

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CAMPUS SOROCABA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PLANEJAMENTO E USO DOS
RECURSOS RENOVÁVEIS

APARECIDA JULIANA MARTINS CORRÊA

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Virola surinamensis*
(ROL. EX ROTTB.) WARB. (MYRISTICACEAE): UMA ESPÉCIE
AMEAÇADA DA AMAZÔNIA**

Sorocaba
2016

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CAMPUS SOROCABA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PLANEJAMENTO E USO DOS
RECURSOS RENOVÁVEIS

APARECIDA JULIANA MARTINS CORRÊA

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Virola surinamensis*
(ROL. EX ROTTB.) WARB. (MYRISTICACEAE): UMA ESPÉCIE
AMEAÇADA DA AMAZÔNIA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Planejamento e Uso dos Recursos Renováveis, para obtenção do título de mestre em Ciências Ambientais

Orientação: Prof^ª. Dr^ª. Fatima C. M. Piña-Rodrigues

Co-orientação: Prof. Dr. Evandro V. Tambarussi

Sorocaba
2016

Corrêa, Aparecida Juliana Martins

Variabilidade genética em populações de *Virola surinamensis* (Rol. ex Rottb.) Warb. (Myristicaceae): uma espécie ameaçada da Amazônia / Aparecida Juliana Martins Corrêa. -- 2016.

57 f. : 30 cm.

Dissertação (mestrado)-Universidade Federal de São Carlos, campus Sorocaba, Sorocaba

Orientador: Fatima Conceição Márquez Piña-Rodrigues, Evandro Vagner Tambarussi

Banca examinadora: Fernando Ângelo Piotto, Karina Martins, Fatima Conceição Márquez Piña-Rodrigues, Evandro Vagner Tambarussi

Bibliografia

1. coancestria. 2. microssatélites. 3. produtos florestais não madeireiros. I. Orientador. II. Universidade Federal de São Carlos. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada pelo Programa de Geração Automática da Secretaria Geral de Informática (SIn).

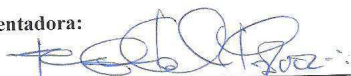
DADOS FORNECIDOS PELO(A) AUTOR(A)

APARECIDA JULIANA MARTINS CORRÊA

VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Virola*
surinamensis (Rol. ex. Rottb.) Warb (Myristicaceae): UMA
ESPÉCIE AMEAÇADA DA AMAZÔNIA.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação para obtenção do título de
mestre em Planejamento e Uso de Recursos Renováveis.
Universidade Federal de São Carlos.
Sorocaba, 21 de março de 2016.

Orientadora:



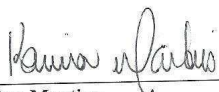
Prof. Dra. Fátima Conceição Marquez Piña-Rodrigues
Universidade Federal de São Carlos – UFSCar *Campus* Sorocaba

Co-orientador:



Dr. Evandro Vagner Tambarussi

Examinadores:



Prof. Dra. Karina Martins
Universidade Federal de São Carlos – UFSCar *Campus* Sorocaba



Dr. Fernando Angelo Piotto
Universidade de São Paulo – USP/ESALQ

DEDICATÓRIA

Dedico aos meus pais, João e Aparecida.

*E dedico também a todos que já sabiam e/ou descobriram recentemente
o valor de se manter a floresta em pé.*

AGRADECIMENTOS

A Prof^a. Fatima, pelos conselhos, pelas discussões, pela confiança depositada e pelas oportunidades que este projeto me deu;

Ao Prof. Evandro, pelas discussões, insistências, conselhos e pela paciência;

A Prof^a. Karina, pelo empenho em me treinar tão rapidamente para as atividades laboratoriais;

Aos Professores, Dr. Roland Vencovsky e Dr. Alexandre Magno Sebbenn pelas discussões das análises genéticas;

Ao Ivonir e ao Barto, pela paciência em campo e no laboratório também;

Aos amigos da pós-graduação, Thaís e Gustavo, pelos dias e noites de estudo, de brigas, de puxões de orelhas, de conselhos e bate-papos dentro e fora da UFSCar;

Ao Renato, técnico do laboratório de Genética Didática, pela força nos momentos de “desespero” durante os experimentos;

Aos alunos do curso de Engenharia Florestal, das turmas de 2013 e 2014, pelo carinho e pelo apoio durante os estudos;

Agradeço à Carolina Iatesta Domenico, pelo apoio logístico no projeto;

Agradeço à Natura, pelo apoio financeiro do projeto;

A CAPES e ao Programa de Pós-Graduação em Planejamento e Uso dos Recursos Naturais pela bolsa recebida e apoio.

RESUMO

CORRÊA, Aparecida Juliana Martins. Variabilidade genética em populações de *Virola surinamensis*: uma espécie ameaçada da Amazônia. 2016. 57f.. Dissertação (Mestrado em Planejamento e Uso dos Recursos Renováveis) – Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, 2015.

Virola surinamensis (Rol. ex Rottb.) Warb. é uma espécie dioica e ameaçada de extinção, dado o seu alto valor comercial. O objetivo deste trabalho foi determinar se as consequências da atividade exploratória podem ter acarretado em perdas de diversidade genética nas populações estudadas na Amazônia paraense. Foram feitas amostragens para os indivíduos adultos em quatro localidades, avaliando-se a estrutura genética, com 136 indivíduos, em nove populações; e a estrutura da população por meio de inventário, em 12 populações. Foi realizada a genotipagem para oito locos microssatélites para a avaliação da diversidade e estrutura genética espacial, divergência entre populações e coeficiente de coancestria. No inventário, os indivíduos foram analisados segundo a distribuição diamétrica, de altura e espacial para avaliar a intensidade exploratória. Os resultados genéticos apontaram que as nove populações foram polimórficas para os locos utilizados, no entanto, com excesso de homozigotos, com alta heterozigosidade esperada (0,896) e baixa heterozigosidade observada (0,374). A diversidade genética está contida muito mais dentro (0,918) do que entre (0,017) as populações. A estrutura genética espacial intrapopulacional foi decorrente do cruzamento entre indivíduos aparentados, equivalente à primos de primeiro grau e meios irmãos, confirmados pela presença de poucos adultos e muitos jovens agregados entre si nas populações. No inventário, houve diferença entre as regiões estudadas quanto à distribuição diamétrica (Cametá e Cotijuba), mas não com relação à distribuição de altura; todas as populações apresentam algum grau de agregação, no entanto, as populações de Cotijuba foram altamente agregadas, segundo o índice de Green (IG = 0,7 a 0,9). Dadas as condições das populações estudadas, houve perdas de diversidade genética decorrentes da atividade extrativa em consequência da própria ecologia da espécie.

Palavras-chave: Coancestria. Microssatélites. Produtos florestais não madeireiros. Índice de fixação.

ABSTRACT

CORRÊA, Aparecida Juliana Martins. Genetic variability in populations of *Virola surinamensis*: an Amazon threatened species. 2015. 57 f..

Virola surinamensis (Rol ex Rottb.) Warb. is a dioecious and endangered species, due to its high commercial value. The aim of this study was to determine whether the consequences of exploratory activity may have led to loss of genetic diversity in studied populations in "Pará" Amazon. Samplings were made for adults in four locations, assessing the genetic structure, with 136 individuals in nine populations; and population structure through inventory in 12 populations. Genotyping was performed for eight microsatellite loci to assess diversity and spatial genetic structure, divergence between populations and coancestry coefficient. In inventory, individuals were analyzed according to diameter, height and spatial distribution to assess exploratory intensity. Genetic results showed the nine populations studied were polymorphic for all loci, however, with excess of homozygotes, high expected heterozygosity (0.896) and low observed heterozygosity (0.374). Although genetic diversity is low (0.029), it is higher within (0.918) than between (0.017) populations. The spatial genetic structure resulted from cross between related individuals, especially first cousins, confirmed by the presence of few adults and many young juveniles aggregated in populations. In inventory, there were differences between the regions studied for diameter distributions (Cametá and Cotijuba), but not in height one. All populations have some aggregation degree, however, Cotijuba's two populations were highly aggregated by Green's Index (GI=0.7 to 0.9). Given populations' studied conditions, there was loss of genetic diversity arising from exploitation and consequences from species' own ecology.

Keywords: Coancestry. Microsatellites. Non-timber forest products. Fixation index.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
1.1. A ESPÉCIE: DESCRIÇÃO BOTÂNICA, ECOLOGIA E SEU HISTÓRICO DE USO	9
1.2. CONSERVAÇÃO GENÉTICA DE ESPÉCIES FLORESTAIS	11
1.3. USO DE FERRAMENTAS GENÉTICAS NA CONSERVAÇÃO GENÉTICA.....	12
1.4. OBJETIVOS	13
2. DESCRIÇÃO DAS ÁREAS DE ESTUDO	13
3. VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE <i>VIROLA</i>	
<i>SURINAMENSIS</i> (ROL. EX ROTTB.) WARB (MYRISTICACEAE): UMA	
ESPÉCIE AMEAÇADA DA AMAZÔNIA.....	17
4. CONCLUSÕES GERAIS	49
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	51

1. INTRODUÇÃO

1.1. A espécie: descrição botânica, ecologia e seu histórico de uso

Conhecida como ucuúba ou virola, entre outros nomes, *Virola surinamensis* (Rol. ex Rottb.) Warb. é uma espécie da família Myristicaceae, podendo alcançar até 30 m de altura e cerca de 60 cm de diâmetro à altura do peito (DAP), com casca grossa, dura e fissurada, de coloração vermelho-amarronzada, dioica e polinizada por insetos pequenos em geral (JARDIM e MOTA, 2007). Com distribuição desde a Costa Rica, Panamá, Guianas, Brasil até as Antilhas (CROAT, 1978; RODRIGUES, 1980; JARDIM e MOTA, 2007), é restrita à flora neotropical, sendo o gênero mais disperso na família. No Brasil, concentra-se na parte ocidental da bacia Amazônica, abundante e característica em florestas de várzea (RODRIGUES, 1976). Naturalmente, suas populações apresentam distribuição espacial agregada, com distâncias máximas de 25 m entre indivíduos adultos, e alta densidade de plantas jovens e adultas, tanto na várzea baixa quanto na alta (PIÑA-RODRIGUES, 1999).

A reprodução ocorre com florescimento entre junho e março, com picos entre novembro e fevereiro, e frutificação entre abril e agosto (RODRIGUES, 1976; RODRIGUES, 1980; RIBAHERNÁNDEZ et al., 2014). Seu fruto é um folículo simples, carnoso, verde-amarelado externamente, com a presença de uma semente globosa e arilo avermelhado (GURGEL et al., 2006). As sementes são dispersas pela fauna e pela água, responsável por seu transporte a curtas e longas distâncias (PIÑA-RODRIGUES, 1999; GALUPPO e CARVALHO, 2001). A permanência das sementes na água dos rios favorece a manutenção da viabilidade e a germinação das sementes recalcitrantes, devido à remoção de inibidores que causam germinação lenta e irregular (PIÑA-RODRIGUES e FIGLIOLIA, 2005). Contudo, após permanecer nestas condições, a germinação ocorre em média 20 dias após a semeadura e é criptocotiledonar, epígea e de emergência reta (GURGEL et al., 2006).

As sementes, a casca dos frutos e as folhas são produtos florestais não madeireiros utilizados para a fabricação de cosméticos e produtos medicinais (MORAIS e GUTJAHR, 2009). Das sementes,

extrai-se a manteiga empregada na fabricação de diversos insumos (sabão, velas, cremes e cosméticos, produtos farmacêuticos) (RODRIGUES, 1972; GALUPPO e CARVALHO, 2001; NEVES et al., 2002; MORAIS e GUTJAHR, 2009). A torta de manteiga tem uso como alimento para o gado e adubo, devido ao seu alto teor de nitrogênio (RODRIGUES, 1972). A madeira pode ser usada na produção de compensados e já foi explorada para a fabricação de papéis *kraft* (RODRIGUES, 1976; LEITE e LLERAS, 1993; MORAIS e GUTJAHR, 2009; VAREJÃO et al., 2012). Nos anos 2000, a madeira tornou-se fonte de produção de embalagens, artigos esportivos, brinquedos, lápis, palitos, cabos de vassoura, entre outros (LEITE et al., 2006).

O auge da atividade extrativa madeireira ocorreu na década de 1990, que se seguiu à queda da coleta de sementes, na década de 1980 (PIÑA-RODRIGUES e MOTA, 2000). Devido à intensa atividade exploratória, a extração madeireira de *V. surinamensis* foi suspensa pelo Decreto nº1963, de 25 de julho de 1996 (BRASIL, 1996), mas não foi suficiente para deter a atividade extrativa ilegal (PIÑA-RODRIGUES, 1999; PIÑA-RODRIGUES e MOTA, 2000). Em função disto, a espécie se manteve na categoria “em perigo” na lista vermelha de espécies ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN, 2014). Contudo, não foi incluída na lista das espécies ameaçadas de extinção na Instrução Normativa nº 6, de 23 de setembro de 2008, mas é considerada como espécie com deficiência de dados (BRASIL, 2008). O reconhecimento da sua condição como ameaçada de extinção ocorreu com a portaria nº 443, de 17 de dezembro de 2014 (BRASIL, 2014), que atualizou a lista oficial de espécies da flora ameaçadas de extinção, enquadrando a ucuúba como “vulnerável”.

Embora os índices de desmatamento tenham diminuído para a Amazônia brasileira nos últimos anos, a exploração seletiva de espécies e de árvores maiores dificulta a avaliação via satélite, além de causar efeitos danosos ao ecossistema como um todo (ASNER et al., 2005; INPE, 2014). Para *V. surinamensis*, Piña-Rodrigues (1994) constatou que a atividade extrativa madeireira afetou a abundância e a distribuição espacial dos adultos (diâmetro comercial > 30 cm) e da regeneração natural em áreas de estuário amazônico (PIÑA-RODRIGUES, 1999). Confirmando este resultado,

Ferreira et al. (2014) observaram que diferentes intensidades de exploração resultaram em alterações na estrutura populacional das matrizes (DAC > 30cm) e de árvores jovens (DAC < 10 cm) de *V. surinamensis*, uma vez que ambas são os maiores alvos da exploração seletiva.

Apesar dos esforços para a preservação dos remanescentes, não houve proteção efetiva da espécie (SMERALDI et al., 1996), a atividade extrativa madeireira não cessou e ocorre com a retirada de indivíduos jovens, de diâmetro inferior a 10 cm, para a fabricação de escoras para a construção civil, e produção de “quadrinhos” (réguas), usadas na produção de cabos de vassoura (FRAGOSO, 2016). O cenário apresentado evidencia a vulnerabilidade da espécie aos processos exploratórios continuados e a necessidade de sua conservação.

1.2. Conservação genética de espécies florestais

Muitas espécies nativas brasileiras estão protegidas por conservação *in situ*, na qual as espécies são mantidas nos seus ambientes naturais em unidades de conservação, como reservas biológicas ou reservas naturais de patrimônio particular (PIRES et al., 2011). Por sua vez, aquelas de alto valor comercial ou ameaçadas em suas áreas de ocorrência natural podem ainda ser protegidas por meio de estratégias de conservação *ex situ*, por armazenamento de material reprodutivo, bancos genéticos, plantas vivas em arboretos e jardins botânicos (PIÑA-RODRIGUES et al., 2013).

Diferentemente da conservação *in situ*, que visa proteger as populações em suas áreas de ocorrência, a conservação genética foca nos processos entre e dentro de populações pequenas e fragmentadas e em abordagens práticas para minimizar efeitos deletérios, com fins de preservação das espécies, apesar das mudanças ambientais (FRANKHAM et al., 2002), apoiando-se na manutenção da variabilidade genética nas populações (KAGEYAMA e DIAS, 1982). A conservação genética envolve a aplicação das ferramentas da Genética Molecular e da Evolução na conservação da biodiversidade, com o intuito de responder como se comportam as populações ao longo do tempo e compreender as adaptações genéticas, minimizando os impactos ambientais (FRANKHAM, 2010).

A variabilidade genética pode ser determinada tanto pela seleção natural, quanto pela deriva genética (HEDRICK, 1999), e pode ser medida, por exemplo, por meio de dois parâmetros em uma população: a proporção de locos polimórficos, que é a proporção de locos examinados, em que mais de um alelo está presente; e a heterozigosidade esperada, que é a proporção de indivíduos heterozigotos esperados em um loco, sob as condições propostas pela lei de Hardy-Weinberg, preferida em vez da heterozigosidade observada, pois independe do sistema de cruzamento do organismo estudado (PIERCE, 2011).

Pesquisas que avaliam o efeito da atividade exploratória sobre a diversidade genética em geral comparam áreas recém-exploradas e conservadas, o que não permite prever os efeitos da exploração seletiva sobre a diversidade genética (SEBBENN et al., 2008). Raramente uma espécie consegue se recuperar após os processos extrativos; diferentes estratégias ecológicas também são responsáveis por mudanças genéticas na população, causando perda de alelos e do número efetivo de alelos na população (SEBBENN et al., 2008; MAUÉS e OLIVEIRA, 2010).

A distribuição espacial dos indivíduos pode afetar a variabilidade genética das populações. A estrutura genética espacial (EGE) é caracterizada pela presença de maior parentesco entre indivíduos espacialmente próximos e pela diminuição do parentesco entre indivíduos conforme o aumento na distância entre eles (DICK et al., 2008). Enquanto espécies autógamas com capacidade limitada de dispersão de sementes possuem alta EGE, as mistas e alógamas possuem padrões diferenciados de dispersão de pólen e sementes, limitando a formação de uma EGE em escala pequena (CAVERS et al., 2005). Contudo, nem sempre os parâmetros genéticos são tão afetados quanto os demográficos pelas atividades de exploração seletiva de espécies florestais, por isso, deve-se considerar as especificidades dos diferentes grupos ecológicos, além da avaliação do histórico de exploração das populações, buscando-se baixo impacto nas áreas naturais (VINSON et al., 2014).

1.3. Uso de ferramentas genéticas na conservação genética

O uso dos marcadores moleculares pode ser aliado às técnicas de amplificação (reação da cadeia da polimerase - PCR), permitindo a acumulação de informações sobre quaisquer genomas-alvos, pois microssatélites geralmente são codominantes e, portanto, acumulam mais informações por loco, facilitando a criação de mapas genéticos por espécie (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998; BRAMMER, 2000). Algumas aplicações consistem em seleção assistida no cruzamento de plantas e permitem a estimativa de parentesco genético e sua aplicação na conservação de germoplasma (GUPTA et al., 1996; BRAMMER, 2000). Detectam polimorfismos, permitindo que qualquer população avaliada seja considerada como referência para estudos genéticos em geral, para se obter mais informações sobre as características de interesse. Porém, o desenvolvimento prévio dos marcadores é a principal limitação ao uso dos microssatélites, exigente em questões de mão de obra, pessoal especializado e custos (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998; CAETANO, 2009).

1.4. Objetivos

O presente trabalho objetiva testar se a diversidade genética das populações remanescentes de *V. surinamensis* foram afetadas pela exploração seletiva. Nossa premissa consistiu em avaliar se o histórico exploratório das populações estudadas teve influência não apenas na redução do número de indivíduos adultos, mas também nos índices de diversidade genética e estrutura genética espacial (EGE) das populações, e se estes estão relacionados à sua distribuição agregada no campo.

2. DESCRIÇÃO DAS ÁREAS DE ESTUDO

Na região oriental foram selecionados quatro municípios da Amazônia paraense: Abaetetuba (ABA), Belém/Ilha de Cotijuba (COT), Cametá (CAM) e Igarapé-Miri (IGM), com base na sua atuação na coleta de sementes de ucuúba (Figura 1). Foram definidas, em cada local, as propriedades onde foram realizados os estudos, doravante identificadas como unidades demonstrativas (UDs).

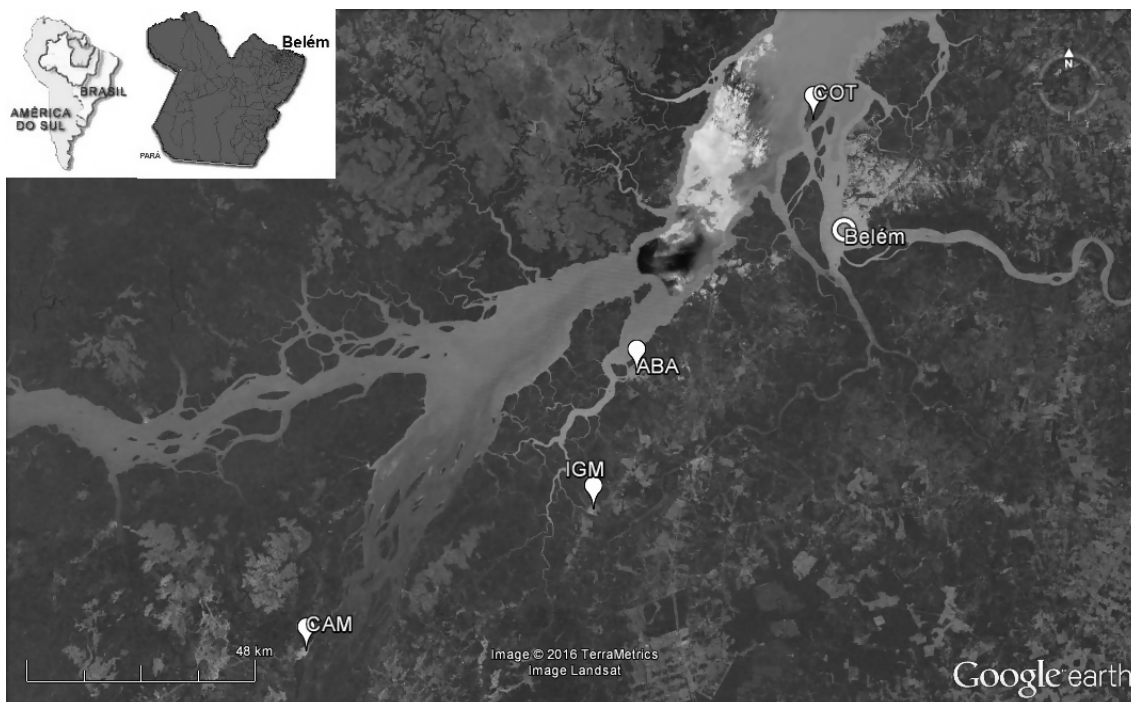


Figura 1 - Localização das zonas de estudo de *Virola surinamensis* (Rol. ex. Rottb.) Warb. (Myristicaceae) no estado do Pará: COT (Cotijuba), ABA (Abaetetuba), IGM (Igarapé-Miri), CAM (Cametá) e a capital estadual, Belém.

Segundo a classificação de Köppen (Köppen 1948), a região de estudo apresenta clima tropical úmido ou superúmido (*Af* ou *Am*), sem estação seca e precipitação de 2893 mm anuais, temperatura mínima de 23,3°C, precipitação de 89 mm no mês mais seco, com período seco de agosto a novembro (verão). No inverno (dezembro a maio), ultrapassa os 2500 mm no mês mais úmido e temperatura máxima de 33,2°C (INMET 2015). Nas áreas de estudo, predominam as várzeas amazônicas *sensu* Prance (1979). Nas várzeas de marés ou várzea baixa, ocorre inundação diária; e nas várzeas sazonais ou várzea alta, ocorre um ciclo anual de enchente e vazante, com picos de cheia entre maio e julho (verão/período seco) e de vazante entre novembro e janeiro (inverno/período úmido) (ALMEIDA et al., 2004).

Nas regiões estudadas, a extração madeireira na várzea foi uma das principais atividades produtivas, incluindo principalmente *V. surinamensis*. Cametá foi um dos pólos madeireiros de espécies de várzea (HUMMEL et al., 2010), processando toras oriundas dos municípios de Cametá e

Igarapé-Miri, enquanto o material de Abaetetuba e Cotijuba abastecia as serrarias e fábricas de compensado de Belém e entorno (F.C.M. Piña-Rodrigues, informação pessoal). Após o Decreto nº 1963/96 (BRASIL, 1996) a atividade madeireira se reduziu em todo o estuário, em especial entre 1998 e 2009 (AIMEX, 2010).

Abaetetuba e Cametá são as áreas mais densamente povoadas entre as estudadas. Abaetetuba localiza-se na porção nordeste da bacia hidrográfica Araguaia-Tocantins, na chamada “zona fisiográfica guajarina”, distante cerca de 60 km a sudoeste da cidade de Belém. Apresenta população de, aproximadamente 150 mil habitantes, distribuída em área de 1610,408 km² (IBGE, 2015) e destaca-se pela produção de açaí e outros produtos de várzea voltados para a alimentação (pescados, mariscos, açaí, pupunha, manga, bacuri e cupuaçu) (MONTEIRO et al., 2014). O município se divide em duas zonas, a insular e a de estradas (SILVA et al., 2013). A zona insular foi a selecionada para os estudos e é constituída por 72 ilhas, predominando solos de várzea ou planície de inundação e vegetação ombrófila, intercalada com palmeiras, dentre as quais destacam-se a própria ucuúba, o açaí (*Euterpe oleracea* Engel - Arecaceae), a andiroba (*Carapa guianensis* Aubl. - Meliaceae), o pracaxi (*Pentaclethra macroloba* (Willd.) Kuntze - Fabaceae) e o anani (*Symphonia globulifera* L. f. - Clusiaceae). Nas décadas de 1980 até 1990, a região foi uma das principais fornecedoras de madeira de *V. surinamensis* para a indústria de compensados, devido à facilidade de escoamento por terra e água e pela alta densidade de árvores adultas de volume comercial (DAP > 30 cm) (Takushi Sato, informação pessoal).

De forma similar a Abaetetuba, Cametá concentra-se na atividade extrativa madeireira que, além das espécies de várzea, incluiu também as de terra firme. Dentre as quatro regiões, Cametá situa-se no Baixo Tocantins e possui a maior área com 3081,367 km², formada por ilhas e áreas de terra firme (IBGE, 2015). Atualmente, as atividades que regem a economia local são a agricultura familiar, o extrativismo vegetal (açaí) e a pesca artesanal (pescado e camarão) (NASCIMENTO-OLIVEIRA et al., 2014).

Situada entre Abaetetuba e Cametá, com cerca de 60 mil habitantes e área de 2009,7 km² (IBGE, 2015), Igarapé-Miri está localizada na região do Baixo Tocantins, intensamente desmatada desde a época colonial (CORRÊA, 2010). A partir da década de 1990, as florestas nativas foram substituídas pelo monocultivo de açaí nas várzeas, tornando-se o maior exportador do fruto no cenário mundial (OLIVEIRA et al., 2007; ARAÚJO e SOUZA, 2013).

Diferente das demais regiões de estudo, Cotijuba é uma área de proteção ambiental situada próxima à Belém, possuindo apenas 60 km², com pouco mais de mil habitantes, vivendo do turismo, da pesca, da agricultura de subsistência e do extrativismo (MONTEIRO, 2012). Apesar disto, sua localização próxima a Belém facilitou a exploração de madeira de várzea, desde o período colonial.

3. VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Virola surinamensis* (ROL. EX ROTTB.) WARB (MYRISTICACEAE): UMA ESPÉCIE AMEAÇADA DA AMAZÔNIA

Resumo

Virola surinamensis (Rol. ex Rottb.) Warb. é uma espécie dioica e ameaçada de extinção, dado o seu alto valor comercial. O objetivo deste trabalho foi determinar se as consequências da atividade exploratória podem ter acarretado em perdas de diversidade genética nas populações estudadas na Amazônia paraense. Foram feitas amostragens para os indivíduos adultos em quatro localidades, avaliando-se a estrutura genética, com 136 indivíduos, em nove populações; e a estrutura da população por meio de inventário, em 12 populações. Foi realizada a genotipagem para oito locos microssatélites para a avaliação da diversidade e estrutura genética espacial, divergência entre populações e coeficiente de coancestria. No inventário, os indivíduos foram analisados segundo a distribuição diamétrica, de altura e espacial para avaliar a intensidade exploratória. Os resultados genéticos apontaram que as nove populações foram polimórficas para os locos utilizados, no entanto, com excesso de homozigotos, com alta heterozigosidade esperada (0,896) e baixa heterozigosidade observada (0,374). A diversidade genética está contida muito mais dentro (0,918) do que entre (0,017) as populações. A estrutura genética espacial intrapopulacional foi decorrente do cruzamento entre indivíduos aparentados, equivalente à primos de primeiro grau e meios irmãos, confirmados pela presença de poucos adultos e muitos jovens agregados entre si nas populações. No inventário, houve diferença entre as regiões estudadas quanto à distribuição diamétrica (Cametá e Cotijuba), mas não com relação à distribuição de altura; todas as populações apresentam algum grau de agregação, no entanto, as populações de Cotijuba foram altamente agregadas, segundo o índice de Green (IG = 0,7 a 0,9). Dadas as condições das populações estudadas, houve perdas de diversidade genética decorrentes da atividade extrativa em consequência da própria ecologia da espécie.

Palavras-chave: coancestria, microssatélites, produtos florestais não madeireiros, índice de fixação.

Agradecimentos

À Natura Inovação, pelo financiamento do projeto, a partir da linha de Agricultura Biodinâmica e Produção Sustentável; à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida (Programa de Pós Graduação em Planejamento e Uso dos Recursos Renováveis-2014/Demanda Social/Programa de Apoio à Pós-Graduação); à Prof^ª. Dr^ª. Ana Claudia Lessinger, por ceder o Laboratório de Genética Didática para os experimentos; ao MSc. Renato Kimura, pelo apoio nos experimentos; ao Prof. Dr. Miguel Petreire, pelas discussões sobre as análises estatísticas; ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, ao Prof. Dr. Alexandre Magno Sebbenn e ao Dr. Fernando Angelo Piotto, pelas discussões das análises genéticas.

Introdução

As florestas no Estado do Pará estão subdivididas a partir de suas fisionomias: matas de planície de inundação (várzeas e igapós) e matas de terra firme, principalmente (Pandolfo 1978). Quanto às várzeas, Prance (1980) definiu que as várzeas, ou várzeas baixas, são áreas periodicamente inundáveis, com ciclos anuais regulares, podendo ser de águas claras ou pretas. Seus solos geralmente são ricos em nutrientes e constantemente renovados. Já as várzeas altas são áreas de floresta inundadas duas vezes ao dia, devido ao movimento das marés, com picos de cheia entre maio e julho e vazante entre novembro e janeiro (Almeida et al. 2004). As espécies presentes nas várzeas apresentam, em sua maioria, distribuição espacial agregada, característica que pode estar associada à exploração, uma vez que facilita a retirada dos indivíduos de importância econômica (Gama et al. 2002). Cerca de 75% das árvores retiradas da Floresta Amazônica têm origem nas áreas de várzea (Bentes-Gama et al. 2002).

A exploração seletiva das espécies nas florestas tropicais é danosa ao ecossistema (Asner et al. 2005; INPE 2014), alterando a estrutura das populações (Martins et al. 2003; Reis et al. 2013). Por isto, práticas de manejo podem possibilitar o uso e a conservação dos recursos florestais (Oliveira et al. 2014; Vidal et al. 2015). Técnicas inadequadas e predatórias de manejo ainda são persistentes, embora já existam procedimentos indicados ao manejo de florestas tropicais (Braz 2010). Por isto, a introdução de atividades de manejo de produtos madeireiros e não-madeireiros torna-se uma alternativa ao uso da terra, pois gera emprego e renda no meio rural, mantém a floresta em pé, é menos impactante do que a exploração convencional, sustentando a indústria madeireira (Silva et al. 1989; Reis et al. 2010), além de contribuir para a manutenção da biodiversidade e minimizar alterações ecológicas significativas (Reis et al. 2013).

As atividades extrativas causam inúmeras consequências e em diferentes escalas para a floresta, mas principalmente fragmentação e perda de espécies vegetais da biodiversidade (Shanley et al. 2012), ativando e acelerando os processos da dinâmica sucessional da regeneração natural (Vieira et al. 2014). Estudos na Amazônia boliviana mostraram que o manejo florestal não afetou a regeneração natural, a abundância e a estrutura espacial para espécies comerciais (Gómez 2011). Porém, a colheita de produtos da floresta, desde que executada segundo os princípios do manejo sustentável, minimiza os danos às árvores remanescentes e garante a sustentabilidade florestal (Pinto et al. 2002). É válido lembrar que a exploração não apenas destrói recursos importantes, mas também afeta serviços ecológicos considerados chave para o ecossistema, causando impactos que podem afetar as comunidades tradicionais em todos os sentidos, influenciando na tomada de decisões para o desenvolvimento rural (Rist et al. 2012).

Entender o comportamento da espécie nas suas populações naturais se torna importante por ajudar a elaborar tecnologias de manejo e conservação (Paludo et al. 2009). A utilização da análise de distribuição diamétrica é uma ferramenta que pode ser utilizada para avaliar o status das comunidades vegetais (Santana 2009). Já a distribuição espacial mostra como os indivíduos estão organizados horizontalmente no ambiente, resultante de fatores bióticos e abióticos, responsáveis pela dinâmica dos processos ecológicos nas florestas (Silva et al. 2008).

Em longo prazo, os efeitos da exploração seletiva não são conhecidos, mas geram duas consequências: o isolamento das populações remanescentes e a redução na quantidade de indivíduos reprodutivos (Sebbenn et al. 2008). Diferentes intensidades exploratórias geram

diferentes estruturas populacionais, demonstrando a necessidade do estabelecimento de estratégias de manejo (Ferreira et al. 2014). A atividade exploratória pode afetar a diversidade genética, diminuindo-a (André et al. 2008; Carneiro et al. 2011) ou não (Cloutier et al. 2007; Fageria e Rajora 2013), independentemente da idade (Gaoue et al. 2014), embora contribua negativamente para os eventos reprodutivos em adultos (Gaoue e Ticktin 2008), no recrutamento dos jovens (Gaoue e Ticktin 2007) e no desempenho geral da população (Gaoue et al. 2011), resultantes de mudanças no fluxo gênico e no sistema de cruzamento (Lowe et al. 2005).

Neste contexto, *Virola surinamensis* (Rol. ex. Rottb.) Warb. (Myristicaceae) se torna modelo de estudo sobre o impacto da exploração na diversidade genética das populações naturais remanescentes, devido à intensa atividade madeireira que afetou a abundância e a distribuição espacial dos regenerantes e dos adultos em áreas de várzea, variável em relação às condições de sítio (Piña-Rodrigues 1999). Além disto, apresenta características ecológicas semelhantes a outras espécies de várzea amazônica, também sob exploração, datada das décadas de 1960-1980 para as sementes, e nos anos seguintes, para a madeira (Piña-Rodrigues e Mota 2000). Estas condições afetaram suas populações naturais, tornando-a ameaçada e restrita ao corte a partir de 1996 (Brasil 1996; IUCN 2014; Brasil 2014).

Considerando o escopo apresentado, a hipótese deste estudo considera que a exploração seletiva, responsável por reduzir o número de indivíduos, afetou a diversidade genética nas populações remanescentes de *V. surinamensis*, contribuindo para gerar estrutura genética espacial intrapopulacional (EGE). Como ambos os processos acarretam em perdas de diversidade nas populações, pretende-se responder às seguintes questões: i) como os processos extrativos afetaram a diversidade genética nas populações restantes? ii) existe estrutura genética espacial intrapopulacional nas populações estudadas? iii) qual o padrão atual de distribuição diamétrica e espacial das populações estudadas? iv) quais são as possíveis estratégias de manejo e conservação da espécie para as populações estudadas?

Material e Métodos

Descrição da espécie

Espécie florestal arbórea, *V. surinamensis* é típica de áreas de várzea na região neotropical, com distribuição desde a Costa Rica, Panamá, Guianas, Brasil até as Antilhas (Croat 1978; Rodrigues 1980; Jardim e Mota 2007), sendo o gênero com maior distribuição geográfica entre as Myristicaceae (Rodrigues 1980). No Brasil, está concentrada na Amazônia oriental, em florestas de várzea (Rodrigues 1976), com distribuição espacial agregada (Piña-Rodrigues 1999; Galuppo e Carvalho 2001).

Apresenta casca grossa, dura e fissurada, com coloração avermelhada, sendo dioica, com maior proporção de plantas femininas (Ferreira et al. 2014) e polinizada por insetos pequenos (Jardim e Mota 2007). Floresce normalmente entre junho e março e frutifica entre abril e agosto (Rodrigues 1976; Rodrigues 1980; Riba-Hernández et al. 2014). A floração concentra-se no período seco (junho a agosto) e a frutificação, de outubro a janeiro (Piña-Rodrigues 1999).

Histórico de exploração

Como a espécie fornece produtos florestais madeireiros e não madeireiros, suas populações naturais estão sob extrativismo desde a década de 1960, inicialmente por meio da coleta de sementes e, entre os anos de 1980 e 1990, para a exploração madeireira (Piña-Rodrigues e Mota 2000). Estas condições afetaram suas populações naturais, caracterizando-a como espécie ameaçada e, a partir de 1996, seu corte passou a ser restrito (Brasil 1996; IUCN 2014; Brasil 2014). A indústria química tem utilizado a semente para a produção de óleos e gorduras, mas ainda são modestos os esforços da utilização das sementes de ucuúba em produtos com valor agregado, substituindo principalmente produtos químicos de origem petrolífera (Gilbert 2006).

Caracterização das áreas de estudo e populações

A amostragem foi realizada em quatro regiões no estado do Pará, selecionadas considerando-se sua representatividade e histórico exploratório de madeira, sendo elas: Abaetetuba (ABA), Belém/Ilha de Cotijuba (COT), Cametá (CAM) e Igarapé-Miri (IGM). Segundo Köppen (Köppen 1948), as quatro regiões possuem clima tropical úmido ou superúmido (Af ou Am), sem estação seca; temperatura mínima de 23,3 °C e máxima de 33,2 °C; precipitação no mês mais seco de 90 mm e 2.500 mm anuais no mês mais úmido (INMET 2015).

Para a análise da densidade e distribuição diamétrica e espacial dos indivíduos, foi efetuado inventário florestal em três propriedades por região de estudo, totalizando 12 populações em parcelas de 250 m² por população (Tabela 1), obtendo-se dados de altura (H), circunferência do tronco, medida a 1,50 m do solo nos indivíduos sem sapopema e a 20 cm acima destas para os demais, posteriormente, convertida para diâmetro comercial (DAP), e localização espacial, para todas as plantas com altura mínima de 1 m para o fuste. Foram considerados adultos todos os indivíduos com DAP acima de 20 cm e fuste superior a 2 m. Para a determinação do sexo, foi considerada a presença de flores femininas ou de regeneração natural, sementes ou frutos sob a projeção da copa das árvores foi considerada como indicador de “fêmea produtiva”, e empregando-se para identificação dos “machos potenciais” a observação direta da floração e da ausência de regeneração sob a copa.

Amostragem, extração de DNA e genotipagem dos microssatélites

Para as análises genéticas foram avaliadas nove populações, num total de 136 indivíduos adultos (DAP > 20 cm), amostrados aleatoriamente dentro das quatro regiões (Tabela 2), cujas coordenadas geográficas foram obtidas por meio de GPS (GPSMAP 62sc, Garmin, Schaffhausen, SH, Suíça) e discos de 2 cm de diâmetro do câmbio vascular foram coletados a 1,3m do solo, posteriormente armazenados em sacos plásticos contendo sílica-gel e mantidos a -20° C até a extração, feita utilizando kit comercial (DNEasy Plant Mini Kit, Qiagen, Hilden, NW, Alemanha).

Os indivíduos foram avaliados utilizando oito dos 14 locos microssatélites desenvolvidos por Draheim et al. (2009). Estes marcadores foram selecionados de acordo com o seu grau de polimorfismo, número de alelos por loco e desequilíbrio genotípico, apresentados no trabalho anteriormente citado. Os locos foram amplificados pela reação da cadeia da polimerase (PCR) em volume final de 13,5 µL, contendo 7,5 µL 2X GoTaq® Colorless Master Mix (Promega, Fitchburg, WI, USA) [Reaction Buffer, pH 8,5, 400 µM dATP, 400 µM dGTP, 400 µM dCTP, 400 µM dTTP, 3 µM MgCl₂], 1,5 µL de cada par de primer (dianteiro e reverso) [0,9

μM], 1,5 μL de água livre de nuclease, e 3 μL de DNA-alvo [2,5 $\text{ng}/\mu\text{L}$]. O programa de amplificação para os *primers* consistiu na desnaturação inicial a 94 °C por 1 minuto; seguido por 35 ciclos de amplificação, cada um a 94 °C por um minuto, um minuto a 50 °C, e 72 °C por um minuto; uma extensão final de 72 °C por sete minutos. Amplificações foram feitas usando um termociclador SpeedCycler² (Analytik Jena, Jena, Alemanha). Os produtos da amplificação (2 μL) foram separados no *Fragment Analyzer™ Automated CE System* (Advanced Analytical Technologies, Inc. [AATI], Ames, IA, USA) usando o *dsDNA Reagent Kit, 35–500 bp*, com *DNA Ladder (75–400 bp)* [2 $\text{ng}/\mu\text{L}$ total DNA, 1X TE Buffer]. Os eletroforegramas foram analisados usando o *software* PROSize 2.0 (AATI).

Análise de dados

Caracterização das populações

A partir das variáveis obtidas no inventário, foram efetuadas as estimativas de frequência de indivíduos por classe de altura e DAP. O número de classes considerou a fórmula $k = 1 + 3,222 * \log n$, em que n é o número de indivíduos na população e k , o número de classes (Vieira 1980). Para analisar o impacto da atividade extrativa na estrutura demográfica da espécie, foi considerado que em populações mais conservadas, os indivíduos tendem a apresentar distribuição em “J” invertido (Tello 1995; Ferreira e Prance 1998; Oliveira e Mori 1999; Amaral et al. 2000; Lima Filho et al. 2001; Oliveira e Amaral 2004), conforme constatado para *V. surinamensis* (Piña-Rodrigues 1999; Ferreira et al. 2014). Por isso, para observar se existe diferença significativa entre as regiões, ferramentas como a análise de variância (ANOVA), plotando-se os resíduos para avaliar a distribuição dos dados (Zar 1966) e o teste de Tukey para a comparação das médias (Zar 1966) foram utilizados nos testes, além de análises de regressão, considerando o menor valor obtido para os modelos testados, por meio do critério de Akaike (AIC) (1987). Estes testes estatísticos foram realizados no *software* *Palaeontological Statistics* (PAST) (Hammer et al. 2016). A distribuição espacial foi estabelecida pela plotagem da localização dos indivíduos e estimado o índice de Green ($C_x = [(\bar{x}/s^2) - 1] / (\sum n - 1)$), com \bar{x} igual à média da variável analisada e s^2 igual à variância para a variável analisada, para determinar o grau de agregação dos indivíduos, dentro das populações, variando de 0 (aleatório) a 1 (agregado), mas também > 0 (uniforme) (Green 1966).

Diversidade genética

A diversidade genética das populações e dos locos foi avaliada por meio do número médio de alelos por loco (A), pela riqueza alélica (R_x), pelas heterozigosidades observada (H_o) e esperada (H_e) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg; além disso, também foram estimados os índices de diversidade genética total (H_T) e dentro (H_S) de populações de Nei (1978), utilizando o *software* *FSTAT* (Goudet 2002). A frequência de alelos nulos (A_N , frequência do alelo $> 0,2$) foi estimada pelo *software* *FreeNA* (Dempster et al. 1977; Chapuis e Estoup 2009). Manualmente, foram estimados o índice de fixação para populações pequenas (F_C), por $F_C = [H_e - H_o + (0,5 \times n \times H_o)] / [H_e - (0,5 \times n \times H_o)]$ (Weir 1996), com n igual ao tamanho da amostra; a divergência (diversidade) genética entre populações (

$G'_{ST} = \{[(H_T - H_S)/H_T]/(k - 1 + H_S)\} / \{[(k - 1) \times (1 - H_S)]\}$, com k populações (Hedrick 2005); o número de alelos privados (A_p) e o número de alelos raros (A_r), uma vez que as variáveis independentes necessárias nas quatro últimas estimativas foram obtidas por meio do *FSTAT*.

Estrutura genética espacial intrapopulacional, coancestria e distâncias genéticas

Em oito das nove populações, as coordenadas geográficas dos indivíduos adultos foram utilizadas para a avaliação da EGE, por meio do *software SPAGEDI* (Hardy e Vekemans 2002). A estimativa dos coeficientes de coancestria (ρ_{xy}) foi avaliada segundo estimador de Loiselle et al. (1995), considerando os limites do intervalo de confiança ($\alpha = 95\%$) para testar a hipótese de ausência de coancestria ($H_0 : \rho_{xy} = 0$) (Hardy e Vekemans 2002).

A partir dos resultados dos coeficientes de coancestria, foi elaborada uma matriz de cruzamentos, estimada por meio da média ponderada entre o número de indivíduos e os coeficientes obtidos, a fim de avaliar a(s) classe(s) de parentesco predominante(s) nas populações, considerando os coeficientes relativos de 0,0625 para primos de primeiro grau (P1), 0,125 para meios irmãos (MI) e 0,250 para irmãos completos (IC) (Weir e Cockerham 1984).

Para a avaliação das distâncias genéticas das populações entre quatro regiões, foram estimados o número de alelos e suas frequências. Destas, estimativas para todos os pares possíveis de genótipos foram estimados por meio da distância de Reynolds ($D^2 = \sum_m \sum_i (p_1 m_i - p_2 m_i)^2 / 2 \sum_m (1 - \sum_i p_1 m_i * p_2 m_i)$) (Reynolds et al. 1983), em que m = número de locos; i = soma dos alelos ao longo do m -ésimo loco; $p_1 m_i$ = frequência do i -ésimo alelo no m -ésimo loco na população 1; $p_2 m_i$ = frequência do i -ésimo alelo no m -ésimo loco na população 2, usados para agrupar pelo *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean (UPGMA)*, utilizando o *software Tools for Population Genetics Analyses (TFPGA)* (Miller 1997).

Com os coeficientes genéticos obtidos por meio da distância de Reynolds, junto às distâncias geográficas traçadas em linha reta no *Google Earth*, foi criada uma matriz para avaliar a existência de uma correlação (de Pearson, r) entre os coeficientes.

Resultados

Caracterização das populações

No inventário, foram amostrados um total de 1202 indivíduos, distribuídos em 11 classes de diâmetro e 8 classes de altura. Houve resultado significativo apenas para a distribuição diamétrica, entre as regiões de Cameté e Cotijuba (Tabela 1). Não houve resultado significativo quanto à distribuição de altura (Tabela 1). Apenas as populações das regiões de Cameté e Abaetetuba apresentaram padrão de distribuição de diâmetro (Figura 1) e altura (Figura 2) com ajustes significativos ao modelo de “J-invertido”. Nas populações estudadas, não houve diferença significativa para a presença de indivíduos machos e fêmeas

($F=2,49$; $p=0,0609$), os quais apresentaram a proporção de 1:1.5, respectivamente, com 117 machos e 182 fêmeas, totalizando 299 indivíduos identificados quanto ao sexo.

As médias das distâncias espaciais entre os indivíduos adultos ($y_a = 44.6 \pm 6.6, x_a = 4.8 \pm 0.3$) e os regenerantes ($y_j = 45.6 \pm 4.8, x_j = 4.7 \pm 0.4$) foram bastante próximas para as populações avaliadas (Material Suplementar, Tabela 2), constatando-se que, em um mesmo local, há proximidade de indivíduos de idades diferentes. Quanto ao grau de agregação, apenas a região de Cotijuba (Tabela 1) apresentou distribuição agregada, ainda que, espacialmente, todas as populações apresentassem algum grau de agregação (Material Suplementar, Figura 1).

Diversidade genética

O número médio de indivíduos amostrados (n) foi 15 (± 5); a quantidade média de alelos para todos os locos nas populações (k) foi 76 (± 16); a média de alelos por loco (A) foi 9,8 ($\pm 2,1$) (Tabela 2), existindo, portanto, variabilidade genética nas populações estudadas (Material Suplementar, Tabela 3). Embora em Cameté k seja alto (100 e 104), muitos alelos são de baixa frequência ($p < 0,05$), portanto, considerados raros. Com relação aos alelos privados (A_p) e raros (A_R), foram encontrados os maiores valores principalmente para as populações de Cameté (Tabela 2). Já para os alelos nulos (A_N), as frequências obtidas foram próximas aos índices presentes na literatura ($p > 0,2$, Dempster et al. 1977; Chapuis e Estoup 2009). A heterozigosidade observada (H_o) foi significativamente inferior à H_e ($t = 17.54$; $p < 0,01$), sugerindo excesso de indivíduos homozigotos nas populações. O índice de fixação corrigido para o tamanho amostral utilizado foi positivo ($F_c = 0.606 \pm 0.096$), mostrando desvios em relação ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg, tendendo ao sistema misto de reprodução. Não houve variação significativa quanto à riqueza alélica ($R_6 = 6,873 \pm 1,163$). Existe pouca divergência genética ($G'_{ST} = 0.029 \pm 0.022$, ou seja, $\pm 2\%$), pois a diversidade está contida mais dentro ($H_s = 0.894 \pm 0.042$) do que entre ($D_{ST} = 0.017 \pm 0.024$),

Estrutura genética espacial, coancestria e distância genética

A estrutura genética espacial intrapopulacional não foi detectada nas populações (Material Suplementar, Figuras 2 a 9), uma vez que foram encontrados valores diferentes para as distâncias dos cruzamentos não aleatórios, (Cotijuba-2, Material Suplementar, Figura 6) (Abaetetuba-1, Material Suplementar, Figura 2).

Com relação à coancestria, as populações apresentaram predominância de valores similares ao esperado para primos de primeiro grau (P1) quanto meios-irmãos (Tabela 3),

A divergência genética mostrou a formação de três grupos distintos: o primeiro, constituído pelas populações insulares de Cotijuba, subdividido por COT3 e pelas outras populações (COT1, COT2 e COT4), as quatro divergentes das demais, continentais; o segundo, formado por IGM2 que, embora se aproxime das demais, apresenta características que a tornam diferente; e o terceiro, agrupando as demais populações (Figura 3).

Não há correlação entre as distâncias genéticas e geográficas ($r = 0,268$; $p = 0,115$), indicando que as populações amostradas são aleatórias.

Discussão

Os nossos resultados não demonstraram que a espécie apresenta distribuição agregada, mas ela o é (Piña-Rodrigues 1999), e isto pode ser um fator facilitador dos processos exploratórios, devido à formação de famílias em áreas naturais (Piña-Rodrigues e Mota 2000). As análises moleculares e as quantitativas constataram algum impacto nas quatro regiões estudadas (Figuras 1 e 2), embora seja possível constatar que, em Cotijuba e Igarapé-Miri, foram mantidos indivíduos das classes diamétricas superiores. Estes podem ser resultantes de diferentes intensidades exploratórias, conseqüentemente, podem gerar diferentes estruturas populacionais. As duas áreas podem ter sido alvo de exploração ilegal, modificando a estrutura populacional e a diversidade genética (Scabin et al. 2011; Ferreira et al. 2014).

Independente da população, a densidade de plantas encontrada nas áreas estudadas foi inferior a obtida em outras regiões da Amazônia (Piña-Rodrigues 1999) evidenciando a redução de plantas nestas áreas, com valores similares a outras sob exploração (Piña-Rodrigues e Mota 2000; Ferreira et al. 2014). O fato de apenas Abaetetuba e Cametá terem apresentado padrões de distribuição com maior concentração de indivíduos de menores diâmetro e altura (Figuras 1 e 2) evidencia que estas populações apresentam características mais similares a áreas não exploradas, enquanto as demais se assemelharam a outras populações historicamente exploradas há cerca de 30 anos, similar aos dados obtidos por Ferreira et al. (2014). Em ambas (Cametá e Abaetetuba), as áreas apresentaram padrão típico de distribuição em “J-invertido” característico de áreas nativas em equilíbrio (Figura 1) (Tello 1995; Ferreira e Prance 1998; Oliveira e Mori 1999; Amaral et al. 2000; Lima Filho et al. 2001; Oliveira e Amaral 2004). Contudo, o número de indivíduos adultos e com diâmetro de corte (DAP > 30 cm) foi inferior à demais classes, denotando que, embora as populações possam estar se recuperando, foram removidas plantas com potencial reprodutivo, predominantes nas classes acima de 20 cm de diâmetro (Ferreira et al. 2014). Por outro lado, mesmo que a proporção de machos e fêmeas tenha sido similar a constatada para outras Myristicaceae dioicas (Armstrong e Irvine 1989), em Cotijuba e Igarapé-Miri se constatou a maior presença de árvores potencialmente reprodutivas, indicando que, nestes locais, algumas árvores adultas foram mantidas na população durante o processo exploratório. Os efeitos da exploração não variam apenas devido ao próprio ato, mas também com o tamanho da área, a interação destas áreas com as áreas naturais e não-perturbadas, o efeito sinérgico de diversos distúrbios (fragmentação das áreas, mudanças climáticas) que podem aumentar os efeitos negativos da exploração sobre a diversidade (Bawa et al. 1998).

A seleção de indivíduos também pode causar perdas de diversidade genética, ao aumentar a probabilidade de ocorrência de outros efeitos impactantes, como a deriva e o gargalo genético, a seleção disgênica e as mudanças dos padrões reprodutivos (Jennings et al. 2001). No caso de *V. surinamensis*, a retirada dos indivíduos potencialmente reprodutivos, junto à ecologia da espécie, pode ter ajudado a reduzir os índices de diversidade genética (Vranckx et al. 2011; Alcalá et al. 2014), cuja redução populacional pode ter gerado índices de fixação maiores que 0,5, assim como em *Caesalpinia echinata* Lam. (Fabaceae), *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) e *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos (Bignoniaceae) (Giudice Neto et al 2005; Gaino et al. 2010; Mori et al. 2012).

A redução da quantidade de heterozigotos pode ter sido influenciada tanto pela redução na H_o em relação à H_e , quanto à detecção e frequência de alelos nulos nas populações, uma vez que

estes mascaram as frequências dos heterozigotos (Dempster et al. 1977; Dakin e Avise 2004; Chapuis e Estoup 2007; Chapuis e Estoup 2009; Sebbenn et al. 2011), superestimando assim, o próprio índice de fixação (Sebbenn et al. 2011; Tambarussi et al. 2013).

Mesmo que a diversidade alélica da espécie seja considerada alta (Draheim et al. 2009), dada a presença de alelos raros, estes contribuem pouco para as estimativas de diversidade genética (Vencovsky et al. 2007; Moura et al. 2009). Para fins de conservação, deve se evitar ou reduzir a possibilidade de perda de diversidade e depressão endogâmica, com o intuito de se produzir material genético (sementes) em áreas manejadas (Jolivet et al. 2013).

A comparação dos dados genéticos dos indivíduos com os dados de distribuição espacial, dentro das populações, evidenciou a ocorrência de cruzamentos entre pares aparentados (Tabela 3). Estes resultados são suportados pelos dados de agregação dos indivíduos adultos, agrupamento de plântulas próximas aos adultos e menor densidade de plantas nas áreas de estudo em relação a outras não exploradas (citações). Ao mesmo tempo, corroboram a hipótese de que fatores da ecologia reprodutiva da espécie, como o polinizador de curta distância e o estabelecimento agregado de adultos e jovens favoreceriam a sobreposição de gerações e o cruzamento entre pares aparentados (Piña-Rodrigues 1999).

Ao se considerar as áreas como um todo, a variação genética diminuiu significativamente com relação ao esperado; havendo distinção entre populações insulares e continentais, sendo maior a heterozigosidade esperada (H_e) nas ilhas. Estudos desenvolvidos mostraram que a condição de maior H_e nas ilhas é resultante de variações no sistema de cruzamento, bem como à estocasticidade (demográfica, catastrófica, genética e ambiental) (Frankham 1997; Hufford et al. 2013). Maior grau de polimorfismo tem sido encontrado em populações continentais, mas áreas insulares podem apresentar variação genética por deriva e diferenças nas taxas de migração (Frankham 1997). Populações isoladas em ilhas geralmente possuem menor variação genética (García-Verdugo et al. 2015) e, mesmo que a água seja um importante dispersor da espécie (Piña-Rodrigues 1999), o isolamento causado pela exploração pode reduzir o fluxo gênico e aumentar os cruzamentos entre indivíduos aparentados. A própria topografia pode ser determinante no estabelecimento de populações, gerando baixa divergência gênica, independente da distância entre populações (Lemes et al. 2003). Mesmo as populações estudadas não tendo estrutura genética espacial, especialmente estão isoladas, principalmente as residentes em Cotijuba (Figura 2), dadas às suas características topográficas e, indiretamente, ecológicas, reduzindo o fluxo gênico e aumentando os cruzamentos entre aparentados (Arias et al. 2012). Este isolamento pode levar a altas taxas de extinção, por depressão endogâmica, perda de variabilidade genética, por meio do acúmulo de alelos letais e recessivos, comprometendo a evolução da espécie (Frankham 1997), uma vez que espécies dioicas geralmente apresentam mais diversidade dentro do que entre populações (Viegas et al. 2011). Para populações em ambientes naturais, a demografia pode ser mais importante do que a genética para a determinação da viabilidade populacional (Lande 1988), ou seja, os índices genéticos observados nas populações estudadas podem muito bem ser mais relacionados à estrutura demográfica do que da genética característica da espécie, sabendo-se principalmente que as regiões estudadas sofreram exploração seletiva. Planos de conservação devem considerar tanto a demografia quanto a genética de populações, a fim de assegurar a sobrevivência das espécies (Lande 1988).

As regiões recomendadas para a amostragem de material genético com fins de conservação foram Cameté e Abaetetuba, dada a presença de alelos raros em ambas e, em Abaetetuba pela

alta heterozigiosidade observada e ausência de estrutura genética espacial. Contudo, para Igarapé-Miri e Cotijuba, deve-se propor que estas sejam áreas prioritárias para enriquecimento, por possuírem altos índices de fixação, baixa riqueza alélica e baixa heterozigiosidade observada. Para reduzir a possibilidade de coleta de indivíduos aparentados, sugere-se que a colheita de sementes seja efetuada a 407,5 m entre árvores, dentro de uma mesma população. Áreas com baixa diversidade genética podem ser enriquecidas não apenas com material das regiões com alta diversidade genética, mas também com material presente no entorno, uma vez que a maior parte da diversidade genética está contida dentro e não entre as populações, permitindo a troca de alelos diferentes mesmo em áreas aparentemente similares. Apesar do baixo potencial de conservação constatado para algumas populações, ainda existe alta diversidade genética entre as populações, pela presença de alelos raros, desde que se adotem estratégias de conservação, uma vez que todas as populações estão sujeitas à estruturação genética espacial, devido à própria distribuição espacial da espécie e da fragmentação das áreas naturais.

O conhecimento da diversidade, da estrutura genética e a manutenção dos alelos raros são resultados que auxiliam a elaboração de estratégias de conservação *ex-situ* (Hou et al. 2012), assim como a formação de bancos de germoplasma para *V. surinamensis*, adotada experimentalmente por Piña-Rodrigues et al. (1996). A manutenção e/ou o aumento da diversidade genética pode ser realizada por meio de coleta de sementes para a produção de mudas pelos produtores; a implantação das mudas no campo, seja em regimes de plantios puros, com fins de melhoramento genético e seleção de matrizes para a recuperação de áreas degradadas, fornecimento de insumos industriais madeireiros e não-madeireiros (Maeda et al. 2001; Souza et al. 2008), ou sistemas agroflorestais, como subsistência e renda alternativa para os produtores (Vieira et al. 2007; Castro et al. 2009). Dever-se-á também incentivar a troca de mudas entre os produtores das diferentes regiões, a fim de manter e/ou aumentar a diversidade genética das áreas naturais e plantadas (Shimizu 2007); a criação de políticas públicas, tais como concessões, por exemplo, de áreas naturais de *V. surinamensis* dentro de unidades de conservação de uso sustentável para a coleta de produtos não madeireiros. ,

Este trabalho se tornou inovador ao analisar a sobreposição da diversidade e estrutura genética das populações quanto a estrutura populacional, aliando informações de caráter genético a informações ecológicas. Trabalhos focados na conservação de espécies florestais geralmente ou só estudam aspectos ecológicos, ou só nas informações moleculares. e.. Embora o número de indivíduos amostrados para as análises genéticas tenha sido baixo, os resultados obtidos para este trabalho são imprescindíveis para a conservação da espécie, dado o seu potencial comercial madeireiro e não madeireiro, e também por se constituir como renda alternativa para as comunidades tradicionais. Ainda assim, estudos relacionados ao seu sistema de cruzamento precisam ser feitos, a fim de compreender as descendências das populações e avaliar o tipo de cruzamento da espécie.

Bibliografia

- Akaike, H. 1987. Factor analysis and AIC. *Psychometrika*, 52 (3): 317–332.
- Alcalá, R.E.; Salazar, H.; Gutiérrez-Granados, G.; Snook, L.K. 2014. Genetic structure and genetic diversity of *Swietenia macrophylla* (Meliaceae): implications for sustainable forest management in Mexico. *Journal of Tropical Forest Science*, 26 (1): 142–152.
- Amaral, I.L.; Matos F.D.A.; Lima J. 2000. Composição florística e estrutural de um hectare de floresta densa de terra firme no Rio Uatumã, Amazônia, Brasil. *Acta Amazonica*, 30: 377–392.
- André, T., Lemes, M.R., Grogan, J., Gribel, R., 2008. Post-logging loss of genetic diversity in a mahogany (*Swietenia macrophylla* King, Meliaceae) population in Brazilian Amazonia. *For. Ecol. Manage.* 255, 340–345.
- Arias, D.M.; Albarrán-Lara, A.L.; González-Rodríguez, A.; Peñaloza-Ramírez, J.; Dorado, O.; Leyva, E. 2012. Genetic diversity and structure of wild populations of the tropical dry forest tree *Jacaratia mexicana* (Brassicales: Caricaceae) at a local scale in Mexico. *Revista de Biología Tropical*, 60 (1): 1–10.
- Armstrong, J.E.; Irvine, A.K. 1989. Flowering, sex ratios, pollen-ovule ratios, fruit set, and reproductive effort of a dioecious tree, *Myristica insipida* (Myristicaceae), in two different rain forest communities. *American Journal of Botany*, 76(1): 74–85.
- Asner, G.P.; Knapp, D.E.; Broadbent, E.N.; Oliveira, P.J.C.; Keller, M.; Silva, J.N. 2005. Selective Logging in the Brazilian Amazon. *Science*, 310: 480–482.
- Bawa, K.S.; Seidler, R. 1998. Natural forest management and conservation of biodiversity in tropical forests. *Conservation Biology*, 12(1): 46–55.
- Bentes-Gama, M.M., Scolforo, J.R.S., Gama, J.R.V., Oliveira, A.D. 2002. Estrutura e valoração de uma floresta de várzea alta na Amazônia. *Cerne*, 8(1): 88–102.
- Brasil. *Decreto nº 1963, de 25 de julho de 1996*. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília, 26 jul. 1996. Seção 1, p. 3.
- Brasil. *Decreto nº 443, de 17 de dezembro de 2014*. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília, 18 dez. 2014. Seção 1, p. 117.
- Braz, E.M. Subsídios para o planejamento do manejo de florestas tropicais da Amazônia. 237 f. Tese (Doutorado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2010.
- Carneiro, F.S., Lacerda, A.E.B., Lemes, M.R., Gribel, R., Kanashiro, M., Wadt, L.H.O., Sebbenn, A.M., 2011. Effects of selective logging on the mating system and pollen dispersal of *Hymenaea courbaril* L. (Leguminosae) in the Eastern Brazilian Amazon as revealed by microsatellite analysis. *Forest Ecology and Management*, 262: 1758–1765.
- Castro, A.P.; Fraxe, T.J.P.; Santiago, J.L.; Matos, R.B.; Pinto, I.L. Os sistemas agroflorestais como alternativa de sustentabilidade em ecossistemas de várzea no Amazonas. 2009. *Acta Amazonica*, 39(2): 279–288.

- Chapuis, M.P.; Estoup, A. 2007. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution*, 24(3): 621–631.
- Chapuis, M.P.; Estoup, A. 2009. FreeNA: a software for Fst refined estimation by excluding null alleles (<http://www1.montpellier.inra.fr/CBGP/software/FreeNA/>). Acesso em 03/10/2015.
- Cloutier, D., Kanashiro, M., Ciampi, A.Y., Schoen, D.J., 2007. Impact of selective logging on inbreeding and gene dispersal in an Amazonian tree population of *Carapa guianensis* Aubl. *Molecular Ecology*, 16: 797–809.
- Croat, T.B. 1978. *Flora of Barro Colorado Island*. Stanford, Stanford University Press. 1978. 962p.
- Dakin, E.E.; Avise, J.C. 2004. Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity*, 93: 504–509.
- Dempster, A.P.; Laird, N.M.; Rubin, D.B. 1977. Maximum likelihood from incomplete data via the EM Algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, 39 (1): 1–38.
- Draheim, H.; Cui, M.; Dick, C.W. Characterization of 14 microsatellite DNA markers for the tropical forest tree *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. (Myristicaceae). *Molecular Ecology Resources*, 9 (5): 1386–1388.
- Fageria, M.S., Rajora, O.P., 2013. Effects of harvesting of increasing intensities on genetic diversity and population structure of white spruce. *Evolution Applied*, 6: 778–794.
- Ferreira, M.E.F.; Grattapaglia, D. 1998. *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética*. 3 ed. Embrapa-Cenargem, Brasília, 1998. 220p.
- Ferreira, L.V.; Prance, G.T. 1998. Species richness and floristic composition in four hectares in the Jaú National Park in upland forests in Central Amazonia. *Biodiversity and Conservation*, 7: 1349–1364.
- Ferreira, L.V.; Cunha, D.A.; Parolin, P. 2014. Effects of logging on *Virola surinamensis* in an Amazonian floodplain forest. *Environment Conservation Journal*, 15(3): 1–8.
- Frankham, R. 1997. Do island populations have less genetic variation than mainland populations? *Heredity*, 78: 311–327.
- Gaino, A.P.S.C.; Silva, A.M.; Moraes, M.A.; Alves, P.F.; Moraes, M.L.T.; Freitas, M.L.M.; Sebbenn, A.M. 2010. Understanding the effects of isolation on seed and pollen flow, spatial genetic structure and effective population size of the dioecious tropical tree species *Myrcodruon urundeuva*. *Conservation Genetics*, 11:1631–1643.
- Galuppo, S.C.; Carvalho, J.O.P. 2001. Ecologia, manejo e utilização da *Virola surinamensis* (Rol.) Warb.. Embrapa Amazônia Oriental, 38p.
- Gama, J.R.V.; Botelho, S.A.; Bentes-Gama, M.M. 2002. Composição florística e estrutura da regeneração natural de floresta secundária de várzea baixa no estuário amazônico. *Árvore*, 26(5): 559–566.

- Gaoue, O. G.; Horvitz, C. C.; Ticktin, T. 2011. Non-timber forest product harvest in variable environments: modeling the effect of harvesting as a stochastic sequence. *Ecology Applied*, 21: 1604–1616.
- Gaoue, O.G.; Lemes, M.R.; Ticktin, T.; Sinsin, B.; Eyog-Matig, O. 2014. Non-timber forest product harvest does not affect the genetic diversity of a tropical tree despite negative effects on population fitness. *Biotropica*, 46(6): 756–762.
- Gaoue, O. G.; Ticktin, T. 2007. Patterns of harvesting foliage and bark from the multipurpose tree *Khaya senegalensis* in Benin: Variation across ecological regions and its impacts on population structure. *Biological Conservation*, 137: 424–436.
- Gaoue, O. G.; Ticktin, T. 2008. Impacts of bark and foliage harvest on *Khaya senegalensis* (Meliaceae) reproductive performance in Benin. *Journal of Applied Ecology*, 45: 34–40.
- García-Verdugo, C.; Sajeve, M.; La Mantia, T.; Harrouni, C.; Msanda, F.; Caujapé-Castells, J. 2015. Do island plant populations really have lower genetic variation than mainland populations? Effects of selection and distribution range on genetic diversity estimates. *Molecular Ecology*, 24: 726–741.
- Gilbert, B. 2006. Produtos naturais industrializáveis da Amazônia. *Fitos*, 2(3): 30–38.
- Giudice-Neto, J.D.; Sebbenn, A.M.; Kageyama, P.Y. 2005. Diversidade genética de uma população "ex situ" de *Caesalpinia echinata* Lam. *Scientia Forestalis*, 69: 125–133.
- Gómez, J.W.L. 2011. Regeneración natural de nueve especies maderables en un bosque intervenido de la Amazonia Boliviana. *Acta Amazonica*, 41(1): 135–142.
- Goudet, J. Fstat. (Version 2.9.3.2.): A computer program to calculate F-statistics. 1995. *Heredity*, 86: 485–486.
- Green, R.H. 1966. Measurement of non-randomness in spatial distributions. *Researches on Population Ecology*, 8 (1): 1–7.
- Hammer, O.; Harper, D.A.T. & Ryan, P.D. 2016. *Paleontological statistics*. Version 3.11. Disponível em: <http://www.folk.uio.no/ohammer/past>. Acesso em 18/02/2016.
- Hardy, O.J.; Vekemans, X. SPAGeDI: a versatile computer program to analyze spatial genetic structure at the individual or population levels. 2002. *Molecular Ecology Notes*, 2: 618–620.
- Hedrick, P. W. 2005. A standardized genetic differentiation measure. *Evolution*, 59(8): 1633–1638.
- Hou, B.; Tian, M.; Luo, J.; Ji, Y.; Xue, Q.; Ding, X. 2012. Genetic diversity assessment and *ex situ* conservation strategy of the endangered *Dendrobium officinale* (Orchidaceae) using new trinucleotide microsatellite markers. *Plant Systematics and Evolution*, 298: 1483–1491.
- Hufford, K.M.; Mazer, S.J.; Hodges, S.A. 2013. Genetic variation among mainland and island populations of a native perennial grass used in restoration. *AoB PLANTS*, 6: 1–12.
- Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE). 2015. *Projeto PRODES: monitoramento da floresta amazônica brasileira por satélite*. (<http://www.obt.inpe.br/prodes/index.php>). Acesso em 11/04/2015.

Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). 2016. Dados climáticos das Estações de Belém e Cametá: série histórica de 2015. Banco de dados do Instituto Nacional de Meteorologia. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/> Acesso em: 10/01/2016.

International Union for Conservation of Nature (IUCN). 2014. *The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2014.3.* (www.iucnredlist.org). Acesso em 12/04/2015.

Jardim, M.A.G.; Mota, C.G. 2007. Biologia floral de *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. (Myristicaceae). *Árvore*, 31(6): 1155–1162.

Jennings, S.B., Brown, N.D.; Boshier, D.H.; Whitmore, T.C.; Lopes, J.C.A. 2001. Ecology provides a pragmatic solution to the maintenance of genetic diversity in sustainably managed tropical rain forests. *Forest Ecology and Management*, 154: 1–10.

Jolivet, C.; Rogge, M.; Degen, B. 2013. Molecular and quantitative signatures of biparental inbreeding depression in the self-incompatible tree species *Prunus avium*. *Heredity*, 110: 439–448.

Köppen, W. 1948. *Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra*. México, Fondo de Cultura Econômica. 1948. 479p.

Lande, R. 1988. Genetics and demography in biological conservation. *Science*, 241: 1455–1460.

Lemes, M.R.; Gribel, R.; Proctor, J.; Grattapaglia, D. 2003. Population genetic structure of mahogany (*Swietenia macrophylla* King, Meliaceae) across the Brazilian Amazon, based on variation at microsatellite loci: implications for conservation. *Molecular Ecology*, 12: 2875–2883.

Lima Filho, D.A.; Matos, F.D.A.; Amaral, I.L.; Revilla, J.; Coêlho, L.S.; Ramos, J.F.; Santos, J.L. 2001. Inventário florístico de floresta ombrófila densa de terra firme, na região do Rio Urucu-Amazonas, Brasil. *Acta Amazonica*, 31:565–579.

Loiselle, B.A.; Sork, V.L.; Nason, J.; Graham, C. 1995. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany*, 82: 1420–1425.

Lowe, A.J., Boshier, 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

Maeda, J.M.; Pires, I.E.; Borges, R.C.G.; Cruz, C.D. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético de *Virola surinamensis* Warb. 2001. *Floresta e Ambiente*, 8 (1): 61–69.

Martins, S.S.; Couto, L.; Machado, C.C.; Souza, A.L. Efeito da exploração florestal seletiva em uma floresta estacional semidecidual. 2003. *Árvore*, 27 (1): 65–70.

Miller, M.P. 1997. *Tools for population genetic analysis (TPFGA) version 1.3. A Windows program for analysis of allozyme and molecular population genetic data*. Software computacional distribuído pelo autor.

- Mori, N.T.; Moraes, M.L.T.; Morita, C.M.; Mori, E.S. 2012. Genetic diversity between and within populations of *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos using microsatellite markers. *Cerne*, 18(1): 9–15.
- Moura, T.M.; Sebbenn, A.M.; Chaves, L.J.; Coelho, A.S.G.; Oliveira, G.C.X.; Kageyama, P.Y. 2009. Diversidade e estrutura genética espacial em populações fragmentadas de *Solanum* spp. do Cerrado, estimadas por meio de locos microssatélites. *Scientia Forestalis*, 37(82): 143–150.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3): 583–590.
- Oliveira, A.A.; Mori, S.A. 1999. A central Amazonian terra firme forest. I. High tree species richness on poor soils. *Biodiversity and Conservation*, 8: 1219–1244.
- Oliveira, A.N.; Amaral, I.L. 2004. Florística e fitossociologia de uma floresta de vertente na Amazônia Central, Amazonas, Brasil. *Acta Amazonica*, 34: 21–34.
- Oliveira, O.M.; Herrera, R.C.; Parry, M.M.; Oliveira, G.M.; Herrera, J.A.; Santos, A.P.F. Espécies botânicas utilizadas no artesanato comercializado na cidade de Altamira-PA. 2014. *Biota Amazônia*, 4: 1–5.
- Paludo, G.F., Mantovani, A., Klauberg, C., Reis, M.S. 2009. Estrutura demográfica e padrão espacial de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae), na reserva genética florestal de Caçador, Estado de Santa Catarina. *Árvore*, 33(6): 1109–1121.
- Pandolfo, C. 1978. A floresta amazônica brasileira: enfoque econômico-ecológico. Belém: SUDAM, 1978. 118 p.
- Piña-Rodrigues, F.C.M.; Mota, C.G.; Ohashi, S.T. 1996. Comparação de crescimento entre procedência de *Virola surinamensis* (Rol) Warb. In: *Silvicultura tropical-Congresso INTERNACIONAL DE COMPENSADO E MADEIRA TROPICAL*, 2., 1994, Belém. Anais... Rio de Janeiro: SENAI, 1996. p.349–350.
- Piña-Rodrigues, F.C.M. 1999. *Ecologia reprodutiva e conservação de Virola surinamensis (Rol.) Warb. na região do estuário amazônico*. Tese de Doutorado, Universidade Estadual de Campinas. Campinas, 1999. 280p.
- Piña-Rodrigues, F.C.M.; Mota, C.G. 2000. Análise da atividade extrativa de virola (*Virola surinamensis* (Rol.) Warb.) no estuário amazônico. *Floresta e Ambiente*, 7(1): 40–53.
- Pinto, A.C.M., Souza, A.L., Souza, A.P., Machado, C.C., Minette, L.J., Vale, A.B. 2002. Análise de danos de colheita de madeira em floresta tropical úmida sob regime de manejo florestal sustentado na Amazônia Ocidental. *Árvore*, 26(4): 459–466.
- Prance, G.T. A terminologia dos tipos de florestas amazônicas sujeitas à inundação. *Acta Amazonica*, v. 10, n. 3, p. 495–504, 1980.
- Reis, L. P.; Ruschel, A. R.; Coelho, A. A.; Luz, A. S. da; Martins-da-Silva, R. C. V. 2010. Avaliação do potencial madeireiro na Floresta Nacional do Tapajós após 28 anos da exploração florestal. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 30(64): 265–281.

- Reis, L.P.; Silva, J.N.M.; Reis, P.C.M.; Carvalho, J.O.P.; Queiroz, W.T.; Ruschel, A.R. 2013. Efeito da exploração de impacto reduzido em algumas espécies de Sapotaceae no leste da Amazônia. *Floresta*, 43(3): 395–406.
- Reynolds, J.; Weir, B.S.; Cockerham, C.C. 1983. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105: 767–779.
- Riba-Hernández, P.; Segura, J.L.; Fuchs, E.J.; Moreira, J. 2014. Population and genetic structure of two dioecious timber species *Virola surinamensis* and *Virola koschnyi* (Myristicaceae) in southwestern Costa Rica. *Forest Ecology and Management*, 323: 168–176.
- Rist, L., Shanley, P., Sunderland, T., Sheil, D., Ndoye, O., Liswanti, N., Tieguhong, J. 2012. The impacts of selective logging on non-timber forest products of livelihood importance. *Forest Ecology and Management*, 268: 57–69.
- Rodrigues, W.A. 1976. *Revisão taxonômica das espécies de Virola (Myristicaceae) do Brasil*. Tese de Doutorado, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1976. 321p.
- Rodrigues, W.A. 1980. Revisão taxonômica das espécies de *Virola* Aublet (Myristicaceae). *Acta Amazonica*, 10(1).
- Santana, J.A.S. 2009. Padrão de distribuição e estrutura diamétrica de *Croton sonderianus* Muell. Arg. (marmeleiro) na Caatinga da Estação Ecológica do Seridó. *Verde*, 4(3): 85–90.
- Scabin, A.B.; Costa, F.R.C.; Schöngart, J. 2011. The spatial distribution of illegal logging in the Anavilhanas archipelago (Central Amazonia) and logging impacts on species. *Environmental Conservation*, 39 (2): 111–121.
- Sebbenn, A.M.; Carvalho, A.C.M.; Freitas, M.L.M.; Moraes, S.M.B.; Gaino, A.P.S.C.; Silva, J.M.; Jolivet, C.; Moraes, M.L.T. 2011. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. *Heredity*, 106: 134–145.
- 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.
- Shimizu, J.Y. 2007. Estratégia complementar para conservação de espécies florestais nativas: resgate e conservação de ecótipos ameaçados. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 54: 7–35.
- Silva, J. N. M.; Carvalho, J. O. P. de; Lopes, J do C. A.; Carvalho, M. S. P. de. The behavior of the tropical rain forest of the Brazilian Amazon after logging. 325 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Oxford University, Oxford, 1989.
- Silva, M. A. et al. Análise da distribuição espacial da Candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish) sujeita ao sistema de manejo porta-sementes. Universidade Federal de Lavras, 2008.
- Souza, C.R.; Lima, R.M.B.; Azevedo, C.P.; Rossi, L.M.B. 2008. Desempenho de espécies florestais para uso múltiplo na Amazônia. *Scientia Forestalis*, 36(77): 7–14.

- Tambarussi, E.V.; Vencovsky, R.; Freitas, M.L.M.; Sebbenn, A.M. 2013. Mendelian inheritance, genetic linkage and genotypic disequilibrium at nine microsatellite loci of *Cariniana legalis* (Mart.) O. Kuntze. *Genetics and Molecular Research*, 12: 5442–5457.
- Tello, J.C.R. 1995. Aspectos fitossociológicos das comunidades vegetais de uma topossequência da Reserva Florestal Ducke do INPA. Tese de Doutorado. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia/Universidade Federal do Amazonas, Manaus. 335pp.
- Weir, B.S. 1996. *Genetic Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data*. 1996. Sunderland, Sinauer Associates, Inc.
- Weir, B.S.; Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6): 1358–1370.
- Vencovsky, R.; Nass, L.L.; Cordeiro, C.M.T. ; Ferreira, M.A.J.F. 2007. Amostragem em recursos genéticos vegetais. In: Nass, L.L. (Org.). *Recursos Genéticos Vegetais*. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, 2007, p. 231–278.
- Vidal, M.D.; Raseira, M.B.; Ruffino, M.L. 2015. Manejo participativo dos recursos naturais amazônicos - a experiência do ProVárzea. *Biota Amazônia*, 1: 53–60.
- Viegas, M.P.; Silva, C.L.S.P.; Moreira, J.P.; Cardin, L.T.; Azevedo, V.C.R.; Ciampi, A.Y.; Freitas, M.L.M.; Moraes, M.L.T.; Sebbenn, A.M. 2011. Diversidade genética e tamanho efetivo de duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All., sob conservação *ex situ*. *Árvore*, 35(4): 769–779.
- Vieira, D.S., Gama, J.R.V., Andrade, D.F.C. 2014. Estrutura populacional e padrão de distribuição espacial de *Pouteria cladantha* Sandwith em uma floresta sob regime de manejo sustentável, Pará. *Biota Amazônia*, 4(3): 42–47.
- Vieira, S. 1980. *Introdução à bioestatística*. 3 ed. Rio de Janeiro, Elsevier. 1980. 196p.
- Vieira, T.A.; Rosa, L.S.; Vasconcelos, P.C.S.; Santos, M.M.; Modesto, R.S. 2007. Sistemas agroflorestais em áreas de agricultores familiares em Igarapé-Açu, Pará: caracterização florística, implantação e manejo. *Acta Amazonica*, 37(4): 549–558.
- Vranckx, G.; Jaquemyn, H.; Muys, B.; Honnay, O. 2011. Meta-analysis of susceptibility of woody plants to loss of genetic diversity through habitat fragmentation. *Conservation Biology*, 26 (2): 228–237.
- Zar, J.H. 1996. *Biostatistical Analysis*. 3rd ed. Prentice Hall International, London. 1996. 662 p.

LISTA DE FIGURAS

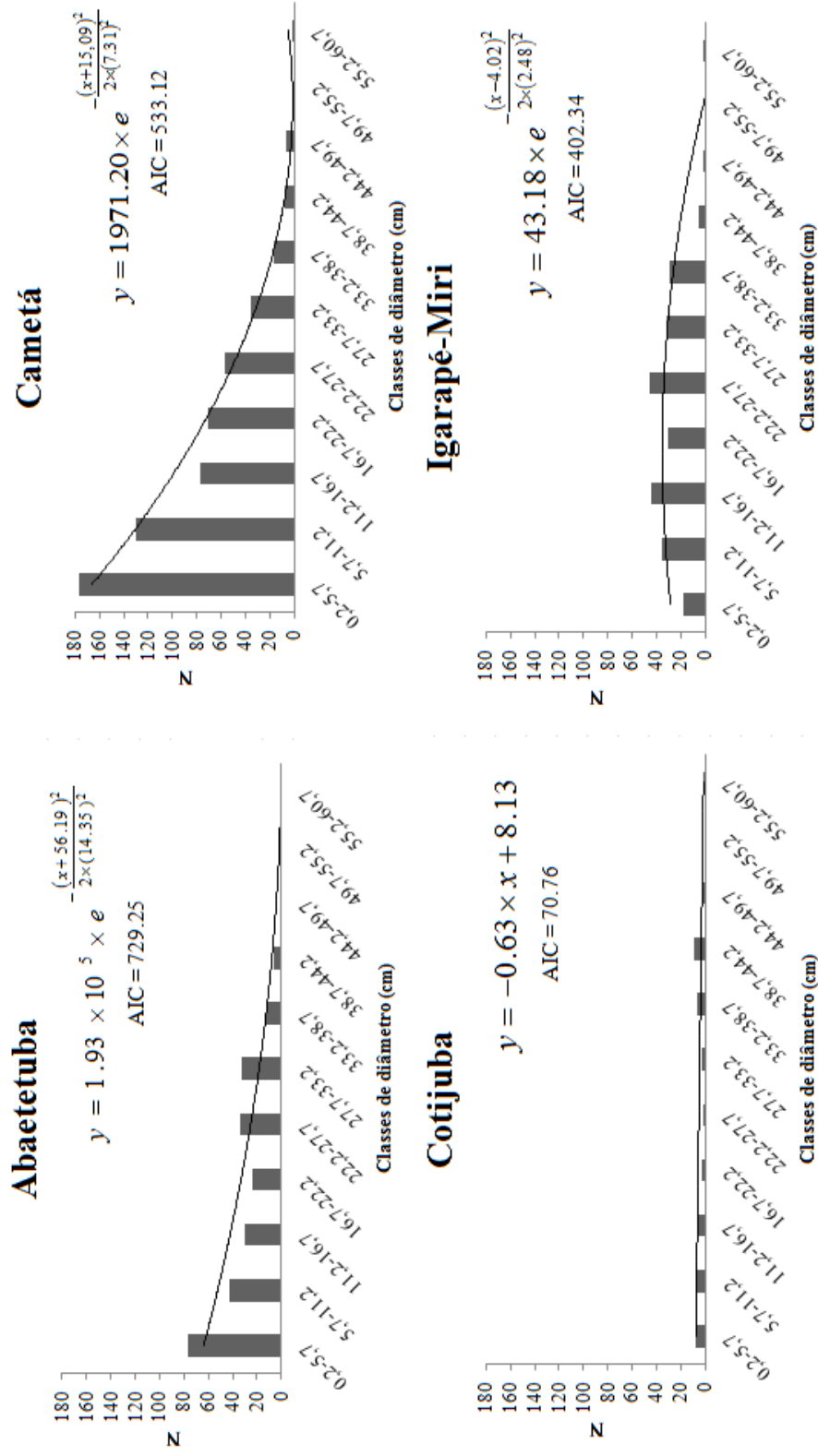


Figura 1 - Distribuição diamétrica das populações estudadas de *V. surinamensis* obtida nas regiões estudadas de Abaetetuba (n=318), Cametá (n=607), Cotijuba (n=52) e Igarapé-Miri (n=261). AIC = coeficiente de Akaike. Ano: 2015.

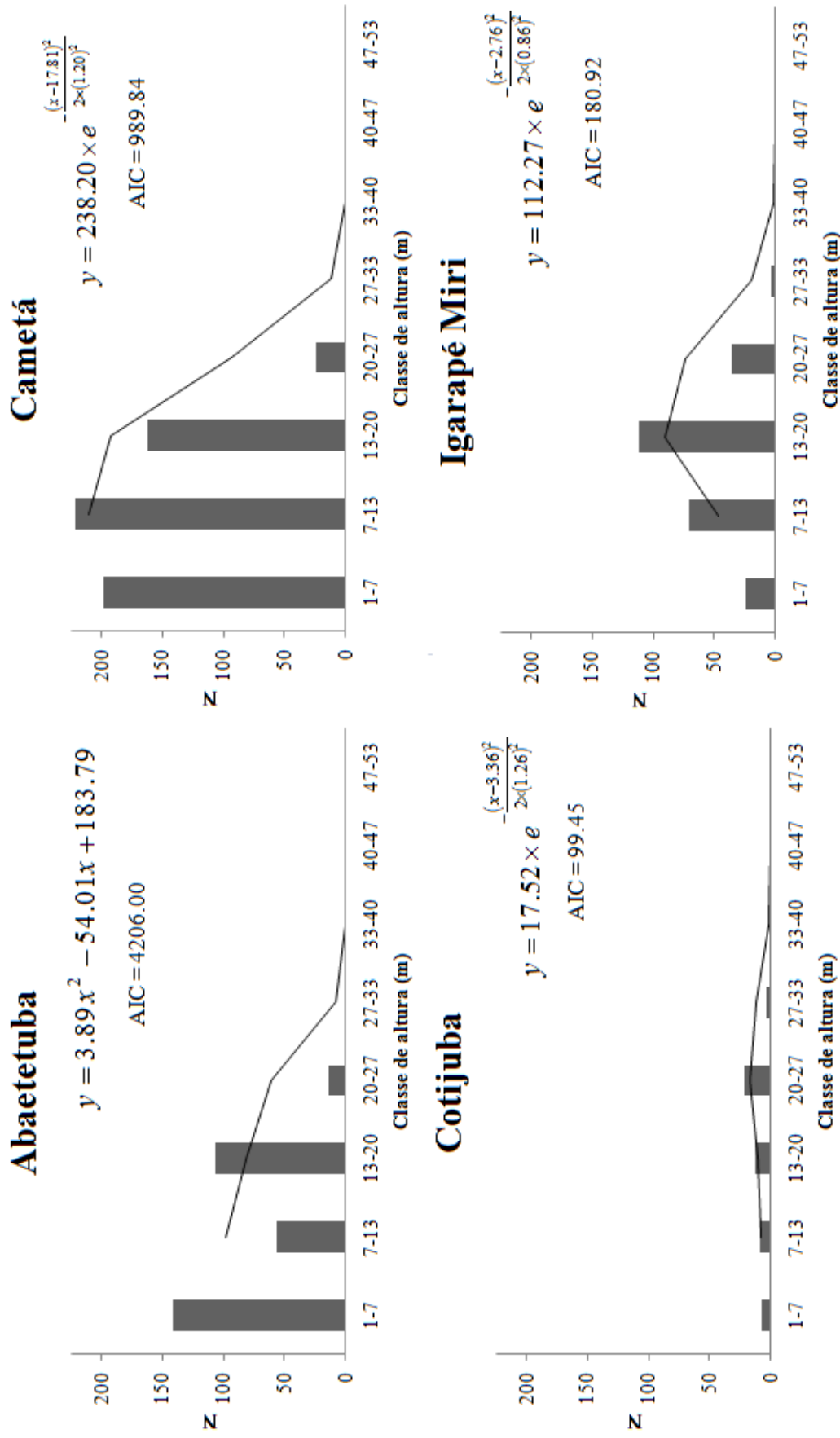


Figura 2 - Distribuição de altura das populações estudadas de *V. surinamensis* obtida nas regiões estudadas de Abaetetuba (n=320), Cametá (n=606), Cotijuba (n=55) e Igarapé-Miri (n=246). AIC = coeficiente de Akaike.

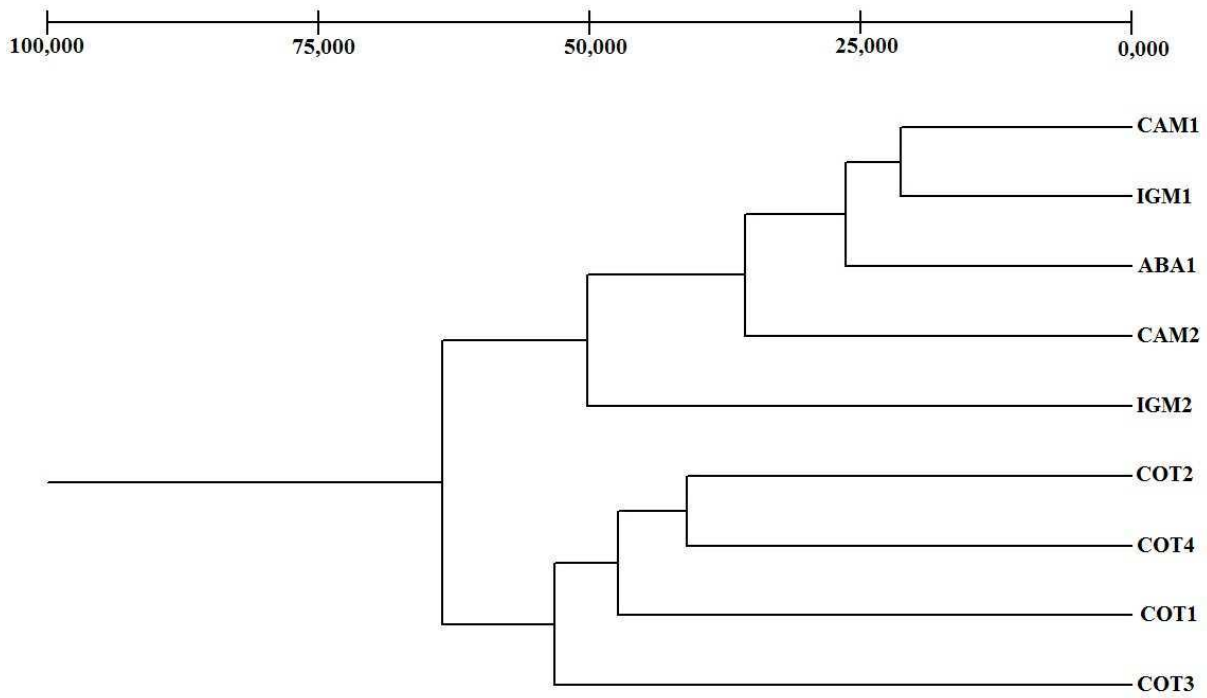


Figura 3 - Distâncias genéticas (Reynolds et al. 1983) para as populações estudadas: Abaetetuba-1 (ABA1), Cametá-1 (CAM1), Cametá-2 (CAM2), Cotijuba-1 (COT1), Cotijuba-2 (COT2), Cotijuba-3 (COT3), Cotijuba-4 (COT4), Igarapé-Miri-1 (IGM1), Igarapé-Miri-2 (IGM2). A linha tracejada representa a divergência genética entre as populações.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Dados de número de plantas (N), área total por população ($\acute{A}rea$, m^2), densidade (N/m^2) médias de diâmetro à altura do peito (DAP , cm) e altura (H , m) dos indivíduos amostrados. Resultado da análise de variância (F) quanto à distribuição diamétrica (DAP) e de altura (H) ($\alpha = 5\%$ de significância) e do teste de Tukey obtidos para as populações de *V. surinamensis* para as quatro regiões inventariadas. $\pm SD$ = desvio-padrão.

<i>População</i>	<i>N</i>	<i>Área (m²)</i>	<i>Densidade (N/m²)</i>	<i>DAP(±SD)(cm)</i>	<i>H(±SD)(m)</i>	<i>C_x</i>
Abaetetuba	317	9.750	30,76	15,6 (11,9) AB	7,9 (7,0)	0,1
Cametá	583	9.250	15,87	13,8 (10,8) B	11,7 (5,8)	0,1
Cotijuba	56	1.500	26,79	23,5 (15,8) A	16,8 (7,9)	0,6
Igarapé-Miri	246	11.250	45,73	20,3 (11,0) AB	14,6 (5,4)	0,1
<i>Total</i>	1202	31.750	26,41	16,1 (11,7)	12,8 (3,8)	-
<i>F</i>				4,204	1,769	
<i>P</i>				0,0112	0,176	

Tabela 2 – Estimativas genéticas populacionais para oito locos microsatélites em *V. surinamensis*: população, número de indivíduos (n), total de alelos em todos os locos (k), média de alelos (A), número de alelos privados (A_p), número de alelos raros (A_r , $p < 0,05$), frequências médias de alelos nulos (A_N), médias das heterozigosidades esperadas (H_e) e observadas (H_o), índice de fixação corrigido para o tamanho amostral (F_c), riqueza alélica (R_6) e tamanho efetivo (N_e). \pm SD = desvio-padrão.

População	n	k	A	A_p	A_r	A_N	H_e	H_o	F_c	R_6	N_e
Abacetuba-1	15	76	11,0 (2,0)	0	26	0,154 (0,081)	0,900 (0,055)	0,568 (0,147)	0,396 (0,158)	6,815	12,92
Cametá-1	21	100	13,0 (2,9)	7	32	0,175 (0,098)	0,912 (0,033)	0,390 (0,168)	0,588 (0,173)	7,446	0,00
Cametá-2	24	104	13,0 (2,2)	11	47	0,185 (0,098)	0,911 (0,042)	0,366 (0,157)	0,609 (0,170)	7,619	3,84
Cotijuba-1	17	77	9,6 (2,8)	3	22	0,184 (0,119)	0,881 (0,062)	0,372 (0,200)	0,599 (0,220)	6,678	15,00
Cotijuba-2	16	74	9,3 (1,5)	1	16	0,214 (0,055)	0,890 (0,027)	0,390 (0,100)	0,587 (0,100)	6,713	13,71
Cotijuba-3	11	67	8,0 (2,0)	2	6	0,136 (0,097)	0,875 (0,082)	0,328 (0,137)	0,656 (0,145)	6,699	3,60
Cotijuba-4	10	66	8,0 (1,0)	5	0	0,171 (0,105)	0,921 (0,064)	0,378 (0,146)	0,619 (0,153)	7,053	6,40
Igarapé-Mirri-1	10	60	8,0 (2,0)	2	0	0,187 (0,059)	0,898 (0,080)	0,237 (0,186)	0,767 (0,177)	6,427	6,40
Igarapé-Mirri-2	12	64	8,0 (2,0)	1	15	0,192 (0,136)	0,884 (0,063)	0,337 (0,153)	0,635 (0,189)	6,406	11,67
Média	15	76	9,8	4	18	0,178	0,896	0,374	0,606	6,873	8,18
(\pm SD)	(5)	(16)	(2,1)	(4)	(15)	(0,023)	(0,016)	(0,087)	(0,096)	(1,163)	(5,30)

Tabela 3 – Médias ponderadas para os coeficientes de coancestria das populações: sem parentesco (*SP*), primos de primeiro grau (*P1*), meios irmãos (*MI*), irmãos completos (*IC*), número de indivíduos (*n*), média dos índices de fixação para a classe de indivíduos amostrada (\bar{x}), classificação de parentesco (*C*), parentesco não detectado (*ND*), considerando as proporções esperadas de 0.0625 (*P1*), 0.125 (*MI*) e 0.250 (*IC*).

População	<i>SP</i>		<i>P1</i>		<i>MI</i>		<i>IC</i>		Total		<i>C</i>
	<i>n</i>	\bar{x}	<i>n</i>	\bar{x}	<i>n</i>	\bar{x}	<i>n</i>	\bar{x}	<i>n</i>	\bar{x}	
Abaetetuba-1	5	0.013	9	0.077	5	0.145	0	NE	19	0.078	<i>P1</i>
Cametá-2	4	0.020	2	0.071	2	0.0131	1	0.270	9	0.084	<i>P1</i>
Cotijuba-1	9	0.017	8	0.062	4	0.133	1	0.236	22	0.064	<i>P1</i>
Cotijuba-2	5	0.016	9	0.064	3	0.106	3	0.224	20	0.082	<i>P1</i>
Cotijuba-4	3	0.021	1	0.041	1	0.136	0	NE	5	0.048	<i>SP</i>
Igarapé-Miri-1	1	0.020	0	NE	1	0.132	0	NE	2	0.076	<i>P1</i>
Igarapé-Miri-2	2	0.025	1	0.066	2	0.128	0	NE	5	0.074	<i>P1</i>
Média	3	0.015	3	0.042	2	0.101	1	0.081	9	0.056	<i>P1</i>

NE = não estimado.

MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela 1 – Resultado da análise de variância quanto à distribuição de altura (m) para as quatro regiões inventariadas ($\alpha = 5\%$ de significância), em que SQ é a soma de quadrados; GL são os graus de liberdade; QM é o quadrado médio; F é o valor estatístico significativo não tabelado; p é o valor estatístico significativo tabelado.

Fonte de Variação	SQ	GL	QM	F	P
Regiões	19599,3	3	6533,11	1,769	0,176
População por Região (Resíduos)	103428	28	3693,85		
Total	123027	31			

Tabela 2 – Médias das distâncias em coordenadas geográficas (em metros) entre indivíduos adultos e regenerantes nas populações estudadas de *V. surinamensis*. Ano: 2015.

População	Adultos		Regenerantes	
	$y_a (\pm SD)(m)$	$x_a (\pm SD)(m)$	$y_j (\pm SD)(m)$	$x_j (\pm SD)(m)$
Abaetetuba	49.3 (27.4)	4.9 (3.4)	48.9 (27.6)	4.8 (3.4)
Cametá	46.0 (28.8)	4.8 (3.0)	46.3 (28.7)	4.8 (3.0)
Cotijuba	35.0 (23.9)	4.3 (3.1)	38.6 (23.5)	4.1 (3.2)
Igarapé-Miri	48.2 (29.5)	5.1 (3.0)	48.7 (29.3)	5.1 (3.0)
Média	44.6 (6.6)	4.8 (0.3)	45.6 (4.8)	4.7 (0.4)

Tabela 3 – Estimativas de diversidade genética de *V. surinamensis* por loco e população: número de alelos por loco (A), estimativa de alelos nulos (A_N), riqueza alélica (R_x), onde X é o número de indivíduos genotipados sem falhas para todos os locos, para a população), heteroziguidade observada (H_o), esperada (H_e) e índice de fixação corrigido para populações pequenas (F_C).

<i>Cametá-1 (n=21)</i>												
<i>População</i>	<i>A</i>	<i>A_N</i>	<i>R₁₉</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_C</i>	<i>A</i>	<i>A_N</i>	<i>R₁₉</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_C</i>
Vsur34	13	0,089	12,85	0,350	0,937	0,641	12	0,268	11,80	0,250	0,884	0,727
Vsur56	10	0,144	9,85	0,300	0,880	0,673	13	0,045	12,75	0,550	0,924	0,423
Vsur58	8	0,133	8,00	0,263	0,851	0,704	11	0,160	10,37	0,305	0,851	0,654
Vsur2-35	12	0,244	11,78	0,286	0,925	0,704	13	0,242	12,78	0,174	0,950	0,824
Vsur2-41	16	0,269	15,70	0,250	0,950	0,748	18	0,279	17,73	0,286	0,976	0,717
Vsur2-55	12	0,295	12,00	0,474	0,908	0,497	13	0,217	12,78	0,318	0,931	0,670
Vsur2-58	12	0,213	11,90	0,450	0,905	0,521	11	0,238	10,68	0,409	0,869	0,544
Vseb3	17	0,010	16,65	0,751	0,936	0,221	13	0,030	12,54	0,637	0,903	0,314
<i>Média (±SD)</i>	13(2.9)	0,175 (0,098)	12,34 (2,82)	0,390 (0,168)	0,912 (0,033)	0,588 (0,173)	13 (2,2)	0,185 (0,098)	12,68 (2,26)	0,366 (0,157)	0,911 (0,042)	0,609 (0,170)
<i>Total</i>	100						104					
<i>Igarapé-Miri-1 (n=10)</i>												
<i>População</i>	<i>A</i>	<i>A_N</i>	<i>R₁₁</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_C</i>	<i>A</i>	<i>A_N</i>	<i>R₁₁</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_C</i>
Vsur34	11	0,155	10,57	0,583	0,917	0,394	5	0,200	5,00	0,000	0,905	1,000
Vsur56	12	0,092	12,00	0,728	0,950	0,266	9	0,176	7,81	0,334	0,917	0,666
Vsur58	7	0,151	6,40	0,534	0,793	0,357	6	0,138	5,48	0,111	0,806	0,875
Vsur2-35	10	0,326	9,34	0,267	0,933	0,730	7	0,217	7,00	0,286	0,940	0,722
Vsur2-41	14	0,168	13,32	0,583	0,962	0,423	10	0,241	9,09	0,333	0,979	0,496
Vsur2-55	10	0,092	9,21	0,615	0,859	0,315	9	0,188	7,67	0,500	0,917	0,689
Vsur2-58	9	0,179	8,45	0,499	0,887	0,464	4	0,074	3,92	0,000	0,750	1,000
Vseb3	14	0,067	11,47	0,734	0,900	0,218	10	0,261	8,94	0,333	0,972	0,686
<i>Média (±SD)</i>	11 (2)	0,154 (0,081)	10,10 (2,20)	0,568 (0,147)	0,900 (0,055)	0,396 (0,158)	8 (2)	0,187 (0,059)	6,86 (1,89)	0,237 (0,186)	0,898 (0,080)	0,767 (0,177)

Total

87

60

População

Igarapé-Miri-2 (n=12)

Cotijuba-1 (n=17)

Loco	A	A _N	R ₇	H _o	H _e	F _C	A	A _N	R ₇	H _o	H _e	F _C
Vsur34	7	0,385	6,62	0,111	0,917	0,889	11	0,039	7,07	0,470	0,886	0,492
Vsur56	5	0,001	5,00	0,428	0,786	0,489	10	0,055	6,56	0,706	0,879	0,226
Vsur58	9	0,124	7,29	0,273	0,909	0,722	7	0,153	5,49	0,286	0,819	0,668
Vsur2-35	7	0,350	6,13	0,182	0,891	0,811	9	0,246	6,69	0,267	0,902	0,719
Vsur2-41	9	0,122	7,47	0,363	0,895	0,621	12	0,321	8,44	0,363	0,959	0,639
Vsur2-55	10	0,298	8,84	0,300	0,967	0,712	14	0,349	8,42	0,250	0,952	0,751
Vsur2-58	10	0,147	7,92	0,454	0,918	0,537	5	0,222	4,32	0,071	0,775	0,913
Vseb3	7	0,109	5,78	0,584	0,792	0,303	9	0,086	6,45	0,562	0,877	0,385
Média (±SD)	8 (2)	0,192 (0,136)	6,88 (1,25)	0,337 (0,153)	0,884 (0,063)	0,635 (0,189)	9,6 (2,8)	0,184 (0,119)	6,68 (1,38)	0,372 (0,200)	0,881 (0,062)	0,599 (0,220)
Total	64						77					

População

Cotijuba-2 (n=16)

Cotijuba-3 (n=11)

Loco	A	A _N	R ₆	H _o	H _e	F _C	A	A _N	R ₆	H _o	H _e	F _C
Vsur34	9	0,113	6,57	0,438	0,894	0,533	10	0,000	7,72	0,455	0,941	0,555
Vsur56	8	0,221	6,17	0,375	0,885	0,597	9	0,109	7,01	0,455	0,909	0,538
Vsur58	8	0,289	5,87	0,286	0,830	0,674	5	0,239	4,69	0,143	0,714	0,818
Vsur2-35	8	0,168	6,69	0,500	0,906	0,473	8	0,262	6,45	0,182	0,905	0,817
Vsur2-41	11	0,203	7,18	0,428	0,887	0,540	11	0,158	8,50	0,200	0,978	0,814
Vsur2-55	11	0,232	7,18	0,466	0,890	0,501	8	0,150	6,56	0,300	0,883	0,689
Vsur2-58	8	0,223	6,80	0,384	0,913	0,600	9	0,000	6,80	0,444	0,826	0,502
Vseb3	11	0,267	7,24	0,214	0,912	0,778	7	0,172	5,85	0,444	0,840	0,511
Média (±SD)	9,3 (1,5)	0,214 (0,055)	6,71 (0,50)	0,390 (0,100)	0,890 (0,027)	0,587 (0,100)	8 (2)	0,136 (0,097)	6,70 (1,15)	0,328 (0,137)	0,875 (0,082)	0,656 (0,145)
Total	74						67					

<i>Cotijuba-4 (n=10)</i>							
<i>População</i>	<i>A</i>	<i>A_N</i>	<i>R₆</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_C</i>	<i>F_C</i>
Vsur34	9	0,153	7,50	0,600	0,933	0,402	0,402
Vsur56	8	0,138	5,98	0,500	0,856	0,459	0,459
Vsur58	5	0,169	5,00	0,334	0,800	0,617	0,617
Vsur2-35	8	0,359	6,93	0,111	0,944	0,893	0,893
Vsur2-41	9	0,102	7,63	0,444	0,951	0,570	0,570
Vsur2-55	10	0,000	8,22	0,400	0,967	0,620	0,620
Vsur2-58	8	0,200	8,00	0,333	1,000	0,695	0,695
Vseb3	9	0,250	7,16	0,300	0,917	0,701	0,701
<i>Média (±SD)</i>	8 (1)	0,171 (0,105)	7,05 (1,08)	0,378 (0,146)	0,921 (0,064)	0,619 (0,153)	0,619 (0,153)
<i>Total</i>	66						

±SD=desvio-padrão

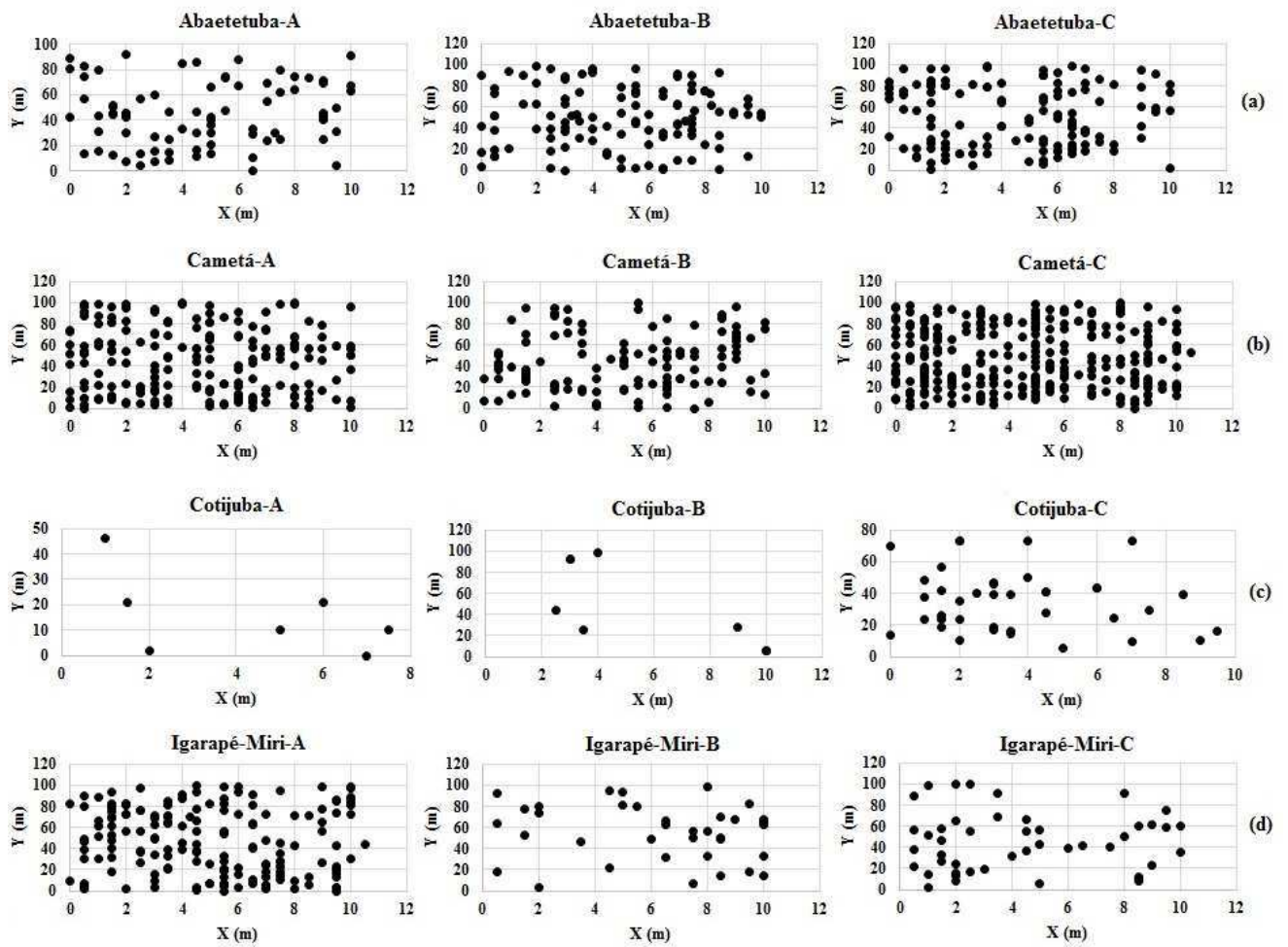


Figura 1 - Distribuição espacial das populações inventariadas, em que X e Y são as distâncias (coordenadas) geográficas das árvores em relação às linhas base e mestra, em metros, dentro das parcelas.

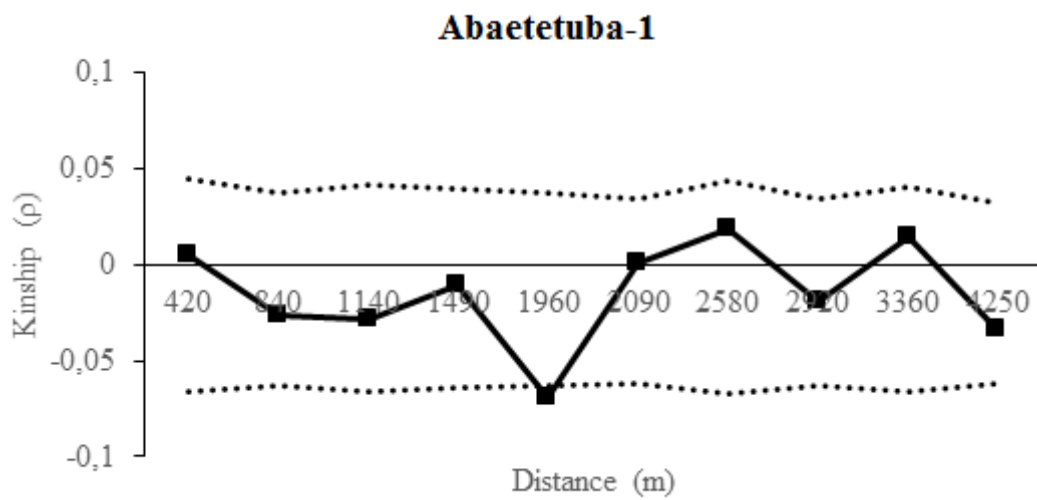


Figura 2 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (1960 m) para a população Abaetetuba-1 ($\alpha = 95\%$).

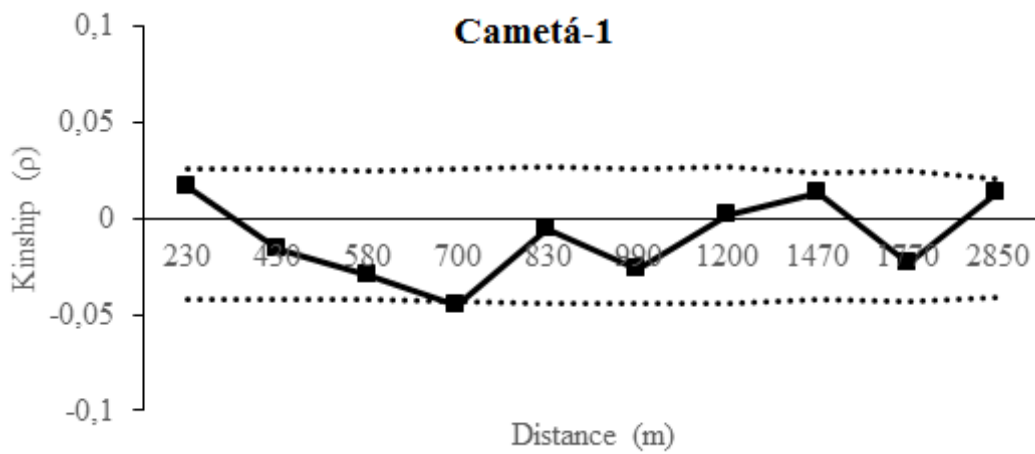


Figura 3 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (700m) para a população Cametá-1 ($\alpha = 95\%$).

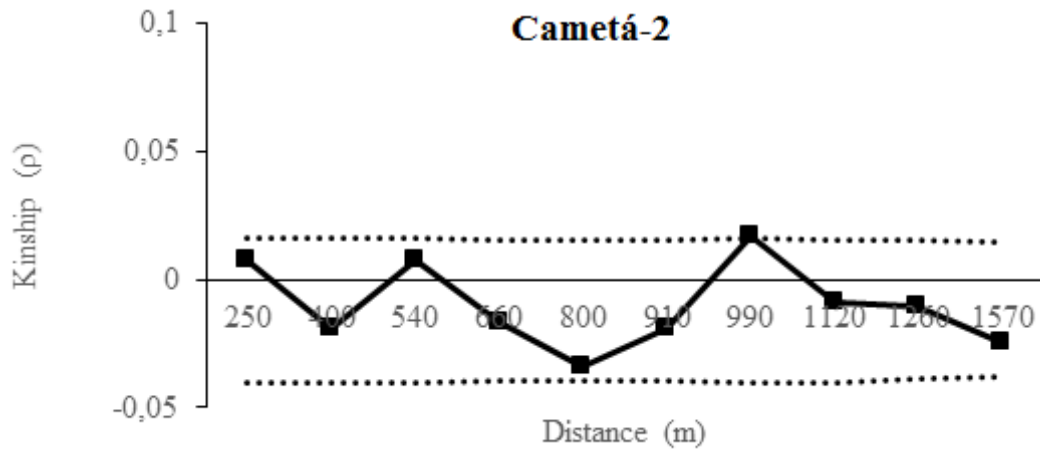


Figura 4 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (800m) para a população Cametá-2 ($\alpha = 95\%$).

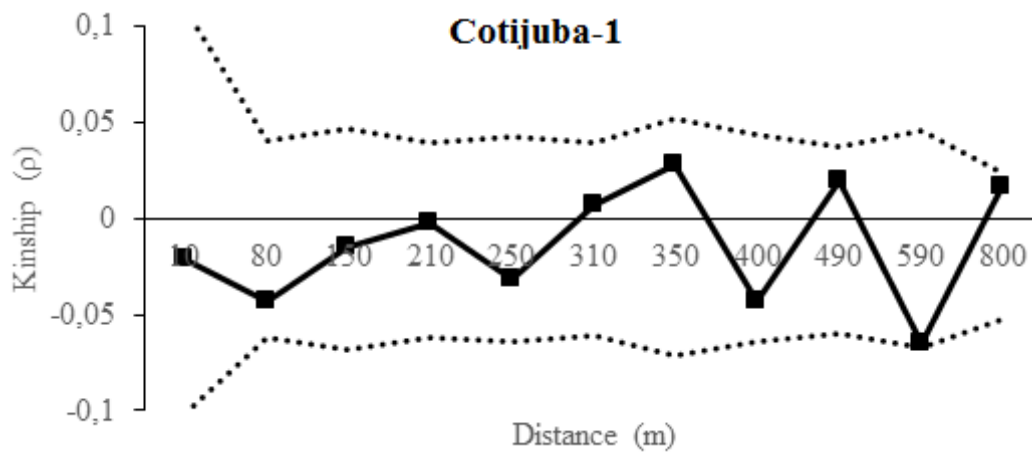


Figura 5 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (590m) para a população Cotijuba-1 ($\alpha = 95\%$).

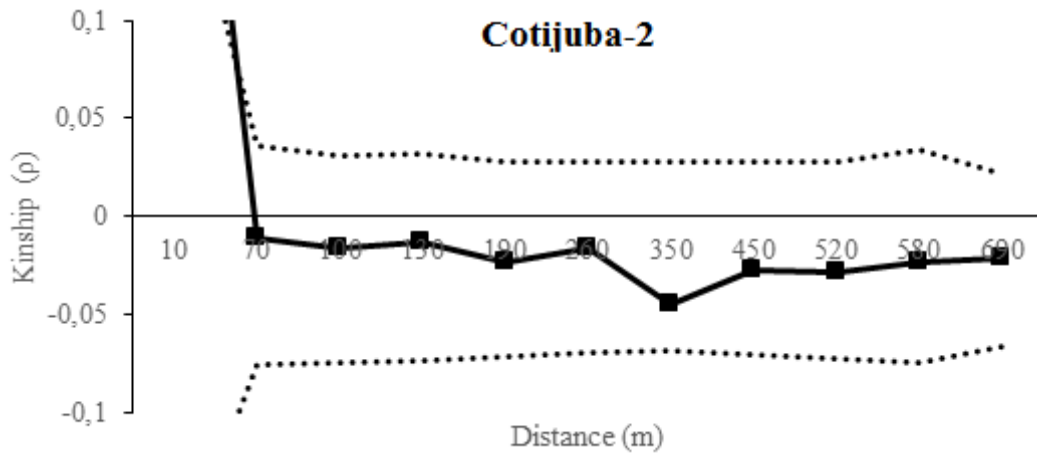


Figura 6 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (60m) para a população Cotijuba-2 ($\alpha = 95\%$).

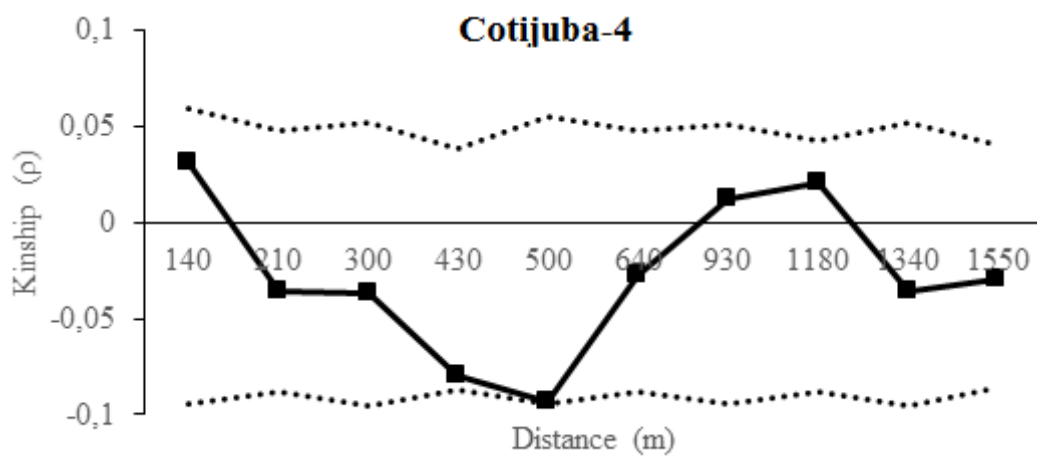


Figura 7 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (500m) para a população Cotijuba-4 ($\alpha = 95\%$).

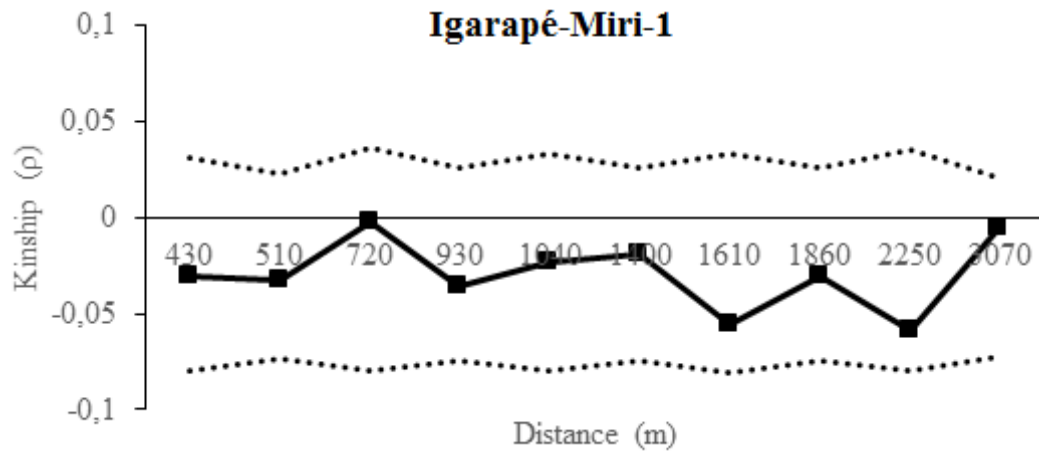


Figura 8 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (0m) para a população Igarapé-Miri-1 ($\alpha = 95\%$).

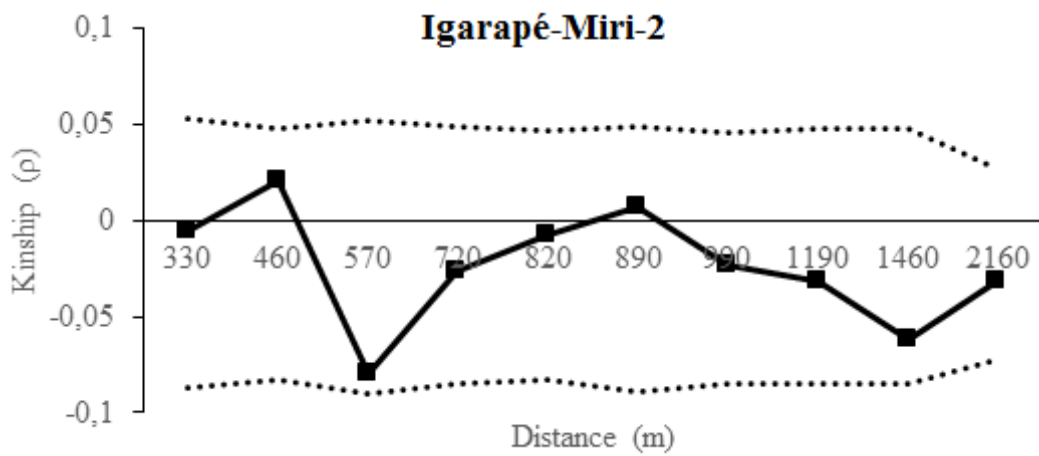


Figura 9 - Estrutura genética espacial intrapopulacional (570m) para a população Igarapé-Miri-2 ($\alpha = 95\%$).

4. CONCLUSÕES GERAIS

Nas condições para as comunidades estudadas, *Virola surinamensis* (Rol. ex Rottb.) Warb. (Myristicaceae) apresenta potencial para a conservação, dado o seu histórico exploratório, devido aos índices de diversidade razoáveis e ausência de estrutura genética espacial, sobretudo ao considerarmos as populações de Cameté e Abaetetuba. É destas áreas que materiais genéticos com fins de conservação poderiam ser coletados, evitando assim, em longo prazo, os problemas ocasionados por cruzamentos entre indivíduos aparentados. Estratégias de conservação *ex situ* também podem ser adotadas, não só nas áreas de estudo, mas como em todo o ecossistema amazônico, a fim de conservar as populações remanescentes. Com relação à prospecção de material genético, sob a forma de coleta de sementes, principalmente, medidas como a coleta parcial da produção das matrizes para fins industriais, coletas feitas em dias intervalados ajudam tanto na produção, quanto na regeneração e na dispersão da espécie. A separação das sementes colhidas para a indústria das sementes em estágios iniciais de germinação, podem ser retornadas à natureza em seu estado natural e para a produção de mudas, facilitando a regeneração natural. Plantios puros com fins de seleção, o estabelecimento de bancos genéticos e a implantação de sistemas agroflorestais também são alternativas, visando à produção sustentável, a manutenção da espécie na natureza e a geração de renda alternativa para as comunidades dependentes da espécie. Pode-se pensar também em concessões de uso de áreas públicas, visando a coleta de produtos não madeireiros, visto que a legislação vigente proíbe o corte da espécie estudada.

O presente trabalho se tornou inovador por aliar ferramentas moleculares e de campo, ou seja, juntou a Ecologia e a Genética, com o intuito de avaliar o *status* de uma

espécie na natureza. É notável que os trabalhos recentemente publicados relacionados à conservação das espécies ou utiliza uma vertente, ou outra, mas nunca as duas juntas. Neste caso, foi constatado que as duas áreas foram extremamente complementares, com uma respondendo às grandes questões levantadas para a outra, e vice versa. Não se pode esquecer que este trabalho teve atividades diferenciadas, que permitiram a avaliação da espécie em questão sob diferentes pontos de vista, contribuindo para um resultado mais completo e mais substancial. Mesmo com poucos indivíduos amostrados quanto às questões genéticas, os resultados obtidos mostraram que a espécie tem potencial para a conservação, dado o seu potencial comercial, além de gerar renda para as comunidades dependentes da floresta. Ainda assim, este é um passo inicial: a determinação de seu sistema de cruzamento, para a identificação dos descendentes e avaliação dos cruzamentos entre as matrizes constitui-se numa proposta futura, a fim de corroborar ou não os resultados encontrados neste trabalho.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AIMEX. 2010. **Produção madeireira no Estado do Pará no ano de 2009**. Circular n. 05/2010. 19/01/2010. Relatório interno.

ALMEIDA, S.S., AMARAL, D.D., SILVA, A.S.L. Análise florística e estrutura de florestas de várzea no estuário amazônico. **Acta Amazonica**, v.34, n.4, 2004, p. 513-524.

ARAÚJO, I.F., SOUZA, A.L. Economia solidária como estratégia de desenvolvimento territorial: o caso do Baixo Tocantins, com ênfase na experimentação de Igarapé-Miri/Pará. **Novos Cadernos NAEA**, v.16, n.1, supl., p. 43-67, jun. 2013.

ASNER, G.P., KNAPP, D.E., BROADBENT, E.N., OLIVEIRA, P.J.C., KELLER, M., SILVA, J.N. Selective Logging in the Brazilian Amazon. **Science**, v.310, 2005, p. 480-482.

BRAMMER, S.P. **Marcadores moleculares: princípios básicos e uso em programas de melhoramento genético vegetal**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2000. 12p.

BRASIL. **Decreto nº1963, de 25 de julho de 1996**. Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil, Brasília, 26jul. 1996. Seção 1, p. 3.

_____. **Instrução Normativa nº6, 23 de setembro de 2008**. Brasília, DF.

_____. **Decreto nº 443, de 17 de dezembro de 2014**. Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil, Brasília, 18 dez. 2014. Seção 1, p. 117.

CAETANO, A.R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, 2009, p. 64-71 (suplemento especial).

CAVERS, S.; DEGEN, B.; CARON, H.; LEMES, M.R.; MARGIS, R.; SALGUEIRO, F.; LOWE, A.J. Optimal sampling strategy for estimation of spatial genetic structure in tree populations. **Heredity**, v.95, 2009, p. 281-289.

- CORRÊA, E. J. A. **O arranjo produtivo local dos construtores de barcos artesanais: fundamentos para o desenvolvimento endógeno do Baixo Tocantins (PA)**. Dissertação (Mestrado em Planejamento do Desenvolvimento) – Núcleo de Altos Estudos Amazônicos, Universidade Federal do Pará, Belém, 2010.
- CROAT, T.B. **Flora of Barro Colorado Island**. Stanford University Press, Stanford. 1978. 962p.
- DICK, C.W.; HARDY, O.J.; JONES, F.A.; PETIT, R.J. Spatial scales of pollen and seed-mediated gene flow in tropical rain forest trees. **Tropical Plant Biology**, 1: 20-33, 2008.
- FERREIRA, L.V., CUNHA, D.A., PAROLIN, P. Effects of logging on *Virola surinamensis* in an Amazonian floodplain forest. **Environment Conservation Journal**, 15(3), 1-8, 2014.
- FERREIRA, M.E.F., GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3 ed. Brasília: Embrapa-Cenargem, 1998. 220p.
- FRAGOSO, M. **Diagnóstico da produção familiar e extrativa de populações da região do baixo Tocantins (PA)**. Dissertação de Mestrado, Pós-graduação em Agroecologia e Desenvolvimento Rural, UFSCar –Araras. 2016.
- FRANKHAM, R., BRISCOE, D.A., BALLOU, J.D. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge University Press, 2002. 617p.
- FRANKHAM, R. Where are we in conservation genetics and where do we need to go? **Conservation Genetics**, v.11, p. 661-663. 2010.
- GALUPPO, S.C., CARVALHO, J.O.P. **Ecologia, manejo e utilização da *Virola surinamensis* (Rol.) Warb.** Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2001. 38p.

GUPTA, P.K., BALYAN, H.S., SHARMA, P.C., RAMESH, B. Microsatellites in plants: a new class of molecular markers. **Current Science**, v.70, n.1, jan.1996, p.45-54.

GURGEL, E.S.C., CARVALHO, A.C.M., SANTOS, J.U.M., SILVA, M.F. *Virola surinamensis* (Rol. ex Rottb.) Warb. (Myristicaceae): aspectos morfológicos do fruto, semente, germinação e plântula. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi de Ciências Naturais**, Belém, v.1, n.2, p. 37-46, maio-ago. 2006.

HEDRICK, P. W. **Genetics of populations**. Sudbury: Jones and Bartlett Publishers, 1999. 552 p.

HUMMEL, A. C., ALVES, M. V. S., PEREIRA, D., VERÍSSIMO, A., SANTOS, D. (2010). **A atividade madeireira na Amazônia brasileira: produção, receita e mercados** (p. 20). Belém/Brasília: Imazon e Serviço Florestal Brasileiro - SFB.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Cidades: Abaetetuba**. Disponível em

<http://cidades.ibge.gov.br/xtras/perfil.php?codmun=150010>. Acesso em 18/01/2016.

_____. **Cidades: Cametá**. Disponível em

<http://www.cidades.ibge.gov.br/painel/painel.php?lang=&codmun=150210&search=%7Ccameta>. Acesso em 18/01/2016.

_____. **Cidades: Igarapé-Miri**. Disponível em:

<http://cidades.ibge.gov.br/painel/historico.php?codmun=150330>. Acesso em 18/01/2016.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA (INMET). 2016. Dados climáticos das Estações de Belém e Cametá: série histórica de 2015. **Banco de dados do Instituto Nacional de Meteorologia**. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/> Acesso em: 10/01/2016.

INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS (INPE). **Projeto PRODES:**

monitoramento da floresta amazônica brasileira por satélite. Disponível em

<http://www.obt.inpe.br/prodes/index.php>. Acesso em 11/04/2015.

INTERNATIONAL UNION FOR CONSERVATION OF NATURE (IUCN). **The IUCN Red**

List of Threatened Species. Version 2014.3. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 12 April 2015.

JARDIM, M.A.G., MOTA, C.G. Biologia floral de *Virola surinamensis* (Rol.) Warb.

(Myristicaceae). **Árvore**, Viçosa-MG, v.31, n.6, p.1155-1162, 2007.

KAGEYAMA, P.Y., DIAS, I.S. Aplicación de conceptos genéticos a especies forestales nativas en Brasil. **Información sobre Recursos Genéticos Forestales**, v.13, p. 2-10. 1985.

KÖPPEN, W. 1948. **Climatología: con un estudio de los climas de la tierra.** México, Fondo de Cultura Económica. 1948. 479p.

LEITE, A.M.C., LLERAS, E. Áreas prioritárias na Amazônia para conservação dos recursos genéticos de espécies florestais nativas: fase preliminar. **Acta bot. bras.**, 7(1): 1993.

LEITE, H.G., GAMA, J.R.V., CRUZ, J.P., SOUZA, A.L. Função de afilamento para *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. **Árvore**, Viçosa-MG, v.30, n.1, p.99-106, 2006.

MAUÉS, M.M., OLIVEIRA, P.E.A.M. Consequências da fragmentação do habitat na ecologia reprodutiva de espécies arbóreas em florestas tropicais, com ênfase na Amazônia. **Oecologia Australis**, v.14, n.1, p.238-250. Mar. 2010.

MONTEIRO, A.S., SILVA, R.S., COSTA, A.P.D. Caracterização da atividade produtiva do fruto Açaí (*Euterpe oleracea* Mart.) no Baixo Tocantins: comunidade Costa Maratauíra, Abaetetuba/PA. **Cadernos de Agroecologia**, v.9, n.4, nov. 2014.

MONTEIRO, G. **Ilha em Belém é destino inexplorado em plena região metropolitana.**

Disponível em <http://g1.globo.com/pa/para/noticia/2012/07/ilha-em-belem-e-destino-inexplorado-em-plena-regiao-metropolitana.html>. Acesso em 18/01/2016.

MORAIS, L.R.B., GUTJAHR, E. **Química de oleaginosas: valorização da biodiversidade amazônica.** Brasília: Cooperação Técnica Alemã, 2009. 43p.

NASCIMENTO-OLIVEIRA, T., BRANDÃO, L. P., PENA, H. A. Análise da dinâmica da estrutura produtiva do município de Cametá, Amazônia - Brasil. **Observatorio de la Economía Latinoamericana**, n. 194, 2014. Disponível em:

<http://www.eumed.net/cursecon/ecolat/br/14/economia-cameta.html>

NEVES, E.J.M., SANTOS, A.F., MARTINS, E.G.. ***Virola surinamensis*: silvicultura e usos.** Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 27p.

OLIVEIRA, E. A. G., PORTILHO, E. S., MENEZES, N. S., GOMES, B. T. F., BATISTA, W. C. F., SAITER, O. Ribeirinhos da Amazônia: um relato da vivência no município de Igarapé-Miri-Pará. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.2, n.2, out. 2007.

PIERCE, B.A. **Genética: um enfoque conceitual.** 3 ed. Rio de Janeiro, Guanabara Koogan, 2011. 774p.

PIÑA-RODRIGUES, F.C.M. Caracterização do extrativismo madeireiro na região do estuário amazônico. **Informativo Agroflorestal**, v.6, n.2, p.3-5, 1994.

PIÑA-RODRIGUES, F.C.M. **Ecologia reprodutiva e conservação de *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. na região do estuário amazônico.** Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de Campinas. Campinas, 1999.

PIÑA-RODRIGUES, F.C.M.; FIGLIOLIA, M.B. 2005. Embryo immaturity associated with delayed germination in recalcitrant seeds of *Virola surinamensis* (Rol.) Warb. (Myristicaceae). **Seed Science and Technology** 33(2):375-386.

PIÑA-RODRIGUES, F.C.M., FRANCO, F.S., CAPELLO, F.F.M., SCARAVELLI, F.S., BUCK, P.V. Conservação ex-situ: dos bancos genéticos aos sistemas agroflorestais. In: PIRATELLI, A.J., FRANCISCO, M.R. (Org.). **Conservação da Biodiversidade: dos conceitos às ações**. 1ed. Rio de Janeiro: Technical Books, 2013, v. 1, p. 131-184.

PIÑA-RODRIGUES, F.C.M., MOTA, C.G. Análise da atividade extrativa de virola (*Virola surinamensis* (Rol.) Warb.) no estuário amazônico. **Floresta e Ambiente**, v.7, n.1, p.40-53, jan./dez. 2000.

PIRES, I.E., RESENDE, M.D.V., SILVA, R.L., RESENDE Jr., M.F.R. **Genética Florestal**. Viçosa: Arka, 2011. 318p.

PRANCE, G. T. Notes on the vegetation of Amazonia III. The terminology of Amazonian forest types subject to inundation. **Brittonia**, v. 31, p. 26-38. 1979

RIBA-HERNÁNDEZ, P., SEGURA, J.L., FUCHS, E.J., MOREIRA, J. Population and genetic structure of two dioecious timber species *Virola surinamensis* and *Virola koschnyi* (Myristicaceae) in southwestern Costa Rica. **Forest Ecology and Management** (2014) (in press).

RODRIGUES, W.A. A ucuúba de várzea e suas aplicações. 1972. **Acta Amazonica**, 2(2): 29-47.

_____. **Revisão taxonômica das espécies de *Virola* (Myristicaceae) do Brasil**. 1976. 321f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de Campinas. Campinas. 1976.

_____. Revisão taxonômica das espécies de *Virola* Aublet (Myristicaceae). **Acta Amazonica**, v.10, n.1, 1980.

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. 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 (2008) 335–349.

SILVA, C. G., DIAS, A.D; MORAES; Y.S.,MORAES, S. C. Turismo e sustentabilidade nas comunidades varzeiras do município de Abaetetuba, Estado do Pará. **Sociedade e Desenvolvimento Rural Online**, v.7, n.2, Abril-2013.

SMERALDI, R., MAY, P.H., PAGNOCCHESCHI, B., SAWYER, D., LIMA, F.V. **Políticas públicas coerentes para uma Amazônia sustentável: o desafio da inovação e o programa piloto**. Disponível em http://philip.inpa.gov.br/publ_livres/1996/FOE%20politicass%20publicas%20port.pdf. Acesso em 01/03/2016.

VAREJÃO, M.J.C., NASCIMENTO, C.S., CRUZ, I.A. Avançando fronteiras: potencial químico, ecológico-econômico de espécies florestais de São Gabriel da Cachoeira, AM. In:

VINSON, C.C., KANASHIRO, M., SEBBENN, A.M., WILLIAMS, T.C.R., HARRIS, S.A., BOSHIER, D.H. Long-term impacts of selective logging on two Amazonian tree species with contrasting ecological and reproductive characteristics: inferences from Eco-gene model simulations. **Heredity** (2014), p1-10.