

Alexandre Magno Sebbenn

Por

Marcos Vinicius Bohrer Monteiro Siqueira

Editor Chefe Substituto da Revista RG News



Graduado em Engenharia Florestal (UFESM, 1992), mestre em Ciências Florestais (ESALQ/USP, 1997), doutor em Genética e Melhoramento de Plantas (ESALQ/USP, 2001) e pós-doutor em Genética Florestal (Thunen Institute-Alemanha, 2007), é pesquisador científico do Instituto Florestal de São Paulo e professor de Genética de Populações nos cursos de pós-graduação da UNESP/Ilha Solteira e Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Atua principalmente nos seguintes temas: genética de populações, genética quantitativa, melhoramento florestal e conservação genética. Seus principais interesses científicos são: investigar como se processa a dispersão contemporânea de pólen e sementes; como é a reprodução e a distribuição espacial de genótipos em espécies arbóreas localizadas em fragmentos e florestas contínuas; quais são os impactos do corte seletivo de árvores sobre processos como sistema de cruzamento, fluxo gênico, e sobre a diversidade genética e demografia de espécies arbóreas da Amazônia; determinar métodos de exploração florestal que garantam a sustentabilidade genética e a produtividade de madeira de espécies arbóreas da Amazônia; aplicação de DNA-fingerprint para identificar espécies, país de origem e concessão florestal de madeira comercializada; determinar tamanhos amostrais para a coleta de sementes com fim de conservação genética; melhoramento genético de espécies exóticas e nativas para o estado de São Paulo e outras regiões brasileiras.

Perguntas e Respostas

1 – Alexandre, primeiramente agradecemos a sua disponibilidade. Seu nome está intimamente ligado ao melhoramento florestal. Como temos progredido nesse campo nos últimos anos no Brasil? Quais são os grandes gargalos e quais têm sido as principais metas dos centros de pesquisa, como o Instituto Florestal (IF)?

Resposta: Os progressos têm sido principalmente com espécies de grande interesse econômico, como por exemplo, *Pinus*, *Eucalyptus* e Seringueira (*Hevea brasiliensis*). Os avanços têm sido grandes, resultando em populações mais produtivas, resistentes a pragas e doenças. Ressalto a importância da incorporação de novas técnicas moleculares, como microssatélites e SNP's (polimorfismo de nucleotídeo único ou polimorfismo de nucleotídeo simples), além de métodos de análises estatísticas que tem evoluído paralelamente. Isso tem permitindo inferências para calcular graus de parentescos e endogamia, conhecer em detalhes o sistema de reprodução, grau de isolamento genético de pomares de sementes, distância a que plantios comerciais devem estar espacialmente isolados de outros plantios, para evitar contaminação com pólen de plantas transgênicas, entre outros. O grande gargalo é ainda associar o genótipo com o seu fenótipo, embora isso tenha se aproximado muito nos últimos anos com o sequenciamento total de genomas como o caso do gênero *Eucalyptus*, realizado pelo grupo do Prof. Dr. Dario Grattapaglia (EMBRAPA/CENARGEN, Brasília). Outro grande gargalo é a falta de estudos sobre o potencial de espécies nativas brasileiras para utilização em plantios comerciais. Temos uma das maiores diversidades de espécies arbóreas do planeta e ainda sabemos e utilizamos muito pouco sobre estas. O IF, juntamente com a EMBRAPA e Universidades, como a UNESP, campus de Ilha Solteira, está conservando *ex situ* populações de espécies nativas do estado de São Paulo, mas ainda o número de espécies é muito pequeno, diante do número de espécies que ocorrem nos biomas paulistas. No IF, mais de 99% dos plantios são da década de 1970 a 80 e muito pouco foi estabelecido após este período, devido a dificuldades institucionais a que o IF foi submetido. O grupo de melhoramento e conservação genética do IF, junto com nossos maiores parceiros da EMBRAPA e Universidades como UNESP/Ilha Solteira, Botucatu, ESALQ, CENA/USP, etc., está estudando os bancos de germoplasma estabelecidos, utilizando

técnicas moleculares e de genética quantitativa, com o intuito de conhecer os níveis de diversidade e variabilidade genética retidos, o tamanho efetivo, o controle genético de caracteres adaptativos de produtividade e quais estratégias de manejo. Em outros termos, através da seleção, quais são as mais indicadas para a transformação desses bancos em pomares de sementes, para atender a demanda de sementes para reflorestamentos comerciais e de recuperação ambiental. Isso é fundamental porque mesmo que os bancos conservem muito dos genes das populações de origem, estes podem ser facilmente perdidos por catástrofes como fogo, vendavais, pragas, o que já ocorreu em alguns casos como em testes com *Cordia alliodora* (louro-amarelo), *Swietenia macrophylla* (mogno), *Cedrela fissillis* (cedro), *Pinus tecunumanii* e *Grevillea robusta* (Grevílea robusta), por exemplo. A coleta de sementes nos bancos e uso em reflorestamentos garante que estes genes sejam distribuídos para outras áreas, dando maior garantia de sua preservação. Queremos que as futuras gerações tenham acesso aos mesmos recursos naturais que hoje nós temos. Isso é nossa maior motivação. Isso é fundamental não só para os paulistas, mas também para todos brasileiros e pessoas de outros países. Uma contribuição dos paulistas para humanidade.

2- A questão do desmatamento tem tido implicações diretas nos recursos genéticos no Brasil. O que suas pesquisas no IF têm demonstrado a respeito, de forma geral?

Resposta: Sim, obviamente. São muitos os indicativos, mas tentando ser breve, meus estudos têm mostrado que o processo de fragmentação florestal, que isola espacialmente populações e indivíduos na paisagem, resulta também no isolamento genético das populações, devido ao processo de dispersão de pólen e sementes seguir um padrão de isolamento por distância, além de certas atividades de uso da terra inibir ou restringir o movimento de animais dispersores entre os fragmentos florestais. Por exemplo, não temos encontrado imigração de sementes nos fragmentos para espécies como *Araucaria angustifolia*, *Cariniana legalis*, *Copaifera langsdorpii* e *Myracrodon urundeuva* e a taxa de imigração de pólen em geral é baixa (< 10%). Isso é grave, pois mesmo com a entrada de certas proporções de genes via imigração de pólen, existe um longo caminho entre uma semente originada de um doador de pólen localizado fora do fragmento até a fase adulta. Por exemplo, esta semente pode não se tornar uma árvore adulta, devido ao fato de que foi predada como resultado do aumento da frequência de predação. A redução da disponibilidade de sementes para os animais pode fazer com que praticamente todas as sementes sejam atacadas. Desta forma, com a ausência de entrada de novos genes nas populações, toda dinâmica populacional fica restrita à população remanescente no fragmento, e como a grande maioria das espécies tropicais têm baixa densidade populacional (< 1 árvore/ha) tem se observado um aumento do parentesco e da endogamia nas gerações pós-fragmentação. Isso pode levar a depressão por endogamia e, finalmente, à extinção de populações. Outro ponto muito importante é a perda de diversidade biológica nos fragmentos florestais, devido à impossibilidade das populações de todos os organismos ampliarem seus tamanhos, a não ser que o fragmento seja ampliado. Após a fragmentação, os fragmentos podem ainda conter alta diversidade de espécies de árvores, mas com o passar do tempo, o aumento da densidade populacional de uma espécie, resulta na diminuição do tamanho de populações de outras espécies. Outra coisa, devido ao avançado estado de fragmentação das florestas tropicais, muitas populações, ou melhor, a maior parte das populações já foram extintas e nunca serão resgatadas. Este é o maior problema para a humanidade, pois podiam conter fármacos, ou outras utilidades, mas agora não existem mais. Tem algo mais grave do que isso? Sim, o processo de fragmentação florestal de desmatamento continua andando a passos largos. O que temos que fazer para minimizar estes efeitos negativos? Preservar o que sobrou incluído árvores isoladas, as quais têm sido determinadas como importantes, pois servem de trampolim para os agentes polinizadores, ligar geneticamente populações, enriquecer as florestas após o plantio de

indivíduos originados de fragmentos vizinhos, e ligar populações por corredores, ou seja, com atividades de reflorestamento originadas da coleta de sementes de grande número de árvores matrizes (mínimo 50 árvores matrizes).

3 – Você desenvolve suas pesquisas em um Estado onde (ainda) existem recursos para fazer pesquisa de ponta na área de genética de plantas. Na sua ótica, temos mostrado cientificamente a riqueza dos nossos recursos lá fora?

Resposta: Sim, mas ainda temos muito a pesquisar, pois embora o estado foi e continue sendo intensamente fragmentado, ainda existe grande diversidade de espécies, as quais possuem diferentes características reprodutivas e ecológicas. A ciência está ainda na fase de embrião. Tem muito trabalho pela frente. Nos últimos anos pesquisadores brasileiros têm aumentado as publicações em revistas científicas do exterior, o que demonstra o reconhecimento de nossa capacidade de fazer ciência de qualidade, de ponta, acessar questões importantes para a sociedade.

4 – A ciência, e particularmente as ferramentas moleculares, têm evoluído muito em um curto espaço de tempo. Poderia falar um pouco sobre isso?

Resposta: Sim, felizmente. O desenvolvimento dos marcadores microssatélites e SNPs merecem destaque, por suas características de codominância e de alto polimorfismo em termos de número de alelos, no caso dos SSRs, compensado nos SNPs que apresentam apenas dois alelos pela possibilidade e acessos de um número grande de locos ao longo do genoma dos organismos. Isso permite distinguir genótipos homozigotos de heterozigotos e, juntamente com o paralelo desenvolvimento de métodos de análises estatísticas populacionais, tem nos permitido investigar processos contemporâneos de dispersão de genes via pólen e sementes, logo, entender o que está acontecendo agora, no presente, como resultados desta devastação irracional das florestas naturais. Estas técnicas têm também permitido conhecer em detalhes o parentesco e endogamia em populações naturais e de melhoramento, como a diversidade genética se distribui no espaço e tempo, os padrões de reprodução e dispersão de genes, relação genética entre espécies, determinar espécies, origem de madeira e muito mais.

5 – Temos percebido que áreas da ciência até então pouco “comunicáveis”, começaram a juntar forças e passamos a ter cada vez mais uma interdisciplinaridade para compreender os recursos genéticos florestais. Como você, como pesquisador, observa essa evolução de novos campos trabalhando juntos?

Resposta: Observo isso, como um ponto fundamental e muito positivo, uma evolução importante para entendermos processos genético-ecológicos mais profundamente e como utilizar as informações acessadas em benefício da sociedade. Por exemplo, estudos de genética de populações sem auxílio de estudos ecológicos resultam em investigações pobres, e o inverso é também verdadeiro. Na minha opinião trata-se de um caminho sem volta, e novas investigações possivelmente sempre envolverão diferentes áreas da ciência.

6 – Estamos celebrando os biomas na campanha da Fraternidade deste ano. O que os pesquisadores podem fazer para mostrar para população a grandeza dos recursos genéticos que temos nesse país (e como muitos deles estão desaparecendo)?

Resposta: Fazer palestras e entrevistas, utilizando uma linguagem simples, menos técnica, mas sem perder fidelidade na apresentação dos resultados de nossas pesquisas.

Alexandre Sebbenn, em nome de toda a equipe da RG News, agradecemos as suas palavras e esperamos com essa reportagem poder contribuir para um maior conhecimento desse importante tema que é o bioma Cerrado.