



**MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE**  
**INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE**  
**CENTRO NACIONAL DE AVALIAÇÃO DA BIODIVERSIDADE E DE PESQUISA E**  
**CONSERVAÇÃO DO CERRADO**

Via Epia, BR 450, KM 8,5 , PNB, - Bairro PNB - Brasília - CEP 70635-800

Telefone: (61)2028-9097

Parecer SEI nº 13/2020-CBC/DIBIO/ICMBio

**Número do Processo:** 02070.008897/2018-59

**Assunto:** Delineamento de trabalho relacionado à “Diversidade genética de espécies arbóreas” para a Avaliação de impactos e Monitoramento da flora terrestre nos estados de Minas Gerais e Espírito Santo.

**Interessado:** Câmara Técnica de Conservação e Biodiversidade - CTBio

Este parecer pretende avaliar a pertinência do delineamento metodológico para caracterizar a diversidade genética de duas espécies arbóreas (*Lecythis pisonis* Cambess) e Jacarandá-da-bahia (*Dalbergia nigra* Allemão ex Benth) com o intuito de examinar os impactos causados pelo rompimento da barragem do Fundão da mineradora Samarco, ocorrido no município de Mariana, Minas Gerais, em novembro de 2015.

**1. Diversidade genética e fluxo gênico dentro e entre fragmentos** - a manutenção de populações de espécies viáveis na natureza depende da existência de uma ampla variabilidade genética que possibilite ajustes às mudanças ambientais ao longo do tempo. A diversidade genética em cada localidade amostrada será avaliada pelo número de alelos (A), número efetivo de alelos ( $n_e$ ), heterozigosidades esperadas (HE) e heterozigosidades observadas (HO). Serão coletadas folhas das espécies-alvo em 6 parcelas ripárias ao longo do Rio Doce e Rio Gualacho do Norte para realizar a extração de DNA, amplificação e genotipagem com marcadores microsátélites. Esse método é usual e apropriado para se atingir os objetivos propostos. Os programas a serem utilizados para a realização das análises dos dados coletados são também adequados. Sugiro no entanto o uso de FSTAT v2.9.3.2 (Goudet, 2001) para o cálculo de riqueza allelica ( $A_R$ ) e coeficiente de endogamia (FIS). Proponho ainda que utilize o método de interpolação probabilística e a abordagem empírica Bayesiana (EBK), conforme implementada no ArcGIS 10.6 (Krivoruchko, 2012), para gerar um mapa geográfico de previsão da heterozigosidade esperada na faixa das espécies - alvo.

O rompimento de barragens pode causar mudanças na abundância de polinizadores e dispersores, as quais alteram as taxas de recrutamento de plântulas e de mortalidade de árvores. Assim, propõe-se entender se o fluxo gênico de árvores dependentes de fauna para polinização e dispersão diminuiu após o rompimento da barragem. Pretende, portanto, avaliar os processos ecológicos de dispersão e polinização e comparar a diversidade genética entre adultos e jovens. O delineamento envolve a amostragem de 90 indivíduos por localidade dividida entre 30 jovens1 (indivíduo mais jovem, com presença de cotilédone, indicando dispersão após o rompimento da barragem), 30 jovens 2 (indivíduos com DAP entre 1cm e 5cm, indicando uma dispersão anterior ao rompimento da barragem) de 30 adultos (possíveis genitores, DAP > 30cm). Esse delineamento é adequado, mas é importante observar se o número de indivíduos desejável para as análises será encontrado, já que uma das espécies - alvo (*Dalbergia nigra*) é ameaçada de extinção e sua ocorrência pode ser reduzida na área. Os programas a serem utilizados nas análises de dados também são pertinentes.

**2. Estrutura genética populacional** - este estudo busca o entendimento de eventos históricos e investiga se existe estrutura genética populacional entre os fragmentos analisados e como se caracteriza a estrutura genética temporal entre jovens e adultos. Porém, como indicado, a avaliação do impacto do rompimento da barragem na estrutura atual somente será possível com observações futuras. Pra isso, é fundamental que seja feito o monitoramento das populações em longo prazo nas parcelas RAPELD (Magnusson et al., 2005), já implementadas na área, conforme apontado no documento. O delineamento prevê a coleta de, pelo menos, 30 indivíduos jovens 2 e 30 indivíduos jovens1 por ponto amostral, totalizando 60 indivíduos por localidade (para testar a hipótese de que há um déficit de dispersão e polinização, o qual afeta a estrutura genética). O número de indivíduos proposto para o estudo pode ser indicado para cobrir a área de distribuição das espécies-alvo. Aqui será adotado o mesmo método de extração de DNA, amplificação e genotipagem com marcadores microsátélites citado acima. Os programas a serem utilizados nas análises de dados são pertinentes, mas sugiro utilizar diferentes abordagens (Excoffier & Heckel, 2006; Putman & Carbone, 2014; Janes et al., 2017) para explorar mais a estrutura genética, buscando inferir a estrutura da população por resultados congruentes de agrupamento.

**3. História demográfica das populações** - este estudo irá avaliar se o tamanho efetivo da população das espécies-alvo permaneceu estável durante as oscilações climáticas do Pleistoceno (cerca de de 21 mil anos) ou se foi reduzido devido ao desmatamento e fragmentação ocorridos nos últimos 40 anos (num passado mais recente). Está evidente que o efeito do rompimento da barragem na demografia atual só poderá ser observado com o monitoramento em longo prazo. Para o delineamento será utilizado o mesmo material coletado e o procedimento de extração de DNA, amplificação e genotipagem com microsátélites. O delineamento metodológico e as análises de dados são apropriados. Sugiro, no entanto, o uso do STRUCTURE para acessar as evidências de migrantes entre localidades amostradas, incorporando as informações geográficas na análise. Os migrantes são inferidos a partir do estabelecimento de uma probabilidade mínima (0,5) de genótipo de um indivíduo em particular pertencente a uma população específica. Indivíduos com valores abaixo desse ponto de corte serão considerados migrantes ou descendentes de migrantes.

#### 4. É o parecer.

O delineamento metodológico proposto no documento é oportuno para caracterizar a diversidade genética das espécies-alvo. Porém, para o entendimento dos impactos do rompimento da barragem sobre a demografia atual é necessário que seja implementado um sistema de monitoramento em longo prazo da dinâmica das populações das espécies-alvo. Sugiro que sejam observadas as sugestões apontadas neste texto e que o projeto seja submetido aos órgãos ambientais competentes para a obtenção de autorização de pesquisa científica.

Brasília, 15 de junho de 2020

**SUELMA RIBEIRO SILVA**

#### Referências bibliográficas

Excoffier, L., Heckel, G., 2006. Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nat. Rev.* 7, 745–758.

Goudet, J., 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Available from <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>. Updated from Goudet (1995).

Janes, J.K., Miller, J.M., Dupuis, J.R., Malenfant, R.M., Gorrell, J.C., Cullingham, C.I., Andrew, R.L., 2017. The K = 2 conundrum. *Mol. Ecol.* 26, 3594–3602.

Krivoruchko, K., 2012. Empirical Bayesian Kriging. *ArcUser Fal.*

Magnusson, W. E., W. E., Lima, A.P., Luizão, R.; Luizão, F;Costa,F.R.C., Castilho, C.V.; Kinupp,V.F .2005. RAPELD: a modification of the Gentry method for biodiversity surveys in long-term ecological research sites. *Biota Neotrop.* 5(2):1 - 6.

<https://doi.org/10.1590/S1676-06032005000300002> .

Putman, A.I., Carbone, I. 2014. Challenges in analysis and interpretation of microsatellite data for population genetic studies. *Ecol. Evol.* 4, 4399–4428.



Documento assinado eletronicamente por **Suelma Ribeiro Silva, Analista Ambiental**, em 15/06/2020, às 14:02, conforme art. 1º, III, "b", da Lei 11.419/2006.



A autenticidade do documento pode ser conferida no site <https://sei.icmbio.gov.br/autenticidade> informando o código verificador **7265812** e o código CRC **D1DC57DE**.

---