 populações foi igual a 0,443 e o índice de fixação em cada população foi igual a 0,282, ambos estatisticamente significativos e indicando excesso de homozigotos nas progênes em relação ao esperado no equilíbrio de Hardy-Weinberg. A divergência genética ( $\Theta_s$ ) entre as 28 progênes amostradas foi igual a 0,223, comparável ao valor de coancestralidade entre irmãos completos (0,250). A divergência genética ( $\Theta_p$ ) entre as populações foi baixa e igual a 0,013, não sendo significativamente diferente de zero, indicando que a estrutura genética é semelhante nas progênes de ambas as populações.

## 5.5 SISTEMA DE CRUZAMENTO

Os valores de  $X^2$  no teste de homogeneidade entre as frequências alélicas de pólen e óvulo, expostos na Tabela 8, indicaram divergência genética ( $F_{st}$ ) significativa entre pólen e óvulo para a maioria dos locos.

As taxas de cruzamento das famílias de cada população e os parâmetros estimados do sistema de reprodução estão indicados na Tabela 9.

As médias das estimativas de  $t_m$  foram semelhantes entre as populações, sendo  $t_m \text{ pop 11} = 0,780$  (0,054) e  $t_m \text{ pop 10} = 0,832$  (0,044), ambas estatisticamente diferentes de um, mas não diferentes entre si, de acordo com o intervalo de confiança. A taxa de cruzamento entre aparentados ( $t_m - t_s$ ), variou de 0,161 a 0,192 e a correlação de paternidade ( $r_p$ ) de 0,254 a

0,207. A correlação de autofecundação ( $r_s$ ) foi baixa e igual a 0,09, porém existente em ambas as populações. Desse modo, foram encontrados em cada população, 62% de meio-irmãos [ $t_m$  ( $1-r_p$ )], 16,8% a 22% de irmãos por autofecundação ( $1-t_m$ ) e 21,1% a 16,1% de irmãos completos ( $t_m.r_p$ ). O índice de fixação dos genótipos parentais ( $F_p$ ) foi igual a zero em ambas as populações (Tabela 9). Este valor foi truncado a zero pelo método empregado, provavelmente por não ter sido superior a 0,1 (Moraes & Monteiro, 2002). A taxa de cruzamento multilocos ( $t_m$ ) nas progênies na população 10 variou de 0,669 a 0,976. Na população 11, os valores foram mais baixos, variando de 0,554 a 0,940. Os valores de coancestralidade dentro das progênies ( $\Theta_{xy}$ ) foram semelhantes entre as populações, variando de 0,194 a 0,204.

Tabela 8. Divergência genética ( $F_{ST}$ ) entre frequências alélicas de pólen e óvulo, graus de liberdade (GL) e teste de qui-quadrado ( $X^2$ ) para progênies de 2 populações de *Mimosa scabrella* em assentamentos rurais, Planalto Norte/SC. NPFT, RGV/UFSC. Florianópolis, 2009.

Loco	Alelo	N	Progênies POP 11 - desbaste de sadias					Progênies POP 10 - desbaste de secas					
			Pólen	Óvulo	$F_{ST}$	GL	$X^2$	N	Pólen	Óvulo	$F_{ST}$	GL	$X^2$
$\beta$ -EST	1	185	0,015	0,071				144	0,128	0,107			
	2		0,698	0,536				0,635	0,679				
	3		0,121	0,179				0,154	0,214				
	4		0,159	0,214				0,083	0				
	5		0,007	0	0,12	4	183,25	—	—	0,11	3	90,72	
PGI	1	202	0,091	0,036				197	0,123	0,036			
	2		0,549	0,536				0,638	0,643				
	3		0,126	0,179				0,111	0,214				
	4		0,234	0,25				0,116	0,107				
	5		—	—	0,04	3	45,26	0,012	0	0,10	4	162,7	
IDH	1	178	—	—				146	0,026	0,071			
	2		0,105	0,071				0,008	0				
	3		0,24	0,25				0,151	0,036				
	4		0,655	0,679				0,815	0,857				
	5		—	—	0,01	2	6,24	0	0,036	0,15	4	176,5	
SKDH	1	185	0,172	0,143				118	0,02	0			
	2		0,246	0,214				0,431	0,536				
	3		0,583	0,643	0,01	2	10,10	0,55	0,464	0,06	2	26,94	
PRX	1	160	0,008	0				144	0,008	0			
	2		0,64	0,571				0,521	0,571				
	3		0,352	0,429	0,03	2	19,49	0,471	0,429	0,02	2	9,58	
6PGDH	1	188	—	—				156	0,018	0,036			
	2		0,668	0,786				0,779	0,786				
	3		0,325	0,214				0,203	0,179				
	4		0,007	0	0,07	2	55,19	—	—	0,01	2	5,1*	
DIA	1	187	0,083	0,107				136	0,105	0,071			
	2		0,77	0,75				0,664	0,679				
	3		0,147	0,143	0,00	2	3,37*	0,231	0,25	0,01	2	4,73*	
FES 1	1	156	0,033	0				180	—	—			
	2		0,413	0,429				0,47	0,393				
	3		0,555	0,571				0,496	0,536				
	4		—	—	0,03	2	21,59	0,034	0,071	0,03	2	20,91	
FES 3	1	203	0,059	0,107				192	0,106	0,179			
	2		0,902	0,857				0,869	0,75				
	3		0,04	0,036	0,02	2	20,23	0,025	0,071	0,09	2	69,79	

(\*)  $X^2$  não significativo ( $p < 5\%$ )

Tabela 9. Estimativa da taxa de cruzamento multilocus por indivíduo parental e parâmetros do sistema reprodutivo de 2 populações de *Mimosa scabrella* em assentamentos rurais, Planalto Norte, SC. NPFT, RGV/ UFSC. Florianópolis. 2009.

Taxa de Cruzamento	Progênie			
	Pop 10 - desbaste sadias		Pop 11 - desbaste secas	
Progênie 1	0,721	(0,120) <sup>a</sup> - [16] <sup>b</sup>	0,976	(0,009) - [15]
Progênie 2	0,606	(0,152) - [15]	0,891	(0,017) - [15]
Progênie 3	0,787	(0,132) - [16]	0,976	(0,034) - [12]
Progênie 4	0,907	(0,094) - [15]	0,759	(0,200) - [16]
Progênie 5	0,833	(0,111) - [12]	0,953	(0,051) - [13]
Progênie 6	0,554	(0,126) - [16]	0,923	(0,092) - [14]
Progênie 7	0,915	(0,09) - [15]	0,819	(0,139) - [13]
Progênie 8	0,928	(0,062) - [15]	0,753	(0,130) - [14]
Progênie 9	0,940	(0,076) - [15]	0,602	(0,130) - [17]
Progênie 10	0,562	(0,126) - [15]	0,821	(0,119) - [15]
Progênie 11	0,781	(0,123) - [15]	0,970	(0,034) - [12]
Progênie 12	0,751	(0,129) - [16]	0,669	(0,145) - [13]
Progênie 13	0,926	(0,064) - [16]	0,901	(0,074) - [17]
Progênie 14	0,913	(0,091) - [14]	0,877	(0,108) - [16]
entre não aparentados + aparentados (t <sub>m</sub> )	0,780		0,832	
entre não aparentados (t <sub>s</sub> )	0,619		0,640	
entre aparentados (t <sub>m</sub> - t <sub>s</sub> )	0,161		0,192	
correlação de autofecundação (r <sub>s</sub> )	0,093		0,091	
correlação de paternidade (r <sub>p</sub> )	0,207		0,254	
proporção de irmãos por autofecundação (1-t <sub>m</sub> )	22%		16,8%	
proporção de meio-irmãos [t <sub>m</sub> (1-r <sub>p</sub> )]	61,8%		62%	
proporção de irmãos completos (t <sub>m</sub> .r <sub>p</sub> )	16,1%		21,1%	
coancestria dentro de progênie (θ <sub>xy</sub> )	0,204		0,194	

<sup>a</sup> erro padrão da média; <sup>b</sup> tamanho da amostra

## 6. DISCUSSÃO

### 6.1 DIVERSIDADE GENÉTICA

De acordo com HAMRICK & GODT (1990), revisando 653 estudos a partir de marcadores isoenzimáticos, espécies arbóreas perenes, como *Mimosa scabrella*, apresentaram em média polimorfismo em 64,7% dos locos, 2,19 alelos por loco e diversidade genética média igual a 0,097. Espécies tropicais, por sua vez, apresentaram polimorfismo em 49,2% dos locos, 1,81 alelos por loco e diversidade genética de 0,148. A partir desta comparação, é possível concluir que as populações de *Mimosa scabrella* estudadas apresentam valores altos para os índices de diversidade genética (Tabela 4). Considerando apenas populações adultas de espécies pioneiras neotropicais e que formam altas densidades em ambientes perturbados, como *Eremanthus erythropappus* ( $H_o=0,386$ ;  $H_e=0,483$ ) segundo (BARREIRA et al, 2006); *Trema micrantha* ( $H_o=0,366$ ;  $H_e=0,392$ ) segundo KAGEYAMA et al. (2003); *Eschweilera ovata* ( $H_o=0,389$ ;  $H_e= 0,400$ ) segundo GUSSON et al. (2005), também se observa que os dados para *M. scabrella* são compatíveis aos obtidos para outras espécies em populações naturais.

As populações de *M. scabrella* amostradas nos bracatingais dos assentamentos, embora sejam promovidas pelos agricultores, alcançando densidades entre cerca de 600 a 30.000 indivíduos por hectare (STEENBOCK, 2009), mostraram valores semelhantes à população regenerada espontaneamente na EE.Epagri (Tabela 4).

A hipótese de que, em área onde não há manejo da paisagem, haveria aumento de competição interespecífica e pressão a favor de heterozigotos não pode ser confirmada, uma vez que os índices de diversidade genética foram muito semelhantes entre E.E.Epagri e assentamentos (Tabela 4). A competição interespecífica exige maior habilidade para sobreviver e crescer, mas de acordo com os resultados obtidos, não é evidente a relação entre esta habilidade e a vantagem de heterozigotos.

A semelhança nos índices genéticos sugere eventos históricos comuns e mesma base genética entre as populações, tanto em paisagem manejada quanto sob regeneração natural. A ausência de alelos raros poderia ser considerada uma medida adequada para avaliar impactos recentes (LOWE et al., 2005). Por outro lado, segundo este mesmo autor, a perda de alelos comuns, o que não foi o caso observado, explicaria impactos ocorridos ao longo de muitas gerações.

É possível considerar que o manejo atual (e recente) da paisagem que ocorre nos assentamentos, favorecendo os bracatingais, traria a possibilidade de amostrar maior número

e diversidade de alelos. Neste sentido, se deve considerar que a amostragem na área da E.E.Epagri tenha sido suficiente para representar o total de bracatingas no local, uma vez que a presença da espécie na área amostrada é visivelmente menor do que em uma área de tamanho semelhante no assentamento. STEENBOCK *et al.* (2009) registraram 1784 indivíduos adultos/ha em bracatingais e 325 indivíduos adultos/ha em floresta secundária na região de Floresta Ombrófila Mista. Além disso, CALDATO *et al.* (1996), mostrou que no remanescente florestal da E.E.Epagri, *M. scabrella* domina o banco de sementes e possui baixos índices de regeneração natural. Assim, é possível supor que os alelos exclusivos encontrados apenas nos assentamentos, sejam um reflexo do manejo da paisagem. Na área da E.E.Epagri, os alelos possivelmente, estariam sendo mantidos no banco de sementes no solo, uma vez que as progênies não são necessariamente recrutadas. Considerando a promoção de um estágio de dormência na área da E.E.Epagri, a taxa de evolução da espécie ao longo do tempo seria menor neste caso, em função do baixo estímulo do banco de sementes e por consequência, da regeneração. Entretanto, esta hipótese deve ser avaliada com mais detalhes, principalmente a partir da comparação da diversidade genética do banco de sementes de *M. scabrella* em área sob regeneração espontânea e em bracatingais.

Em relação à diversidade genética em função da idade das populações, não foi confirmada a hipótese de que a alta taxa de mortalidade nos primeiros anos de vida, com significativa redução demográfica ao longo do tempo em populações de *M. scabrella*, como observado por MACHADO *et al.* (2002) e STEENBOCK (2009) levasse à seleção a favor de heterozigotos. Esperaria-se que a diversidade genética fosse crescente em relação à idade devido um possível efeito da seleção natural. REIS (1996) revisando sobre a diversidade ao longo dos estágios de desenvolvimento de arbóreas tropicais, verificou que várias espécies mostraram excesso de heterozigotos nos adultos em relação às progênies. CONTE *et al.* (2003) argumentaram em favor da ação da seleção natural promovendo aumento de heterozigotos, no caso de *Euterpe edulis*.

Contudo, ao assumir a ação da seleção natural, desconsidera-se o pressuposto de neutralidade dos locos utilizados (KIMURA, 1976). Neste caso, os resultados para *M. scabrella* do presente estudo poderiam sugerir que os locos amostrados são neutros funcionalmente e não sofrem ação da seleção natural sendo, portanto, mais condicionados pela emigração e deriva genética. CONTE *et al.* (2003) lembram que o excesso de heterozigotos em uma determinada população, também pode estar relacionado à variação desigual nas frequências alélicas entre os parentais.

A variação pouco marcante entre idades como foi descrita neste estudo também pode estar relacionada ao fato de que os indivíduos “*dominados*”, que segundo os agricultores, são aqueles secos e que morrem antes, e que, portanto, não se tornam reprodutivos, poderiam ser justamente o resultado de depressão endogâmica. O processo de depressão endogâmica é frequente em árvores e pode ser intensa nos primeiros anos de vida a partir da exposição de alelos deletérios pelo cruzamento entre aparentados ou autofecundação (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH, 1987; HUSBAND *et al.* 1996). Uma vez que estes indivíduos “*dominados*” chegam à idade adulta sem folhas, e portanto, não foram incluídos na amostragem, a diversidade genética entre os jovens pode ter sido superestimada, mascarando a possível variação entre idades diferentes.

De qualquer modo, a presença de alelos raros observada tanto em populações jovens quanto em adultas ou senescentes (Tabela 4), pode indicar o importante papel da deriva genética durante o estímulo do banco de sementes no solo pelo uso do fogo ou por migração durante o fluxo gênico pela polinização.

Sobre o manejo de populações a partir de desbaste, o maior número de alelos raros e exclusivos no conjunto de populações em que não foram desbastadas árvores adultas e sadias, sugerem que a forma como é feita o desbaste pode promover a perda de alelos. Perda de alelos também foi observada por SEBBENN (2000), avaliando desbaste em populações de *Tabebuia cassinoides*. Neste caso, restringe-se a possibilidade de geração de novos recombinantes, fundamental para garantia de dinamismo genético frente às mudanças ambientais, como considerado por REIS (1996); LOWE *et al.* (2005); SEBBENN *et al.* (2008).

É importante notar que no caso das populações 9 e 13, o número total de alelos, alelos raros e polimorfismo, foi semelhante às populações submetidas ao desbaste de árvores sadias (Tabela 4). Portanto, é possível que o desbaste de apenas árvores secas (ou secando) também promova a perda de alelos. Este resultado reforça a existência de graus de intensidade de desbaste como comentado por STEENBOCK (2009), com efeitos estruturantes na genética da população, ainda que feitos não intencionalmente. Mais estudos devem ser feitos nesta direção, tendo o cuidado de acompanhar esta prática junto com o agricultor, como por exemplo na forma de experimentos, para melhor precisar a quantidade de árvores retiradas em relação ao total na área de manejo. E assim, melhor definir estes possíveis gradientes na prática do desbaste.

Não foi observada variação nos índices de heterozigosidade observada e de diversidade genética em função do desbaste, o que é coerente com o pouco tempo de manejo

atuando sobre as populações estudadas (1 ou 2 gerações). SEBBENN *et al.* (2008) a partir de simulações ao longo de gerações, para 4 espécies arbóreas da Floresta Amazônica no Brasil, verificaram que, exceto por reduções muito severas no tamanho populacional, o que não é o caso do manejo praticado nos assentamentos, não há alterações nestes parâmetros genéticos.

A Resolução Nº 310 (CONAMA, 2002), que tratava sobre o manejo florestal de *M. scabrella* em Santa Catarina, disciplinava a atividade a partir do corte seletivo antes da aprovação da Lei federal n. 11.428 (BRASIL, 2008). Esta resolução, estava baseada no critério de manutenção de pelo menos 50 indivíduos reprodutivos (DAP>5cm) de *M. scabrella* por hectare. Entretanto, não deixava claro o tamanho da população inicial. Assim, no caso das populações em paisagem manejada, como nos assentamentos, a manutenção de 50 indivíduos/ha pode não representar toda a diversidade genética existente, uma vez que as populações podem ser formadas por número maior de indivíduos do que em área sob regeneração espontânea.

No caso das populações adultas e senescentes amostradas no presente estudo, foram amostradas pouco menos de 50 indivíduos. Em bracatingais pequenos (menos de 1ha) onde a coleta envolveu quase a totalidade dos indivíduos da população, o manejo como proposto na Resolução 310, promoveria manutenção desta diversidade genética observada, mas tornaria inviável o uso dos bracatingais na maneira como é praticada pelos agricultores. Em áreas maiores, a manutenção de 50 indivíduos/ha pode não refletir toda a diversidade. A população 12, por exemplo, é uma amostragem do maior bracatingal estudado (8ha, Tabela 1) e apresentava 400 indivíduos/ha (STEENBOCK, 2009), após o desbaste de árvores sadias. Esta população apresentou os menores valores de número total de alelos e alelos raros, o que também pode estar relacionado a uma amostragem pouco suficiente nesta área. Por outro lado, ao avaliar a população 8, também um dos maiores bracatingais, com 1250 indivíduos/ha (STEENBOCK, 2009) mas não submetida ao desbaste de árvores sadias, apresentou os maiores valores de alelos totais e raros a partir da mesma amostragem. Este resultado aponta para a perda de alelos devido ao desbaste de árvores reprodutivas.

Existe dificuldade em se contrastar populações com as mesmas características nos assentamentos estudados devido à dinâmica no planejamento do uso do lote feito por cada agricultor, especialmente porque o manejo de bracatingas ainda tem um caráter experimental entre eles, como foi percebido nas entrevistas.

Para delineamentos futuros em que se busque reconhecer os gradientes genéticos na paisagem, sugere-se a abordagem da genética de paisagem, na qual as informações ambientais são correlacionadas às frequências alélicas e não aos índices. Neste caso, a amostragem seria

feita pela coleta aleatória dos indivíduos na área de estudo sem definição a priori de populações (MANEL et al. 2003). Segundo HOLDEREGGER (2006), esta abordagem direciona as questões para os processos e não apenas para os padrões espaciais. Nesta análise, é possível que a unidade em que se aplicaria a legislação sobre o manejo de bracatingas fosse maior que a área manejada por um agricultor.

## 6.2 ESTRUTURA GENÉTICA

Os índices de fixação foram altos tanto nas populações do assentamento quanto na E.E.Epagri (Tabela 4), evidenciando excesso de homozigotos em relação ao esperado pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg. Este resultado é coerente para espécies pioneiras, com baixo potencial de dispersão de pólen ou sementes e com grande probabilidade de cruzamentos entre aparentados (LOVELESS & HAMRICK, 1984), especialmente àquelas com sistema reprodutivo misto, como *M. scabrella* (Sobierajski et al. 2006), que tolera autofecundações. Altos índices de fixação também foram encontrados em espécies com estratégias semelhantes, como *E. erythropappus* (BARREIRA et al., 2006); *E. ovata* (GUSSON et al., 2005); *Senna multijuga* (RIBEIRO & LOVATO, 2004); *Piptocarpha angustifolia* (FOWLER, 2008); *Tremma micrantha* (RIBAS & KAGEYAMA, 2006); *Bagassa guianensis* (SEBBEN et al., 2008).

Tais características conferem altos níveis de estruturação espacial às populações, podendo abranger 50 m em *Symphonia globulifera* (CARNEIRO et al, 2007), 70 m em *E. ovata* (GUSSON et al. 2005), 150m em *E. erythropappus* (BARREIRA et al., 2006), 50 a 100m em *Jacaranda copaia* (JONES & HUBBELL, 2006). Embora não haja informação quanto à estruturação espacial para *M. scabrella*, é possível que a população amostral definida nos assentamentos e também na E.E.Epagri, tenha incluído indivíduos espacialmente estruturados, uma vez que as distâncias de coleta adotadas entre os indivíduos foram de apenas 5 a 20 m. Neste caso, a deficiência de heterozigotos indicada pelo alto índice de fixação encontrado pode ter sido amplificada pela existência de subestruturações na população amostrada (efeito Wahlund), como também sugerido em outras espécies arbóreas (SEBBEN et al., 2008; MANTOVANI et al. 2006; OTERO-ARNIZ et al., 2005). O fato do índice de fixação para o conjunto das populações (F) ter sido semelhante ao índice de fixação médio em cada população (f) indica que a endogamia, na maioria das populações foi causada tanto pelo sistema reprodutivo mas também pela deriva genética.

O papel da deriva genética é reconhecido na dinâmica de clareiras (ALVAREZ-BUYLLA *et al.* 1997; MARIOT *et al.*, 2000) ou pelo efeito de mosaico resultado de fragmentação (YOUNG *et al.*, 1993) levando à estruturação genética da população com fixação de alelos e divergência genética entre as populações.

Entretanto, este efeito não foi observado visto a baixa divergência genética ( $\Theta_p$ ) encontrada entre as populações, revelando alto fluxo gênico com grande parte da variabilidade genética (95%) dentro de cada uma das populações. Além disso, o fato de todas as populações amostradas apresentarem os mesmos alelos mais comuns (Tabela 3), associada à baixa correlação entre distância geográfica e divergência genética de acordo com o teste de Mantel, também revela a existência, pelo menos no passado, de fluxo gênico entre as populações estudadas. Segundo ALVAREZ-BUYLLA *et al.* (1996), este padrão é comum entre espécies tropicais em geral. SOBIERAJSKI (2004) estudando 8 populações naturais de progênies de *M. scabrella* em grande parte de sua distribuição geográfica (São Paulo a Santa Catarina) também observou baixa divergência genética.

No presente estudo, as populações na área dos assentamentos variaram entre 1km a 10km, sendo que a população 11 (grupo 2), é a população mais isolada. A população E.E. Epagri (grupo 3) se localiza entre 26km a 43 km das populações nos assentamentos. A formação do grupo 2 representado apenas pela população 11, pode indicar alguma estruturação em função de seu isolamento geográfico, entretanto, não foram observadas diferenças marcantes nos índices genéticos em relação às outras populações. Embora a população E.E.Epagri apresente a maior distância geográfica, não foi isolada das outras quanto à divergência genética. Entretanto, como indicado no dendrograma da Figura 5 e Tabela 5, existe a formação de agrupamentos com alguma divergência genética, principalmente em relação à população 11. Este cenário se assemelha ao proposto pelo modelo de ilhas, e neste caso, é preciso que o fluxo gênico não deva ser tão grande a ponto de impedir a diferenciação entre as populações, nem tão baixo que evite a formação de novas combinações (GILES & GOUDET, 1997), o que implica a existência de algum nível de estruturação. Segundo SLATKIN & MARUYAMA (1975), um migrante pode ser suficiente para prevenir a divergência genética resultante de deriva genética. Este fluxo gênico poderia acontecer tanto via polinização quanto pelas sementes.

Em espécies com características reprodutivas que favorecem a ocorrência agregada e baixo potencial de dispersão das sementes como *M. scabrella*, não se espera um fluxo gênico intenso. Quanto via polinização, a floração maciça de *M. scabrella* atrai muitos visitantes oportunistas com estratégias poliléticas (HARTER-MARQUES & ENGELS, 2003) e estes

autores especulam que os polinizadores, visitem poucas plantas por um longo período, o que restringiria a amplitude do fluxo de pólen.

Entretanto, as evidências de subestruturas nas populações estudadas indicam a existência de famílias dentro de um mesmo bracingal. Neste caso, a geração e manutenção de diversidade de *M. scabrella* funcionaria como uma metapopulação. A alta endogamia poderia ser contrabalançada por migrações, que podem ter origem de um mesmo bracingal, o que facilitaria o processo de dispersão de sementes e polinização. Este processo explicaria a aparente contradição entre alta endogamia em função de cruzamentos entre aparentados e alta diversidade genética, como foi observado. Para corroborar esta hipótese, devem ser feitos futuramente estudos específicos quanto à estruturação genética espacial nestes bracingais.

Também é importante indicar a possibilidade de fluxo gênico a partir de diferentes gerações de um banco de sementes. Isto pode ser sugerido pela formação de um subgrupo pelas populações 1, 4 e 8 (Figura 5), as quais são diferenciadas das outras pela maior diversidade genética mas índices de fixação semelhantes. Neste caso, eventos no passado poderiam explicar este cenário, uma vez que a variação genética vai depender do que havia disponível no banco de sementes no solo. Assim, as sementes que germinam de um banco poderiam ser compostas por progênies produzidas em várias gerações que representam migrações do passado, de onde alelos raros podem emergir (ALVAREZ-BUYLLA *et al.*, 1997; MCCUE & HOLTSFORD, 1998; MORRIS *et al.*, 2002). As áreas destas populações, segundo os agricultores, foram queimadas apenas recentemente, respectivamente há 3 anos, 4 anos e 15 anos (Tabela 1), sendo anteriormente ocupadas com imbuías (*Ocotea porosa*), guaraperês (*Lamanonia speciosa*) e pinheiro (*Araucaria angustifolia*) e poucas bracingas. O banco de sementes das populações 1, 4 e 8, neste caso, pode ter acumulado e conservado a diversidade de alelos de várias gerações.

O papel do histórico de vida da população também pode ser sugerido ao avaliar a estrutura genética dos bracingais 10 e 3, que diferiu do padrão encontrado nas outras populações estudadas. Nestas, os índices de fixação foram estatisticamente igual a zero (Tabela 4), indicando equilíbrio de panmixia. Chamam atenção por se tratar de dois bracingais próximos e provavelmente com origem comum a partir de um mesmo banco de sementes, cujas matrizes passaram, provavelmente pelos mesmos eventos no passado. Segundo JONES & HUBBELL (2006), variações nos níveis de parentesco incongruentes podem ser conseqüências do histórico da demografia na população. Neste caso, é possível considerar que, em função dos cultivos de milho e exploração madeireira no passado, corroborado pelo relato do agricultor do lote de presença de fornos de carvão e aspecto

“limpo” na área anteriormente à regeneração do bracatingal, os indivíduos de *M. scabrella* possam ter sido desfavorecidos, alguns tolerados. Isto poderia levar a uma menor densidade e menor chance de cruzamentos entre parentes, inibindo, assim, a formação de subestruturas genéticas, ainda que tenha havido inevitavelmente efeito fundador.

CAVERS *et al.* 2005 indicou que as 5 populações de uma espécie pioneira (*Vochysia ferruginea*) com os maiores valores de diversidade genética, também eram as menos adensadas. De forma semelhante ao obtido, ZÁRATE *et al* (2005) observou em *Leucena esculenta* no México endogamia maior em populações em área de mata nativa, onde a espécie ocorre em maior densidade, em relação à população em área com histórico de roças de milho. Esta hipótese relacionada ao histórico de vida da população é razoável se considerar a existência de intervenção ao longo do tempo atuando com diferentes intensidades em todas as outras populações amostradas. Assim, é possível que no lote das populações 10 e 3, os fatores que diminuem a endogamia tenham sido recorrentes ao longo de gerações e portanto, mais intensos do que nas outras populações amostradas. Esta hipótese sugere que o favorecimento atual de adensamentos, resultado do fogo e da promoção de bracatingais nos assentamentos, também são fatores com efeitos estruturantes de populações de *M. scabrella*.

Em uma escala mais ampla, é possível que o manejo da paisagem, favorecendo os bracatingais, promova ao longo das gerações, a estruturação genética entre assentamentos e E.E.Epagri, devido à restrição do fluxo gênico entre locais. A ausência de alelos na E.E.Epagri, exclusivos dos assentamentos como observado (Tabela 3) apontam para este cenário. Os dados de progênies de SOBIERAJSKI (2004) em Caçador (região da área da E.E.Epagri) fortalecem essa hipótese, pois a autora verificou perda de alelos, os quais, em outras populações de ocorrência da espécie, eram de alta frequência.

### 6.3 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE PROGÊNIES

O número de alelos totais e raros encontrados nas progênies neste estudo estão compatíveis e superiores ao encontrado por SOBIERAJSKI (2006), estudando 9 populações de progênies de *M. scabrella* ao longo da distribuição da espécie, a partir de 7 locos polimórficos isoenzimáticos. Entretanto, os níveis de heterozigosidade observada e diversidade genética encontrados por SOBIERAJSKI (2004) foram superiores ( $H_o=0,500$ ;  $H_e= 0,559$ ) às progênies nos assentamentos (Tabela 7). Estas diferenças podem ter sido causadas pelos locos analisados (apenas 3 em comum) e pelo tempo após a germinação em

que foi feita a amostragem das progênies em cada estudo, o que poderia propiciar seleção natural em alguns indivíduos.

Embora as progênies amostradas no presente trabalho representem no mínimo, a segunda geração originada a partir do estímulo do banco de sementes pelo fogo em uma paisagem manejada, não houve diminuição da diversidade em relação aos parentais, mas ao contrário; apresentaram alelos raros, exclusivos e alta diversidade genética, indicando o papel importante das progênies no aporte de alelos, como argumentado por SEBBENN *et al.* (2008). Ainda que haja diferença na amostragem entre população adulta e progênies, esta representa a variação demográfica existente entre os estágios de desenvolvimento de *M. scabrella*.

Os valores de diversidade genética entre progênies e os adultos parentais foram semelhantes (Tabela 7), não indicando diferenças na proporção de heterozigotos, o que enfraquece a hipótese de seleção natural atuando em favor de heterozigotos ao longo do desenvolvimento, como comentado anteriormente.

As progênies originadas de uma população submetida ao desbaste de árvores adultas e sadias (população 11), poderiam apresentar perda de alelos em função desta prática, como discutido no item anterior. Entretanto, as progênies apresentaram alta diversidade genética, mostrando inclusive alelos raros, exclusivos e mesmo um alelo freqüente ( $p > 5\%$ ) não encontrado nos parentais (Tabela 6 e 7). Neste caso, é possível que o fluxo gênico tenha sido suficiente para atenuar as conseqüências de deriva genética e, portanto, contribua para que manejos diferentes na paisagem, como a ocorrência de desbaste em algumas populações, não leve a grandes mudanças na estrutura genética.

No caso do desbaste em que são retirados os indivíduos secos (ou secando), é possível que não prejudique as próximas gerações, uma vez que árvores secas já frutificaram, contribuindo para a diversidade do banco de sementes e, no caso dos indivíduos "*dominados*", naturalmente não desenvolvem as condições necessárias para a reprodução. Entretanto, não é possível argumentar em favor desta hipótese, pois as árvores matrizes desta análise foram justamente a população (número 10), a qual mostrou valor discrepante quanto à estrutura genética. É indicado que se avalie futuramente a diversidade genética do banco de sementes entre bracatingais com desbaste de árvores sadias e aqueles onde só se retiram as árvores não reprodutivas.

Os índices de fixação altos indicaram excesso de homozigotos em relação ao esperado pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg, em ambas as populações de progênies (Tabela 7). Este resultado confirma a tendência à estruturação genética em função do sistema reprodutivo,

como cruzamentos entre aparentados e autofecundações, como também visto na geração parental. No caso da população 10, embora a geração parental tenha apresentado índice de fixação não diferente de zero, é possível observar que mesmo que no passado tenha ocorrido eventos desfavorecendo a endogamia, como foi comentado anteriormente, esta voltou a ser alta na geração atual. Este resultado pode sinalizar que o manejo atual da paisagem, a partir do adensamento, pode favorecer a endogamia, já predominante na espécie. Além disso, o fato da criação atual de abelhas (*Apis mellifera*) sob os bracingais parentais e possíveis incrementos na presença de polinizadores, não foi suficiente para evitar a tendência à estruturação genética nas progênies. A divergência genética entre cada progênie ( $\Theta_s$ ) mostrou que a geração atual é formada provavelmente por irmãos completos em ambas as populações, de acordo com o valor de  $\Theta_p$  e coerente com alto índice de fixação.

#### 6.4 SISTEMA DE CRUZAMENTO

O teste de homogeneidade das frequências alélicas de pólen e óvulo (Tabela 8) indicou que para ambas as progênies, o conjunto de pólen que contribuiu para os cruzamentos não foi homogêneo entre o conjunto de alelos dos óvulos, indicando falta de aleatoriedade na contribuição dos indivíduos de cada população amostrada. Isto é esperado, uma vez que *M. scabrella* tem características que favorecem cruzamento entre aparentados como já argumentado. Além disso, de acordo com valores das taxas de cruzamento (Tabela 9), as populações amostradas apresentam sistema de reprodução misto, ou seja, combinando cruzamentos e autofecundações.

Além disso, a julgar pela correlação de paternidade ( $r_p$ ) (Tabela 9), confirmam-se os cruzamentos entre aparentados, o que também foi observado por SOBIERAJSKI *et al.* (2006) em populações naturais de *M. scabrella*, cujos valores variaram de 0,153 a 0,695. Estes resultados indicam que as populações estudadas na paisagem manejada possuem sistema de cruzamento semelhante às populações consideradas naturais. Assim, de acordo com os valores da correlação de paternidade ( $r_p$ ), apesar de existir a probabilidade de cruzamentos entre aparentados, esta é baixa e sugere que, mesmo com o manejo da paisagem, ainda há alto fluxo gênico que garante altas taxas de cruzamento entre não aparentados nos assentamentos.

A baixa correlação de autofecundação ( $r_s$ ) na Tabela 9 indica que esta estratégia não é freqüente, coerente com HARTER-MARQUES & ENGELS (2003), que não observaram formação de sementes por autopolinização espontânea em *M. scabrella*, mas sim, apenas de forma manual. Além disso, estes autores também verificaram menor formação de sementes

em plantas autopolinizadas em relação às de cruzamento. Desse modo, é possível que variações anuais na produção de sementes observada entre os agricultores como comentado anteriormente e também por CARPANEZZI *et al.* (1997), representem a depressão por endogamia, eliminando autofecundações. Segundo PETIT & HAMPE (2006), a depressão por endogamia é comum em espécies com sistema reprodutivo misto com predominância de alogamia, como *M. scabrella*, sendo as medidas de “fitness” reprodutivo mais evidentes que as variações dos índices de diversidade genética (LOWE *et al.*, 2005; SEBBENN *et al.*, 2008).

O índice de fixação na geração parental ( $F_p$ ) na Tabela 9, indicou que a endogamia observada nas progênes não está relacionada ao acúmulo de endogamia nas gerações anteriores, mas sim, possivelmente à taxa de autofecundação e aos cruzamentos entre aparentados nesta geração, como também observado por SOBIERAJKI (2004). Entretanto, na geração parental, o índice de fixação apontou para alta endogamia como já comentado (Tabela 7), o que não concorda com índice de fixação  $F_p$  obtido. Esta incongruência reforça a hipótese de que a endogamia observada nos adultos possa estar relacionada a subestruturações dentro das populações, como argumentado anteriormente.

As taxas de cruzamento multilocos ( $t_m$ ) apresentaram valores moderadamente inferiores (Tabela 9) às taxas obtidas em populações naturais de espécies tropicais segundo a revisão de REIS (1996) e comparáveis a espécies com características reprodutivas semelhantes à *M. scabrella* como *Acacia anfractuosa* ( $t_m$  igual a 0,85) segundo COATES *et al.* (2006) e *Senna multijuga* ( $t_m$  variando de 0,540 a 0,838) segundo RIBEIRO & LOVATO (2004). Sobierajski (2004) encontrou valores moderadamente superiores ( $t_m$  médio igual a 0,971) para *M. scabrella* e sugeriu que o valor estivesse superestimado devido à época de amostragem das progênes (6 meses após a germinação), o que pode ter ocasionado eliminação por seleção natural.

Embora as duas populações de progênes amostradas tenham histórico diferente em relação à prática do desbaste em cada uma das gerações parentais, estas não mostraram diferenças na taxa de cruzamento, como também observado em *Tabebuia cassinoides* (SEBBENN *et al.* 2000). Isto é razoável se considerar que a prática do desbaste não altera drasticamente a demografia, densidade de floração ou comportamento dos polinizadores, os quais são fatores importantes na variação da taxa de cruzamento (REIS, 1996; WARD *et al.*, 2005). E ainda, de acordo com LOWE *et al.* (2005), a variação genética em função do manejo pode variar lentamente, sendo detectada após várias gerações de manejo dependendo da longevidade da espécie. Desse modo, provavelmente devido ao fato das progênes estudadas

representarem apenas a primeira ou segunda geração após o desbaste, os efeitos na taxa de cruzamento não foram detectados, o que deve ser reavaliado futuramente.

Foi observada ampla variação entre as 14 famílias de progênies em ambas as populações (Tabela 9), o que pode indicar variação na auto incompatibilidade, levando a algumas plantas se auto fecundarem mais do que outras. Os valores encontrados para coancestralidade ( $\theta_{xy}$ ) nas progênies (Tabela 9) são comparáveis a cruzamentos entre meio-irmãos (0,125) e irmãos completos (0,250), em concordância com os valores para o índice de fixação e a divergência genética entre as progênies ( $\Theta_s$ ) obtidos.

## 7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

*" O mundo natural não está organizado em parábolas. Somente as pessoas fazem isso; esse é um método particularmente humano de fazer o mundo fazer sentido. E porque as pessoas diferem em suas crenças, porque suas visões da verdade, do bom e do bonito nem sempre são as mesmas, elas inevitavelmente diferem também em sua compreensão do que a natureza significa e como deve ser usada - porque a natureza é normalmente o lugar onde procuramos realizar nossos desejos."*

William Cronon

Os resultados de diversidade e estrutura genética estão de acordo com a biologia reprodutiva da espécie, a qual favorece alta diversidade e alta estruturação. Em um contexto onde a espécie regenera espontaneamente, se verificou o mesmo padrão. Esta semelhança sugere que as populações manejadas se encontram em um estágio incipiente de domesticação, de acordo com o gradiente proposto por CLEMENT (1999). Entretanto, não se descarta a hipótese de que estejam ocorrendo mudanças recentes na composição genética entre áreas manejadas e sob regeneração espontânea.

Os resultados obtidos indicam que existe atualmente manutenção do dinamismo genético entre as populações de bracinga estudadas e que a tendência à estruturação genética, coerente com um processo de domesticação da espécie, torna-se mais lenta, em função do fluxo gênico existente. Assim, de acordo com os resultados, as populações

estudadas, tanto nos assentamentos, quanto na E.E.Epagri, podem ser complementares do ponto de vista genético. Isto implica na necessidade de conservação de áreas com diferentes graus de domesticação da paisagem como forma de garantia dos processos ligados à geração de diversidade, os quais deveriam ser baseados não apenas em estágios sucessionais, mas no dinamismo da metapopulação.

As populações de *M. scabrella* manejadas em uma paisagem favorecida para sua ocorrência nos assentamentos rurais estudados apresentaram alto potencial de manutenção da diversidade da espécie, o que é um resultado positivo para a conservação deste recurso genético. Entretanto, estudos futuros são necessários para melhor entendimento da geração de diversidade ao longo do tempo dentro de cada bracatingal. Neste sentido, é importante a análise da estruturação genética espacial e do estudo da diversidade genética acumulada no banco de sementes em relação ao que regenera efetivamente em área onde a espécie não é manejada.

O processo de manejo e suas conseqüências genéticas e ecológicas são passíveis de transformação ao longo do tempo, mas como afirma OSTROM (1990), a dinâmica das populações de organismos exige monitoramento e as políticas devem acompanhar as mudanças e graus de intervenção no tempo, sem rigidez e imediatismo. Para tanto, é fundamental, que as políticas ambientais reconheçam a existência de comunidades florestais que contenham bracatinga sob regeneração espontânea, mas também de paisagens manejadas com favorecimento de bracatingais. Por outro lado, a ilegalidade deste sistema produtivo, favorecerá o aumento de área com substituição por cultivos exóticos na região, diminuindo ainda mais, a possibilidade de conservação de fragmentos com espécies nativas da Floresta Ombrófila Mista (STEENBOCK, 2009). Também como afirma MICHON (2005), este acompanhamento é ainda mais essencial quando o manejo representa uma forma de frear a expansão de atividades intensivas e ainda se já estiver inserido na cultura local, como é o caso dos bracatingais estudados, o que abre perspectiva para fortalecimento das próprias pessoas do local e de formas alternativas de uso da terra.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADIN, A.; WEBER, J.C.; SOTELO MONTES, C.; VIDAUREE, H.; VOSMAN, B.; SMULDERS, M.J.M. 2004. Genetic differentiation and trade among populations of peach palm (*Bactris gasipaes* Kunth) in the Peruvian Amazon - implications for genetic management. **Theoretical and Applied Genetics**. 108: 1564-1573

ALEXIADES, M.N. Collecting ethnobotanical data: an introduction to basic concepts and techniques. In: **Selected guidelines for ethnobotanical research: a field manual**. Miguel N. Alexiades (ed.) pp.53-94.

ALFENAS, A.C. 1998. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos**. Viçosa: UFV. 547p.

ALVAREZ-BUYLLA, E.R.; GARCÍA-BARROS R.; LARA-MORENO C.; MARTÍNEZ-RAMOS M. 1997. Demographic and genetic models in conservation biology: applications and perspectives for tropical rain forest tree species. **Annual Review of Ecology and Systematics**, 27: 387-421.

ALVES, A.G.C. & ALBUQUERQUE, U.P. 2005. Exorcizando termos em etnobiologia e etnoecologia. In: Alves, A.G.C., Albuquerque, U.P. & Lucena, R.F.P. (Org.). **Atualidades em Etnobiologia e Etnoecologia**. Recife: Sociedade Brasileira de Etnobiologia e Etnoecologia p. 11-22.

ANTWEILER, C. 1998. Local knowledge and local knowing: an anthropological analysis of contested 'cultural products' in the context of development. **Anthropos**. 93: 469-494.

ATTA-KRAH, K.; KINDT, R., J.N. SKILTON, J.N.; AMARAL, W. 2004. Managing biological and genetic diversity in tropical agroforestry. **Agroforestry Systems**. 61: 183-194, 2004.

BAGGIO, A. J. 1994. 242 p. **Estudo sobre el agroflorestral tradicional de la bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.) en Brasil: productividad, manejo de residuos y elaboración de compost**. Tese Doutorado. Universidad Politécnica de Madrid. Madrid

BAGGIO, A.J.; CARPANEZZI, A.P.; GRAÇA, L.R.; CECCON, E. 1986. sistema agroflorestral tradicional da bracatinga com culturas agrícolas anuais. **Boletim de Pesquisa Florestal**. 12: 73-82. Colombo: Embrapa.

BALÉE, W. 1992. People of the fallow: a historical ecology of foraging in lowland South America. In: Redford, K.H. & Padoch, C. (eds). **Conservation of Neotropical Forests**. New York: Columbia University Press. p. 35-57.

BALÉE, W. 1998. Historical Ecology: Premises and Postulates. In: Balée, W. (ed.). **Advances in Historical Ecology**. New York: Columbia University Press. p.13-29.

BALÉE, W. & ERICKSON, C.L. 2006. The perspective of historical ecology. In: Balée, W.; Erickson, C.L. (eds.). **Time, complexity and historical ecology: Studies in the Neotropical lowlands**. New York: Columbia University Press. p.1-12.

BARNEBY, R. C. 1991. Sensitive censitae: a description of the genus *Mimosa* Linnaeus (Mimosaceae) in the New World. **Memoirs of the New York Botanical Garden**, 65:1-835.

BARREIRA, S.; SEBBENN, A. M.; SCOLFORO, J.R.S.; KAGEYAMA, P.Y. 2006. Diversidade genética e sistema de reprodução em população nativa de *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish sob exploração. **Scientia Forestalis**. 71: 119-130.

BERKES, F.; COLDING, J.; FOLKE, C. 2000. Rediscovery of traditional ecological knowledge as adaptative management. **Ecological Applications**. 10(5): 1251-1262.

BIANCHETTI, A. 1981. Métodos para superar a dormência de sementes de bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.). **Circular Técnica**. 4. Curitiba: Embrapa, 18p

BRASIL. 2008. Decreto Nº 5560, de 21 de novembro de 2008. Regulamenta dispositivo da Lei Nº 11.428, de 22 de dezembro de 2006, que dispõe sobre a utilização e proteção da vegetação nativa do Bioma Mata Atlântica. **Diário Oficial da União**.

BURKART, A. 1979. **Leguminosas mimosóideas**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues. 299p.

CALDATO, S.L.; FLOSS, P.A.; CROCE, da D.M.; LONGHI, S. J. 1996. Estudo da regeneração natural, banco de sementes e chuva de sementes na Reserva Genética Florestal de Caçador (SC). **Ciência Florestal**. 6 (1): 27-38.

CARNEIRO, F.; SEBBENN, A.M.; KANASHIRO, M.; DEGEN, B. 2007. Low inter-annual variation of mating systems and gene flow of *Symphonia globulifera* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**. 39: 628-636.

CARPANEZZI, A.A. 1994. **Produtividades florestal e agrícola em sistemas de cultivo de bracatinga em Bocaiva do Sul, região metropolitana de Curitiba – Paraná** Dissertação. Mestrado. ESALQ/Universidade de São Paulo.Piracicaba.

CARPANEZZI, A.A.; LAURENT, J.M. E.; CARVALHO, P. E. R.; PEGORARO, A.; BAGGIO, A.J.; ZANON, A.; OLIVEIRA, E. B.; IEDE, E. T.; ROTTA, E.; STURION, J.A.; PEREIRA, J. C. D.; GRAÇA, L. R.; RAUEN, M. J.; CARPANEZZI, O. T. B.; OLIVEIRA, Y. M. M. 1988. 70 p. **Manual técnico da bracatinga** (*Mimosa scabrella* Bentham). Colombo, Embrapa.

CARPANEZZI, A.A.; BAGGIO, A.J.; PAGANO, S.N. 1997. Banco de sementes de bracatinga em povoamentos do sistema agroflorestal tradicional de cultivo. **Boletim de Pesquisa Florestal** 35:3-19. Colombo: Embrapa.

CAVERS, S.; NAVARRO, C.; HOPKINS, P.; ENNOS, R.A.; LOWE, A.J. 2005. Regional and population-scale influences on genetic diversity partitioning within Costa Rican populations of the pioneer tree *Vochysia ferruginea* Mart. **Silvae Genética**.54(6): 258-264.

CHARLESWORTH, D. & CHARLESWORTH, B. 1987. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. **Annual Review of Ecology and Systematics**.18: 237-268

CLARKE, K. R. e WARWICK, R. M. 2001. **Change in marine communities: an approach to statistical analysis and interpretation**. 2 ed. Plymouth, UK: PRIMER-E.

CLEMENT, C.R. 1999. 1492 and the loss of Amazonian crop genetic resources. I. the relation between domestication and human population decline. **Economic Botany**. 53(2): 188-202.

CLEMENT, C.R.; ROCHA, S. F. R.; COLE, D.M.; VIVAN, J.L. 2007. Conservação on farm. In: Nass, Luciano L. (ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. p. 511-544.

CLEMENT, C.R.; BALDAUF, C.; MOREIRA, P.A.; STEENBOCK, W.; VIVAN, J.L. 2009a. As domesticações: interações entre pessoas, paisagens e plantas. In: Clement, C.R. (org.) **Origem e domesticação das plantas cultivadas**. Florianópolis: INPA/UFSC. No prelo.

CLEMENT, C.R.; KLÜPPEL, M.P.; GERMAN, L.A.; ALMEIDA, S.S.; MAJOR, J.; ARAGÃO, L.E.O.E.C.; GUIX, J.C.; LLERAS, E.; WINKLERPRINS, A.M.G.A.; HECHT, S.B.; MCCANN, J.M. 2009b. Diversidade vegetal em solos antrópicos da Amazônia. In: Teixeira, W.G.; Madari, B.E.; Benites, V.M.; Kern, D.C.; Hedinaldo, N. ; Woods, W. (org..).

**As Terras Pretas de Índio – sua caracterização e uso deste conhecimento na criação de novas áreas.** Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental p. 147-161.

COATES, D. J., TISCHLER, G., McCOMB, J.A. 2006. Genetic variation and the mating system in the rare *Acacia sciphanes* compared with its common sister species *Acacia anfractuosa* (Mimosaceae). **Conservation Genetics**. 7: 931-944

COLE, D.M.; WHITE, T.L.; NAIR, P.K.R. 2007. Maintaining genetic resources of peach palm (*Bactris gasipaes* Kunth): The role of seed migration and swidden-fallow management in northeastern Peru. **Genetic Resources and Crop Evolution**. 54:189-204. CONAMA. 2002. Dispõe sobre o manejo sustentável da bracatinga (*Mimosa scabrella*) no Estado de Santa Catarina. Resolução n.310, de 6 de julho de 2002. **Diário Oficial da União**.

CONTE, R.; NODARI, R.O.; VENCOVSKY, R.; REIS, M.S. 2003. Genetic diversity and recruitment of the tropical palm, *Euterpe edulis* Mart., in a natural population from the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity**. 91: 401-406.

DYER, G.A.; TAYLOR, J.E. 2008. A crop population perspective on maize seed systems in Mexico. **Pnas**. 105 (2):470-475.

FOWLER, J.A.P. 2008. 80f. **Diversidade genética por marcador RAPD em populações naturais de *Piptocarpha angustifolia* Dusén ex Malme**. Tese (Doutorado). Pós Graduação em Produção Vegetal, Universidade Federal do Paraná. Curitiba.

GILES, B. E. & GOUDET, J. 1997. A case study of genetic structure in a plant metapopulation. In: Hanski, I.A. & Gilpin, M. E. (eds.). **Metapopulation biology: ecology, genetics and evolution**. San Diego: Academic Press p. 429-454..

GOUDET, J. 2002. **A program for Windows (95 and above) to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3)**. Disponível em: <<http://unil.ch/izea/software/fstat.html>> Acesso em: 3 de março de 2009.

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

HAMRICK, J.L. & GODT, M.J.W. 1990. Allozyme diversity in plant species. In: Brown, A.D.H., Clegg, M.T.; Kahler, A.L. Weir, B.S. (eds). **Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources**. Sunderland: Sinauer.p.43-63.

HANSKI, I. & SIMBERLOFF, D. 1997. The metapopulation approach, its history, conceptual domain and application to conservation. In: Hanski, I.A. & Gilpin, M. E. (eds.). **Metapopulation biology: ecology, genetics and evolution**. San Diego: Academic Press. p. 5-26.

HARLAN, J.R. 1992. **Crops and Man**. 2 ed. Madison: American Society of Agronomy. Crop Science Society of America. 295p.

HARTER-MARQUES, B.; ENGELS, W. 2003. A produção de sementes de *Mimosa scabrella* (Mimosaceae) no planalto das araucárias, RS, Brasil, depende da polinização por abelhas sem ferrão. **Biociências**. 11 (1): 9-16.

HECKENBERGER, M.J.; RUSSEL, J.C.; TONEY, J. R.; SCHMIDT, M. J. 2007. The legacy of cultural landscapes in the Brazilian Amazon: implications for biodiversity. **Philosophical Transactions of the Royal Society**. (362): 197-208.

HOLDEREGGER, R.; WAGNER, H.H. 2006. A brief guide to landscape genetics. **Landscape Ecology**. 21:793-796

HOLLINGSWORTH, P.M.; DAWSON, I.K.; GOODALL-COPESTAKE, W.P.; RICHARDSON, J.E.; WEBER, J.C.; SOTELO MONTES, C.; PENNINGTON, R.T. 2005. Do farmers reduce genetic diversity when they domesticate tropical trees? A case study from Amazonia. **Molecular Ecology**. 14:497-501.

HUSBAND, B.C.; SCHEMSKE, D.W. 1996. Evolution of the magnitude and timing of inbreeding depression in plants. **Evolution**. 50 (1): 54-70.

JAMNADASS, R.; LOWE, A.; DAWSON, I.K. 2009. Molecular Markers and the Management of Tropical Fruits: the case of indigenous fruits. **Tropical Plant Biology**. Disponível em publish on line.

JARVIS, D. & HODGKIN, T. 2000. Farmer decision making and genetic diversity: linking multidisciplinary research to implementation on-farm In: Brush SB (ed). **Genes in the field: On-farm conservation of crop diversity**. Roma: IPGRI; Ottawa: IDRC; Boca Raton: Lewis, p.261-279.

JONES, F.A. & HUBBELL, S.P. 2006. Demographic spatial genetic structure of the Neotropical tree, *Jacaranda copaia*. **Molecular Ecology**. 15: 3205-3217

KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M.; RIBAS, L.A.; GANDARA, F.B.; CASTELLEN, M.; VENCOSKY, R. 2003. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis**. 64:93-107.

KELLY, B.A.; HARDY, O.J.; BOUVET, J.M. 2004. Temporal and spatial genetic structure in *Vitellaria paradoxa* (shea tree) in an agroforestry system in southern Mali. **Molecular Ecology**. 13: 1231-1240.

KIMURA, M. 1976. Population genetics and molecular evolution. **The Johns Hopkins Medical Journal**. 138: 253-261.

KURASZ, G.; OLIVEIRA, Y.E.M.M.; ROSOT, N.C.; ROSOT, M.A.D. 2005. Diagnóstico da situação do entorno da Reserva Florestal Embrapa/Epagri de Caçador usando imagem de alta resolução Ikonos. In: XII Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto. **Anais**. Goiânia: INPE, p. 1585-1592.

LEACH, H.M. 1997. The terminology of agricultural origins and food production systems – A horticultural perspective. **Antiquity**. 71(271):135-148.

LEDIG, F.T. 1986. Heterozygosity, heterosis and fitness in outbreeding plants. In: Soulé, M.E. (ed.) **Conservation Biology – The Science of Scarcity and Diversity**. Sunderland: Sinauer, 571p.

LEGENDRE, P. & LEGENDRE, L. 1998. **Numerical ecology**. Elsevier. Amsterdam. 853p.

LEWIS, P. O. e ZAYKIN, D. 2002. **Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. version 1.1**. Disponível em <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>.> Acesso em: 3 de março de 2009.

LINS NETO, E.M.F. 2008. **Usos tradicionais e manejo incipiente de *Spondias tuberosa* Arruda no semi árido do nordeste do Brasil**. Dissertação. Mestrado. Pós Graduação em Botânica. UFRPE. Recife.

LOUETTE, D. 2000. Traditional management of seed and genetic diversity: what is a landrace? In: Brush SB (ed). **Genes in the field: On-farm conservation of crop diversity**. Roma: IPGRI; Ottawa: IDRC; Boca Raton: Lewis, p.109–142.

LOVELESS, M.D.& HAMRICK. J.L. 1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**. 15:65-95

LOWE A.J.; BOSCHER, D.; WARD, M.; BACLES, C.F.E.; NAVARRO, C. 2005. Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. **Heredity**. 95: 255–273.

MACHADO, S.A.; TONON, A.E.N.; FILHO, A.F.; OLIVEIRA, E.B. 2002. Comportamento da mortalidade natural em bracatingais nativos em diferentes densidades iniciais e classes de sítio. **Ciência Florestal**. 12 (2): 41-50.

MANEL, S.; SCHWARTZ, M.K.; LUIKART, G.; TABERLET, P. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. **Trends in Ecology and Evolution**. 18 (4):189-197.

MANTEL N. & VALAND R.S. 1970. A technique of nonparametric multivariate analysis. **Biometrics**. 26 : 547-558.

MANTOVANI, A.; MORELATTO, L.P.C., REIS, M.S. 2006. Internal genetic structure and outcrossing rate in a natural population of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze. **Journal of Heredity**. 97(5):466-472.

MARIOT, A., Di STASI, L.C., REIS, M.S. 2002. Genetic diversity in natural populations of *Piper cernuum*. **The Journal of Heredity**. V. 93(5):365-369.

MARTINS, M. 2005. 87f. **Interação entre *Tachardiella* sp (Homoptera) e *Mimosa scabrella* Benth. (Leguminosae) e a produção de mel de melato por *Apis mellifera* L. (Hymenoptera)**. Dissertação (Mestrado). Pós graduação em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis.

MARTINS, P.S. 1987. Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação "in situ". **Ipef**. 35:71-78.

MARTINS, P.S. 1995. Dinâmica evolutiva em roças de caboclos amazônicos. **Estudos Avançados**. 19 (53):209-220.

McCUE, K. A.; HOLTSFORD, T.P. 1998. Seed bank influences on genetic diversity in the rare annual *Clarkia springvillensis* (Onagraceae). **American Journal of Botany**. 85: 30–36.

MICHON, G. 2005. **Domesticating forests: how farmers manage forest resources**. 1ed. Indonesia: Subur Printing, Indonesia.177p.

MILLER, A. & SCHAAL, B. 2005. **Domestication of Mesoamerican cultivated fruit tree, *Spondias purpurea***. PNAS. 102 (36): 12801-12806

MORAES, P. L. R. e MONTEIRO, R. 2002. Taxas de cruzamento em uma população natural de *Cryptocarya moschata* Nees (Lauraceae). **Biota Neotropica**. 2(2): 1-10

MORRIS, A.B.; BAUCOM, R.S.; CRUZAN, M.B. 2002. Stratified analysis of the soil seed bank in the cedar glade endemic *Astragalus bibullatus*: evidence for historical changes in genetic structure. **American Journal of Botany**.89(1): 29–36.

NEI, M. 1977. F-Statistic and analysis of gene diversity in subdivided populations. **Annual Humans Genetics** 41: 225-233.

OLMOS, F.; ALBUQUERQUE, J.L.B.; GALETTI, M.; MILANO, M.S.; CÂMARA, I.G.; COIMBRA-FILHO, A.F.; PACHECO, J.F.; BAUER, C.; PENA, C.G.; FREITAS, T.R.O.; PIZO, M.A.; ALEIXO, A. 2002. Correção política e biodiversidade: a crescente ameaça das “populações tradicionais” à Mata Atlântica. In: **Ornitologia e Conservação – da ciência às estratégias**. Sociedade Brasileira de Ornitologia, Conservation International do Brasil, CNPq. pp. 279- 312.

OSTROM, E. 1990. **Governing the commons – The evolution of institutions for collective actions**. Cambridge: Cambridge University Press.

OTERO-ARNAIZ, A.; CASAS, A.; HAMRICK, J.L.; CRUSE-SANDERS, J. 2005. Genetic Variation and evolution of *Polaskia chichipe* (Cactaceae) under domestication in the Tehuacán Valley, central Mexico. **Molecular Ecology**. V. 14: 1603-1611.

PERONI, N. 2007. Manejo e domesticação de mandioca por caiçaras da Mata Atlântica e ribeirinhos da Amazônia. In: Boef, W.S. de; Thijssen, M.H.; Ogliari, J.B.; Sthapit, B.R. (Org.). **Biodiversidade e agricultores – fortalecendo o manejo comunitário**. Porto Alegre: Ed. L & PM, pp. 234- 242.

PERONI, N. & MARTINS, P.S. 2000. Influência da dinâmica agrícola itinerante na geração de diversidade de etnovarietades cultivadas vegetativamente. **Interciência**. 25 (1):22-29

PETIT, J.R. & HAMPE, A. 2006. Some evolutionary consequences of being a tree. **Annual Review of Ecology and Evolutionary Systematics**. 37:187–214

PIRANI, J. R.; CORTOPASSI-LAURINO, M. 1993. **Flores e abelhas em São Paulo**. São Paulo: EDUSP/FAPESP, 192 p.

PHILLIPS, O.L. 1996. Some quantitative methods for analyzing ethnobotanical knowledge. In: **Selected guidelines for ethnobotanical research: a field manual**. Miguel N. Alexiades (ed.) pp.171-197.

REIS, M. S. 1996. Dinâmica da movimentação dos alelos: subsídios para conservação e manejo de populações naturais em plantas. **Revista Brasileira de Genética**. (19) 4: 37-47.

RIBAS, L.A & KAGEYAMA, P.Y. 2006 Sistema de cruzamento de *Trema micrantha* (L.)B. em fragmentos florestais. **Scientia Forestalis**. 72: 29-37.

RIBEIRO, R.A. & LOVATO, M.B. 2004. Mating system in a neotropical tree species, *Senna multijuga* (Fabaceae) **Genetics and Molecular Biology**. 27 (3): 418-424

RITLAND, K. 1989. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution** 43: 848-859.

RITLAND, K. 2004. MLTR - MULTILOCUS MATING SYSTEM PROGRAM. Version 3.0. Disponível em < <http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs>> Acesso em 3 de março de 2009.

RITLAND, K. & JAIN, S. 1981. A model for estimation of outcrossing rate and gene frequencies using n independent loci. **Heredity** 47(1): 35-52.

RODRIGUES, D.P; ASTOLFI FILHO, S.; CLEMENT, C.R. 2004. Molecular marker-mediated validation of morphologically defined landraces of pejibaye (*Bactris gasipaes*) and their phylogenetic relationships. **Genetic Resources and Crop Evolution** 51:871-882.

SANTOS, K.L. 2009. **Diversidade cultural, genética e fenotípica da goiabeira-serrana (*Acca sellowiana*): implicações para a domesticação da espécie**. Tese. Doutorado. Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. UFSC. Florianópolis.

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

SEBBENN, A.M.; SEOANE, C.E.S.; KAGEYAMA, P.Y.; VENKOVSKY, R. 2000. Efeitos do manejo na estrutura genética de populações de caixeta (*Tabebuia cassinoides*). **Scientia Forestalis** (58): 127-143.

SEBBENN, A.M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V.C.R.; SILVA, M.B., LACERDA A.E.B.; CIAMPI A.Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F.S.; THOMPSON, I.; LOVELESS, M.D. 2008. Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest. **Forest Ecology and Management**. 254: 335-349.

SIMÓ, D.H. & HORN FILHO, N.O. 2004. Caracterização e distribuição espacial das “ressacas” e áreas de risco na Ilha de Santa Catarina, SC, Brasil. **Gravel**. 2: 93-103.

SIMONS, A.J. & LEAKEY, R.R.B. 2004. Tree domestication in tropical agroforestry. **Agroforestry Systems**. 61: 167-181.

SLATKIN, M. & MARUYAMA, T. 1975. The influence of gene flow on genetic distance. **The American Naturalist**. 109 (969): 597-601

SOBIERAJSKI, G.R. 2004. 143f. **Estrutura genética em populações de bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.) por marcador isoenzimático e caracteres quantitativos**. Dissertação (Mestrado). Pós graduação em Recursos Florestais (Conservação de Recursos Florestais). ESALQ. Piracicaba.

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

STEENBOCK, W. 2009. **Potencialidade do manejo dos bracatingais como estratégia para a conservação de remanescentes da Floresta Ombrófila Mista**. Tese (Doutorado). Pós graduação em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis.

TICKTIN, T. 2004. The ecological implications of harvesting non-timber forest products. **Journal of Applied Ecology**. 41:11-21.

TONGCO, M. D. C. 2007. Purposive Sampling as a Tool for Informant Selection. **Ethnobotany Research & Applications**. 5:147-158

TORGGLER, M.G.F.1995.**Variabilidade Genética em Plantas**. Série monografias. n.1. Isoenzimas. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética.

VPC Tecnologia Ambiental e Urbanismo Ltda & Instituto Nacional de Colonização e Reforma agrária (INCRA) 2006. **Projeto básico para o licenciamento ambiental dos assentamentos de reforma agrária de Santa Catarina**. Curitiba: VPC/INCRA. 341p.

ZÁRATE, S.; PEREZ-NASSER, N.; CASAS, A. 2005. Genetics of wild and managed populations of *Leucaena esculenta* subsp. *esculenta* (Fabaceae; Mimosoideae) in La Montaña of Guerrero, México. **Genetic Resources and Crop Evolution**. 52: 941–957.

ZEDER, M. 2006. Central questions on the domestication of plants and animals. **Evolutionary Anthropology**. 15:105-117.

ZIMMERER, K.S. & DOUCHES, D.S. 1991. Geographical approaches to crop approaches to crop conservation: the partitioning of genetic diversity in Andean potatoes. **Economic Botany**. 45(2):176-189.

YOUNG, A. G., MERRIAM, H.G.; WARWICK, S.I. 1993. The effects of forest fragmentation on genetic variation in *Acer saccharum* Marsh. (sugar maple) populations. **Heredity**. 71: 277–289.

WARD, M.; DICK, C.W.; GRIBEL, R.; LOWE, A.J. 2005. To self or not to self. A review of outcrossing and pollen-mediated gene flow in neotropical trees. **Heredity**. 95: 246–254.

WEIR, B. S. & COCKERHAM, C. C. 1984. Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. **Evolution** 38: 1358-1370.

WORKMAN, P. L.; NISWANDER, J. D. 1970. Population studies on southwestern Indian tribes. II. Local genetic differentiation in the Papago. **American Journal of Human Genetics** 22: 24-49.

ANEXO 1. Roteiro de entrevista usado neste trabalho.

NOME:

COMUNIDADE: \_\_\_\_\_ DATA: \_\_\_\_\_ Coordenadas UTM:

#### 1. DADOS DO AGRICULTOR

- Origem
- Desde quando vive nesta região?
- O que usa do bracatingal?

#### 2. MANEJO DA PAISAGEM

- O que havia antes? Quais plantas?
- Esta área já foi queimada mais de uma vez, além deste fogo mais recente feito pelo senhor?
- Quantas vezes? Por quê?

#### 3. MANEJO DO DESBASTE

- Por que faz desbastes? Ou por que não faz?
- Que tipo de árvore preferiu para cortar?
- Qual a idade do bracatingal quando começou a fazer os desbastes?
- Qual época do ano fez os desbastes?
- Tem uma frequência certa?

#### 4. HISTÓRIA NATURAL DE BRACATINGA

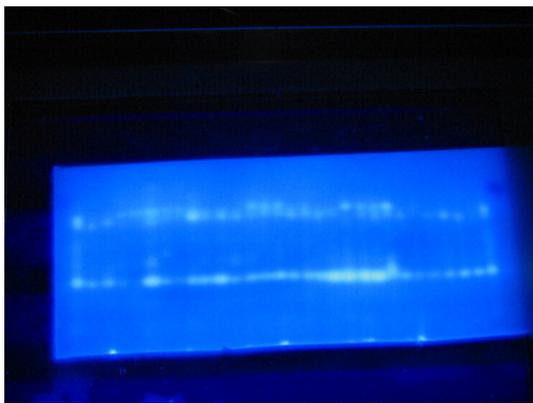
##### 4.1 Tipos

- Existem tipos de bracatinga? (forma da copa (C); ramificação (R); altura (A); DAP; dureza (D); casca preta com cochonilhas (CO); época floração (F); etc.)
- Tem utilidade diferente?
- Prefere algum tipo?
- Tipos ocorrem misturados?
- Algum bracatingal possui mais de algum tipo?

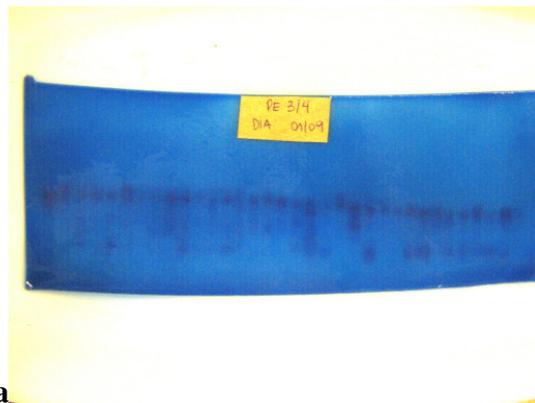
## 4.2 Interações bióticas

- Quando a bracatinga fica preta?
- Por que fica preta?
- O bracatingal velho produz mesma coisa de sementes que o novo?
- Tem mudado (diminuído ou aumentado) a florada e as sementes?
- A florada tem vindo “parelho” (ao mesmo tempo) neste bracatingal?
- De onde vem as sementes? Tem semente que vem de fora (vento, bichos)?
- Já viu ninhos de abelhas nos bracatingais? Quais?

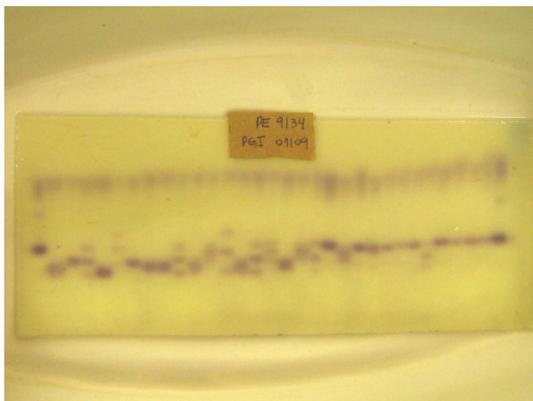
ANEXO 2. Amostras de géis de *M. scabrella* avaliados neste trabalho. (a=FES; b=DIA; c=PGI; d=IDH; e=PGM.) NPFT, RGV/ UFSC. Florianópolis. 2009.



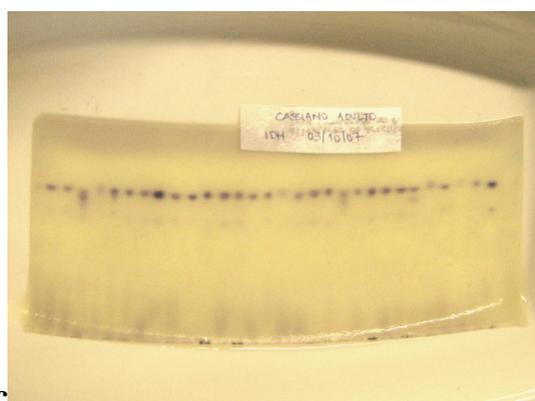
a



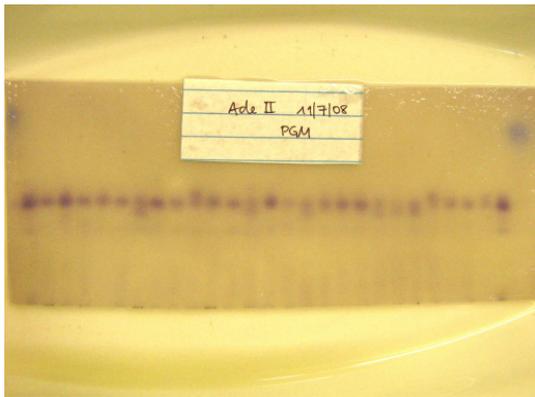
b



c

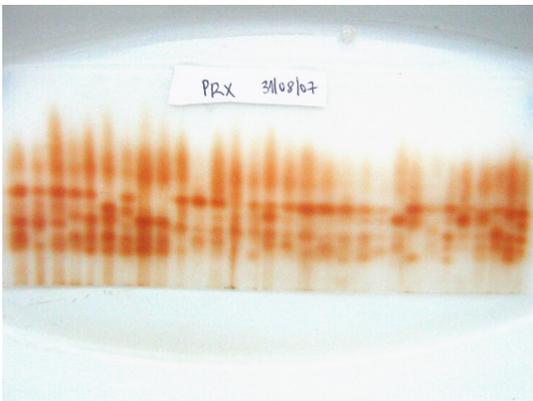


d

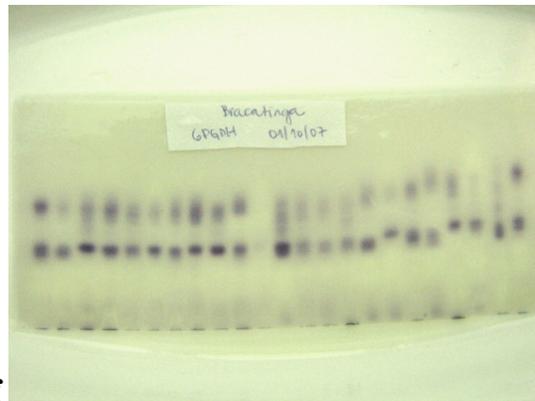


e

ANEXO 3. Amostras de géis de *M. scabrella* avaliados neste trabalho. (f=PRX; g=6PGDH; h= $\beta$ -EST; i=SKDH.) NPFT, RGV/ UFSC. Florianópolis. 2009



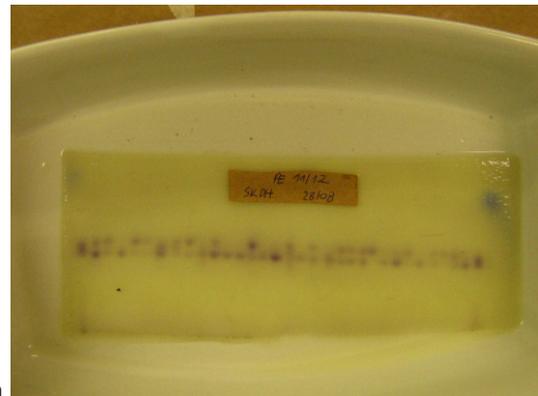
f



g



h



i