

Tiago Montagna

**GENÉTICA DE PAISAGEM DE *Ocotea catharinensis* E *Euterpe edulis* NA FLORESTA OMBRÓFILA DENSE CATARINENSE:
SUBSÍDIOS PARA A CONSERVAÇÃO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal de Santa Catarina como parte dos requisitos necessários para a obtenção do título de Mestre em Ciências, área de concentração: Recursos Genéticos Vegetais.

Orientador: Prof. Dr. Maurício Sedrez dos Reis.

Florianópolis
Fevereiro de 2014.

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Montagna, Tiago

Genética de paisagem de *Ocotea catharinensis* e *Euterpe edulis* na Floresta Ombrófila Densa catarinense : subsídios para a conservação / Tiago Montagna ; orientador, Maurício Sedrez dos Reis - Florianópolis, SC, 2014.
150 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais.

Inclui referências

1. Recursos Genéticos Vegetais. 2. Genética de paisagem. 3. Genética de populações. 4. Fragmentação florestal. 5. Conservação . I. Reis, Maurício Sedrez dos. II. Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. III. Título.

**Genética de paisagem de *Ocotea catharinensis* e
Euterpe edulis na Floresta Ombrófila Densa
Catarinense: subsídios para a conservação**

por

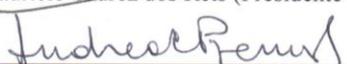
Tiago Montagna

Dissertação julgada e aprovada em 28/02/2014, em sua forma final, pelo Orientador e Membros da Banca Examinadora, para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de Concentração Recursos Genéticos Vegetais, no Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, CCA/UFSC.

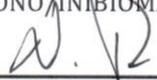
Banca Examinadora:



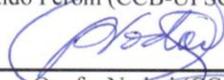
Prof. Dr. Mauricio Sedrez dos Reis (Presidente /Orientador)



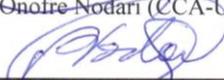
Prof.ª. Dr.ª. Andrea Cecilia Premoli Il'Grande
(ECOTONO/INIBIOMA/CONICET)



Prof. Dr. Nivaldo Peroni (CCB-UFSC)



Prof. Dr. Rubens Onofre Nodari (CCA-UFSC)



Prof. Dr. Rubens Onofre Nodari (Coordenador do Programa)

Florianópolis, fevereiro de 2014

Aos meus pais, Ademir e Ana

“He knows changes aren't permanent, but change is”

Tom Sawyer - Rush

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos que, de alguma forma, contribuíram com a realização deste trabalho e com a minha formação. Em especial:

Aos meus pais, Ademir Montagna e Ana Justina Mocelin Montagna, meu irmão, Fernando Montagna e a todos os demais familiares, pelo amor e apoio incondicionais.

Ao Prof. Dr. Maurício Sedrez dos Reis, pelas oportunidades, pela confiança, pela amizade, pelo exemplo, pela paciência e, por último, mas não menos importante, pela orientação.

Aos novos e antigos “cromossomos” do NPFT, em especial, Alex, Alison, Andréa, Caio, Caroline, Diogo, Fernando André, Felipe, Georg, Giovanni, Glauco, Juliano, Márcia, Ricardo, Roberta, Samantha, Victor Hugo e Willian, pela amizade, pela ajuda incansável e por inúmeras e memoráveis ocasiões.

Ao pessoal do LFDGV, em especial, Clarissa, Daniel, Daniela, Denise, Gustavo, Lilian, Rafael, Ramon, Sarah e Vinicius, pela amizade, pelas discussões sobre “de tudo um pouco”, pela dedicação em prol de um laboratório mais fraterno e pela parceria nas dezenas de milhares de churrascos e jantas. Isso tudo vai seguir. Sucesso total!

Aos demais amigos, sempre presentes, de Luca, Fernando, Gabriela, Geferson, Jociel, Lucas, Luiz Guilherme, Mitsuo, Paula, Rian e Tassiane.

Aos amigos de Nova Erechim, Rodrigo Paniz, Cizinando Biazus, Marcos Cella e Tiago Franciscon, que sempre me fazem ter muita vontade de ir pra casa.

Aos amigos argentinos, Anita, Cachi, Marcos, Maria de los Angeles, Maria Ines, Martín, Mauro Sebastián, Milton, Santiago, Verónica e Viviana que sempre me fazem ter muita vontade de ir pra Argentina.

À Berna e a todos os professores do RGV.

Ao Cinema.

Ao futebol de segunda, quarta e domingo.

Ao churrasco.

À FAPESC pelo apoio financeiro ao Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina.

À CAPES pela concessão da bolsa.

RESUMO

O palmitreiro (*Euterpe edulis*) e a canela preta (*Ocotea catharinensis*) são duas espécies estruturantes da Floresta Ombrófila Densa catarinense, ambas consideradas ameaçadas de extinção. O bioma Mata Atlântica, a exemplo de outros, teve sua área severamente reduzida e fragmentada devido ao histórico de uso e ocupação. Dessa maneira, entender quais as relações entre os processos antrópicos de redução e fragmentação de área e a diversidade genética das espécies torna-se vital, no sentido de se modelar estratégias efetivas de conservação. O objetivo deste estudo foi estabelecer relações entre características da paisagem atual e indicadores de diversidade genética histórica (adultos) e atual (regenerantes) de populações de *Euterpe edulis* e *Ocotea catharinensis*, visando fundamentar estratégias de conservação para populações das espécies da FOD em Santa Catarina. Foram genotipadas 20 populações de indivíduos adultos e nove de indivíduos regenerantes de palmitreiro, além de 17 populações de indivíduos adultos e sete de indivíduos regenerantes de canela preta. Ademais, para cada unidade amostral foram obtidas métricas de classe e de mancha, para a análise da paisagem. Posteriormente, os dados de genética e de paisagem de cada espécie e coorte, foram ordenados, por meio de análises de componentes principais (PCA) visando identificar paisagens mais favoráveis à conservação de diversidade genética. Além disso, a fim de verificar que magnitude da diversidade genética, de ambas as espécies, está contida nas UCs estudadas foram realizadas comparações entre as populações de áreas particulares e populações que estão em Unidades de Conservação (UCs). Ambas as espécies apresentaram, de maneira geral, alta diversidade genética, para ambas as coortes, bem como altos índices de fixação para a coorte adulta. No caso do palmitreiro, houve uma redução média expressiva do índice de fixação na coorte regenerante, fato não observado para a canela preta. As populações, de ambas as espécies apresentaram baixa divergência genética interpopulacional. A paisagem do entorno de cada fragmento é ocupada majoritariamente por florestas em estágio médio ou avançado, e a média de área dos fragmentos estudados foi de 2261 ha para o palmitreiro e de 2959 ha para a canela preta. As relações importantes entre os índices de diversidade genética e os indicadores de paisagem foram poucas, não sendo suficientes para apontar fragmentos ou situações “ideais” para a conservação da diversidade genética das espécies estudadas. Agregar aspectos relacionados ao histórico de uso e exploração dos fragmentos, bem como uma revisão de quais métricas a serem utilizadas nas análises se

fazem necessárias, para um melhor entendimento das relações entre paisagem e genética. As UCs avaliadas capturam a maior parte da diversidade genética estimada para os adultos das duas espécies. Pelos resultados em termos de diversidade genética e pela versatilidade de uso sugere-se que as medidas de conservação para o palmitreiro devam privilegiar o uso da espécie, especialmente de seus frutos. O estímulo à conservação de fragmentos por parte de agricultores, bem como à criação de Reservas Particulares do Patrimônio Natural e a utilização da espécie em programas de restauração florestal são ações indicadas como prioritárias para a conservação da canela preta.

Palavras-chave: diversidade genética, análise de componentes principais, fragmentação florestal, Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina, Unidades de Conservação.

ABSTRACT

The *palmitreiro* (*Euterpe edulis*) and the *canela preta* (*Ocotea catharinensis*) are two structuring species of Santa Catarina's Dense Ombrophilous Forest (DOF), both species are considered endangered. The Atlantic Forest biome, like others, had its area severely reduced and fragmented due to historical use and occupation. Thus, to understand which relations between anthropic processes of reduction and fragmentation area and genetic diversity of the species becomes vital in order to model effective conservation strategies. The aim of this study was to establish relations between characteristics of the current landscape and indicators of historical (adults) and current (saplings) genetic diversity of *Euterpe edulis* and *Ocotea catharinensis*, aiming support conservation strategies for the species populations of DOF in Santa Catarina. Twenty populations of adults individuals and nine populations of saplings individuals of *palmitreiro* were genotyped, as well 17 populations of adults individuals and seven populations of saplings individuals of *canela preta*. Moreover, for each sample unit were obtained class and patch metrics, for landscape analysis. Subsequently, data from genetic and landscape of each species and cohort were ordinated through principal component analysis (PCA) to identify most favorable landscapes for conservation of genetic diversity. Furthermore, in order to verify which magnitude of genetic diversity of both species is contained in Protected Areas (PA) studied, comparisons between populations of particular areas and populations that are at PA were performed. Both species presented, in general, high levels of genetic diversity, for both cohorts, as well as high fixation indexes for the adult cohort. In the case of *palmitreiro*, there was a significant mean reduction in the fixation indexes in sapling cohort, which was not observed for *canela preta*. The populations of both species showed low interpopulation genetic divergence. The landscape around each fragment is mostly covered by forests in middle or advanced stage, and the average area of the studied fragments was 2261 ha to *palmitreiro* populations and 2959 ha to *canela preta* populations. Few were the relations between indices of genetic diversity and landscape indicators, and they are not sufficient to indicate "ideal" fragments or situations for the conservation of genetic diversity of the species studied. Aggregate aspects related to land use and exploitation of fragments, as well as a review of which metrics should be used in the analyzes are needed for a better understanding of the relations between landscape and genetics. Due the results in terms of genetic diversity and due to its versatility of

use, it is suggested that the conservation measures for *palmitero* should encourage the use of the species, especially its fruits. Encouraging the conservation of fragments remnants by farmers, as well as the creation of Private Reserves of Natural Heritage and use of the species in forest restoration programs are listed as priority actions for the conservation of *canela preta*.

Keywords: forest fragmentation, genetic diversity, Principal component analysis, Protected Areas, Santa Catarina's Floristic Forest Inventory.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Pontos de coleta das 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Os marcadores em vermelho representam os nove pontos onde, além dos adultos, foram amostrados os regenerantes.	43
Figura 2. Pontos de coleta das 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Os marcadores em vermelho representam os sete pontos onde, além dos adultos, foram amostrados os regenerantes.	44
Figura 3. Aspecto dos indivíduos de <i>Euterpe edulis</i> (A) e <i>Ocotea catharinensis</i> (B) coletados no estudo.....	44
Figura 4. Exemplo de um <i>buffer</i> estudado. O fragmento do centro da figura representa o local da coleta de uma população.	50
Figura 5. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> do Estado de Santa Catarina.....	62
Figura 6. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Euterpe edulis</i> do Estado de Santa Catarina.	65
Figura 7. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> do Estado de Santa Catarina.	70
Figura 8. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> do Estado de Santa Catarina.	73
Figura 9. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.....	82
Figura 10. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.....	85
Figura 11. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	88
Figura 12. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as sete populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	91
Figura 13. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.....	95

Figura 14. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.	98
Figura 15. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as sete populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4... 100	100
Figura 16. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as sete populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	102
Figura 17. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.....	105
Figura 18. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.	108
Figura 19. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4... 110	110
Figura 20. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as sete populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	112

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Diversidade genética, índice de fixação, número de alelos, área (ha), latitude e longitude dos 20 fragmentos que tiveram populações adultas de <i>Euterpe edulis</i> amostradas. Em negrito os fragmentos onde, além dos adultos, foram amostrados também os regenerantes. * $p < 0,05$.	42
Tabela 2. Diversidade genética, índice de fixação, número de alelos, área (ha), latitude e longitude dos 17 fragmentos que tiveram populações adultas de <i>Ocotea catharinensis</i> amostradas. Em negrito os fragmentos onde, além dos adultos, foram amostrados também os regenerantes. * $p < 0,05$.	43
Tabela 3. Siglas e códigos dos sistemas isoenzimáticos utilizados na caracterização das populações de <i>Ocotea catharinensis</i> e <i>Euterpe edulis</i> . Adaptado de Alfenas (1998).	46
Tabela 4. Métricas da paisagem estimadas neste trabalho (adaptado de Lang e Blaschke, 2009).	52
Tabela 5. Índices de diversidade genética para 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigosidade esperada; \hat{H}_O = heterozigosidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$.	60
Tabela 6. Índices de diversidade genética para nove populações de indivíduos adultos (A) e nove populações de indivíduos regenerantes (R) de <i>Euterpe edulis</i> no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigosidade esperada; \hat{H}_O = heterozigosidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$.	63
Tabela 7. Divergência interpopulacional entre as coortes adulta e regenerante de <i>Euterpe edulis</i> para cada fragmento. * $p < 0,05$.	66
Tabela 8. Índices de diversidade genética para 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E =	

heterozigidade esperada; \hat{H}_O = heterozigidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$ 68

Tabela 9. Índices de diversidade genética para sete populações de indivíduos adultos e sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis* no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigidade esperada; \hat{H}_O = heterozigidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$ 71

Tabela 10. Divergência interpopulacional entre as coortes adulta e regenerante de *Ocotea catharinensis* para cada fragmento. * $p < 0,05$... 74

Tabela 11. Valores médios de número de fragmentos (Nump), área de classe (CA) e tamanho médio de mancha (MPS), para as 20 UA de *Euterpe edulis*, 17 UA de *Ocotea catharinensis*, nove UA de *Apuleia leiocarpa*, *Cedrela fissilis* e *Myrocarpus frondosus* Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. *Steiner (2014). ... 76

Tabela 12. Métricas de mancha para as 20 UA de *Euterpe edulis*. Média 2 = métricas de mancha *Apuleia leiocarpa*; Média 3 = métricas de mancha *Cedrela fissilis*; Média 4 = métricas de mancha *Myrocarpus frondosus*. Médias 2, 3 e 4 (Steiner, 2014). Legendas na Tabela 4..... 78

Tabela 13. Métricas de mancha para as 17 UA de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4..... 79

Tabela 14. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. Legendas na Tabela 4. 80

Tabela 15. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4..... 80

Tabela 16. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. Legendas na Tabela 4. 83

Tabela 17. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.	84
Tabela 18. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. Legendas na Tabela 4.	87
Tabela 19. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	87
Tabela 20. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Legendas na Tabela 4.	89
Tabela 21. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das sete populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	90
Tabela 22. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.	94
Tabela 23. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.	96
Tabela 24. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	99
Tabela 25. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das sete populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.	101
Tabela 26. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 20 populações de indivíduos adultos de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.	104

Tabela 27. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das nove populações de indivíduos regenerantes de <i>Euterpe edulis</i> . Legendas na Tabela 4.....	106
Tabela 28. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 17 populações de indivíduos adultos de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.....	109
Tabela 29. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das sete populações de indivíduos regenerantes de <i>Ocotea catharinensis</i> . Legendas na Tabela 4.....	111
Tabela 30. Índices de diversidade genética em <i>Euterpe edulis</i> para três populações em UCs, 17 populações fora de UCs e 20 populações no total. (n) = número de populações; Ex. = alelos exclusivos. *p<0,05.	114
Tabela 31. Índices de diversidade genética em <i>Ocotea catharinensis</i> para cinco populações em UCs, 12 populações fora de UCs e 17 populações no total. (n) = número de populações; Ex. = alelos exclusivos. *p<0,05.....	115

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	23
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	25
2.1 PALMITEIRO (<i>EUTERPE EDULIS</i> MARTIUS).....	25
2.2 CANELA PRETA (<i>OCOTEA CATHARINENSIS</i> MEZ.)	26
2.3 GENÉTICA DE PAISAGENS	28
2.4 FRAGMENTAÇÃO FLORESTAL E DIVERSIDADE GENÉTICA	30
2.5 INVENTÁRIO FLORÍSTICO FLORESTAL DE SANTA CATARINA (IFF-SC)	31
3 JUSTIFICATIVA	35
4 OBJETIVOS	37
4.1 OBJETIVO GERAL.....	37
4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	37
5 QUESTÕES NORTEADORAS	39
5.1 INDICADORES DE DIVERSIDADE GENÉTICA.....	39
5.2 PAISAGEM <i>VERSUS</i> DIVERSIDADE GENÉTICA	39
5.3 UNIDADES DE CONSERVAÇÃO.....	39
6 MATERIAL E MÉTODOS	41
6.1 SELEÇÃO DAS POPULAÇÕES E AMOSTRAGEM	41
6.2 ELETROFORESE DE ISOENZIMAS	45
6.3 ANÁLISE DOS DADOS GENÉTICOS	46
6.4 ANÁLISE DOS DADOS DE PAISAGEM	49
6.5 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS (PCA).....	54
6.6 ANÁLISE DE REDUNDÂNCIA (RDA).....	55
6.7 UNIDADES DE CONSERVAÇÃO.....	56
7 RESULTADOS E DISCUSSÃO	59
7.1 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DAS POPULAÇÕES DE <i>EUTERPE EDULIS</i> MARTIUS.....	59
7.1.1 Indivíduos adultos.....	59
7.1.2 Indivíduos regenerantes	62
7.2 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DAS POPULAÇÕES DE <i>OCOTEA CATHARINENSIS</i> MEZ.	67
7.2.1 Indivíduos adultos.....	67
7.2.2 Indivíduos regenerantes	70
7.3 MÉTRICAS DE CLASSE	74
7.3.1 Palmiteiro	74
7.3.2 Canela preta	75
7.4 MÉTRICAS DE MANCHA	77
7.4.1 Palmiteiro	77
7.4.2 Canela preta	78

7.5 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS – MÉTRICAS DE CLASSE.....	79
7.5.1 Palmiteiro indivíduos adultos	79
7.5.2 Palmiteiro indivíduos regenerantes	83
7.5.3 Canela preta indivíduos adultos.....	87
7.5.4 Canela preta indivíduos regenerantes	89
7.6 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS – MÉTRICAS DE CLASSE: CONCLUSÕES.....	92
7.7 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS – MÉTRICAS DE MANCHA	94
7.7.1 Palmiteiro indivíduos adultos	94
7.7.2 Palmiteiro indivíduos regenerantes	95
7.7.3 Canela preta indivíduos adultos.....	98
7.7.4 Canela preta indivíduos regenerantes	100
7.8 ANÁLISES DE COMPONENTES PRINCIPAIS – MÉTRICAS DE MANCHA: CONCLUSÕES	102
7.9 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS – MÉTRICAS DE CLASSE II	103
7.9.1 Palmiteiro indivíduos adultos	104
7.9.2 Palmiteiro indivíduos regenerantes	106
7.9.3 Canela preta indivíduos adultos.....	109
7.9.4 Canela preta indivíduos regenerantes	111
7.10 ANÁLISE DE REDUNDÂNCIA – MÉTRICAS DE MANCHA	112
7.10.1 Palmiteiro indivíduos adultos e regenerantes	112
7.10.2 Canela preta indivíduos adultos e regenerantes.....	113
7.11 UNIDADES DE CONSERVAÇÃO E DIVERSIDADE GENÉTICA .	114
7.12 CONSERVAÇÃO DAS ESPÉCIES NO ESTADO DE SANTA CATARINA.....	116
8 CONSIDERAÇÕES FINAIS	121

1 INTRODUÇÃO

As relações entre diversidade genética de populações e a paisagem nas quais as mesmas se encontram vem despertado o interesse da comunidade científica. O bioma Mata Atlântica, a exemplo de outros, teve sua área severamente reduzida e fragmentada devido ao histórico de uso e ocupação. Dessa maneira, entender quais as relações entre os processos antrópicos de redução e fragmentação de área e a diversidade genética das espécies torna-se vital, no sentido de se modelar estratégias efetivas de conservação.

Neste contexto, o projeto “Caracterização da Diversidade Genética - Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina - Etapa 5 - Floresta Ombrófila Densa”, executado pelo Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais (NPFT), teve como objetivos principais o estudo da diversidade genética de indivíduos adultos e regenerantes de várias espécies arbóreas do Estado de Santa Catarina e a relação dos índices de diversidade com a paisagem do entorno de cada população amostrada. Entre as espécies escolhidas para representar a Floresta Ombrófila Densa foram incluídas: *Euterpe edulis* e *Ocotea catharinensis*. Assim, o presente trabalho está inserido no âmbito do referido projeto e trata de aprofundar as discussões sobre os dados obtidos no decorrer do mesmo.

O presente estudo valeu-se de marcadores alozímicos, para acessar os níveis de diversidade genética da espécie, de análises de mapas temáticos de uso e ocupação do solo, para obter os indicadores de paisagem, e de métodos de agrupamento e ordenação para entender quais as relações entre diversidade genética e paisagem.

Algumas das populações avaliadas, de ambas as espécies, encontram-se em Unidades de Conservação. Dessa maneira, outra finalidade do estudo foi verificar que magnitude da diversidade genética, de ambas as espécies, está contida nas Unidades de Conservação estudadas. São apresentadas comparações entre as populações de áreas particulares e populações que estão em Unidades de Conservação (UCs).

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Palmitreiro (*Euterpe edulis* Martius)

O palmitreiro (*Euterpe edulis* Martius), também conhecido como jussara ou palmito-jussara, é uma espécie da família Arecaceae. Palmeira de tronco geralmente reto e fino, com 5 m a 12 m altura e 10 cm a 15 cm de DAP, podendo chegar até os 25 m de altura a aos 20 cm de DAP (Reitz, 1974; Henderson, 2000).

A espécie se distribui pela costa atlântica brasileira desde o Sul da Bahia (15° S) até o Norte do Rio Grande do Sul (30° S), adentrando, no Sul, até o Leste do Paraguai e Norte da Argentina, ocorrendo em áreas que vão desde o nível do mar até 1000 m de elevação (Henderson, 2000; Reis *et al.*, 2000a). Os estudos de Veloso & Klein (1957, 1959) já apontavam o palmitreiro como a espécie mais abundante no estrato médio da FOD, com valores de até 1.000 indivíduos por hectare com altura superior a 1,5 m.

O palmitreiro apresenta, de maneira geral, altas densidades de indivíduos reprodutivos. Essas densidades variam desde 61 indivíduos.ha⁻¹ (Reis, 1995), até valores de 231 indivíduos.ha⁻¹ (Silva *et al.*, em preparação), passando por 113 indivíduos.ha⁻¹ (Fantini *et al.*, 1993) e 185 e 187 indivíduos.ha⁻¹ (Fantini & Guries, 2007).

A época de floração da espécie é bastante variável, tanto entre locais quanto entre anos distintos (Silva, 2011; Mantovani & Morellato, 2000). Em estudos conduzidos em Ibirama – SC, o palmitreiro floresceu de outubro até fevereiro, com pico em dezembro (Silva, 2011). Em outro estudo realizado em São Pedro de Alcântara – SC a floração aconteceu de novembro até fevereiro com pico em dezembro e janeiro (Mantovani & Morellato, 2000).

O modo de polinização predominante em *E. edulis* é a entomofilia, com insetos visitantes das ordens Diptera, Hymenoptera (Vespidae, Apidae, Anthrophoridae e Halictidae), Coleoptera e Lepidoptera. (Mantovani & Morellato, 2000; Reis *et al.* 1993). Entretanto não se descarta a possibilidade de a anemofilia também desempenhar algum papel na polinização da espécie (Mantovani & Morellato, 2000).

A frutificação do palmitreiro e sua oferta de frutos maduros, a exemplo da floração, variam bastante de época e duração. Silva (2011) observou disponibilidade de frutos maduros variando de seis até 10 meses, para uma população de Ibirama – SC. Mantovani & Morellato

(2000) em São Pedro de Alcântara – SC e Reis (1995) em Blumenau – SC observaram frutos maduros disponíveis por seis meses.

Os longos períodos de oferta de frutos maduros fazem do palmitreiro uma espécie de grande importância no ecossistema, especialmente como fornecedora de alimentos para a fauna (Silva, 2011; Galetti *et al.*, 1999). Galetti & Aleixo (1998) estimaram produção de frutos ao redor de 170 kg.ha⁻¹ para uma floresta não explorada do estado de São Paulo, enquanto Silva (2011) estimou produção de 460 kg.ha⁻¹ para uma população de Ibirama – SC. Tais estimativas demonstram o potencial produtivo e a importância da espécie na produção de alimento à fauna. Tal aspecto apresenta grande relevância para o fluxo gênico da espécie.

Estudos sobre aspectos genéticos da espécie já foram conduzidos. *E. edulis* é predominantemente alógama, apresentando taxa de cruzamento muito próxima de 1,0 (Reis *et al.*, 2000b; Gaioto *et al.*, 2003; Conte *et al.*, 2008). A espécie apresenta, de maneira geral, altos índices de diversidade genética e baixos índices de fixação (Reis *et al.*, 2000a; Conte *et al.*, 2003; Conte *et al.*, 2008; Silva & Reis, 2010). Reis (1995) estimou em 61 m a dispersão primária das sementes da espécie, apresentando uma tendência de dispersão leptocúrtica.

O palmitreiro foi largamente explorado para a obtenção de seu meristema apical e para tanto era necessário abater a planta. Assim, suas populações foram severamente reduzidas e a espécie passou de mais abundante no estrato médio da FOD (Veloso & Klein, 1957, 1959; Reitz, 1974) para ameaçada de extinção (MMA, 2008). O palmitreiro, que originalmente, apresentava uma ampla distribuição na Mata Atlântica, hoje está praticamente restrito a FOD, especialmente em áreas de conservação e lugares de difícil acesso (Reis *et al.*, 2000a).

Assim, seja por sua alta densidade e frequência no sub bosque dos ambientes originais ou conservados (Veloso & Klein, 1957, 1959; Reitz, 1974; Reis & Reis, 2000), seja por sua importância como espécie fornecedora de alimento para a fauna (Reis, 1996; Reis & Kageyama, 2000; Silva, 2009), seja por sua importância sócio-econômica (histórica e atual), com intensa exploração predatória, a espécie possui grande relevância como modelo para estudos nos ambientes de FOD.

2.2 Canela preta (*Ocotea catharinensis* Mez.)

Ocotea catharinensis, popularmente conhecida como canela-preta é uma espécie da família Lauraceae. Árvore perenifólia, com tronco

pouco curvo, com 25 m a 30 m de altura e 60 cm a 100 cm de diâmetro a altura do peito (Reitz *et al.*, 1978).

A espécie apresenta folhas subopostas para o ápice dos ramos e alternas para a base; pecíolo com 0,5–1 cm comprimento; lâmina com 6–12 cm X 1,5–3,5 cm, lanceolada ou elíptica, face adaxial glabra, lustrosa, face abaxial glabrescente, com domácias nas axilas basais, cobertas por tricomas alvos. Inflorescências axilares e subterminais. Flores bissexuadas. Fruto elipsoide com 1,2 X 1 cm de comprimento (Brotto, 2010).

No Brasil, a canela-preta ocorre nos estados de São Paulo (Carvalho, 1994), Rio de Janeiro (Carvalho, 1994), Paraná (Inoue *et al.*, 1984), Santa Catarina (Reitz *et al.*, 1978) e Rio Grande do Sul (Reitz *et al.*, 1983). Em Santa Catarina ocorre exclusivamente na mata pluvial da encosta atlântica, desde Garuva até Praia Grande (Reitz *et al.*, 1978). Os levantamentos de Veloso & Klein (1959) apontavam para densidades variando desde 13 até 93 indivíduos.ha⁻¹ com DAP acima de 6,36 cm, para áreas do município de Brusque. Tarazi *et al.* (2010) encontraram densidades variando desde 3,79 até 17,3 indivíduos.ha⁻¹ com DAP acima de 5 cm, para quatro áreas do Estado.

Em Santa Catarina floresce de julho a março, apresentando frutos maduros de novembro a dezembro (Reitz *et al.*, 1978). Como dispersores destacam-se o primata mono-carvoeiro (*Brachyteles arachnoides*) (Moraes & Paoli, 1995) e a ave jacutinga (*Pipile jacutinga*) (Galetti *et al.*, 1997), ambas espécies ameaçadas de extinção. Neste sentido, percebe-se a importância ecológica da canela-preta, como fornecedora de alimentos à fauna.

Sua polinização não foi especificamente estudada, entretanto, há relatos de que a família Lauraceae é polinizada por abelhas, vespas, coleópteros e moscas (Reitz *et al.*, 1978). Estudos com a imbuia (*Ocotea porosa*) indicam que espécies de tripses, coleópteros, dípteros e lepidópteros podem ser possíveis polinizadores da canela-preta. Danieli-Silva & Varassin (2013) identificaram o tripses *Frankliniella gardeniae* como único visitante floral e polinizador de *O. porosa*, já Bittencourt (2007) identificou coleópteros, dípteros e lepidópteros como visitantes florais de imbuia, entretanto, sem avaliar sua efetividade na polinização.

Estimativas diretas da taxa de cruzamento ainda não estão disponíveis para a espécie, no entanto, Tarazi *et al.* (2010) classificam a canela-preta como predominantemente alógama, apresentando taxa de cruzamento aparente igual a 1,0. Entretanto este valor pode ser variável inclusive entre eventos reprodutivos diferentes, conforme sugere Reis (1996), de acordo com densidades de floração ou aspectos

demográficos, fato que reforça a necessidade de tais estudos para a canela-preta.

Aspectos sobre diversidade e estrutura genética da espécie já foram estudados. Tarazi *et al.* (2010), utilizando marcadores isoenzimáticos, encontraram em média diversidade genética (\hat{H}_E) de 0,378, índice de fixação (\hat{f}) de -0,012, divergência interpopulacional (\hat{F}_{ST}) de 0,143 para quatro populações catarinenses e estrutura genética interna média significativa até 80 m de distância entre indivíduos. O trabalho aponta para um alto nível de diversidade genética da espécie no estado, bem como para uma moderada estruturação entre as populações.

Conforme Klein (1980), antes de 1980 a canela-preta era a espécie mais abundante da floresta atlântica (FOD) catarinense em altitudes variando de 300 a 700 m acima do nível do mar, chegando a representar 1/3 do volume total de madeira num hectare. A canela-preta, a peroba-vermelha (*Aspidosperma parvifolium*) e a canela-sassafrás (*Ocotea odorifera*), foram as três espécies madeireiras mais exploradas na FOD, sendo que suas madeiras abasteciam, basicamente, o mercado nacional (Reitz *et al.*, 1978).

Tendo em vista a exploração direta e a redução de seu habitat, hoje a canela-preta figura na Lista Oficial das Espécies da Flora Brasileira Ameaçadas de Extinção (IBAMA, 1992; MMA, 2008), além de estar classificada como vulnerável na Red List da IUCN (IUCN, 2013). Também indicada no II Workshop sobre espécies vegetais ameaçadas de extinção em Santa Catarina (realizado em 6 e 7 de outubro/2011) na categoria “Em Perigo Crítico – CR”.

Assim a canela-preta estava entre as mais abundantes no dossel dos ambientes de FOD originais ou conservados (Reitz *et al.*, 1978; Klein, 1979;1980), possui forte interação coma fauna (Reitz *et al.*, 1978; Moraes & Paoli, 1995; Galetti *et al.*, 1997; Tarazzi, 2006) e um importante histórico de exploração madeireira predatória, a espécie possui grande relevância como modelo para estudos nos ambientes de FOD.

2.3 Genética de paisagens

A genética de paisagens é um campo de estudos interdisciplinar, que visa integrar abordagens de genética de populações e de ecologia de paisagens (Holderegger & Wagner, 2008). De acordo com Storfer *et al.* (2007) a pesquisa em genética de paisagens é aquela que, explicitamente, quantifica os efeitos da composição, configuração e

matriz da paisagem no fluxo gênico e variação genética espacial das espécies.

Os métodos e as abordagens utilizadas para caracterizar aspectos da genética e da paisagem são os mais variados, bem como, as discussões sobre quais são as mais adequadas. Em termos de marcadores genéticos, no caso de plantas, as isoenzimas e os microssatélites são os mais utilizados nos estudos de genética de paisagem (Storfer *et al.*, 2010).

No caso dos parâmetros genéticos utilizados nas análises destacam-se as medidas de distância genética, como o \hat{F}_{ST} e seus análogos (Storfer *et al.*, 2010). Medidas de diversidade genética (\hat{H}_O , \hat{H}_E e \hat{f}) e de riqueza alélica (número de alelos, alelos por loco (\hat{A}), alelos efetivos (\hat{A}_E), alelos polimórficos (\hat{P}) e riqueza alélica) também são utilizadas, como em Jump & Peñuelas (2006), Ruschel *et al.* (2009) e Gonzales *et al.* (2010).

Cada parâmetro pode ser mais ou menos adequado para cada tipo de análise, entretanto a riqueza alélica é mais sensível que a \hat{H}_E para detectar alterações na diversidade genética em populações que sofreram redução de tamanho (Jump & Peñuelas, 2006). Este fato se dá, especialmente, por conta de que eliminar alelos de baixa frequência em uma população pouco afeta a \hat{H}_E (Cornuet & Luikart, 1996; Jump & Peñuelas, 2006).

As variáveis utilizadas para a caracterização de paisagens também são as mais diversas. A caracterização da cobertura, uso e ocupação do solo parecem ser parâmetros comumente utilizados na caracterização de paisagens (p. ex. Oliveira & Martins, 2002 e Spear *et al.*, 2005; Nevil Amos, 2012). Variáveis baseadas no tamanho e na distância entre fragmentos também podem ser utilizadas (p. ex. Keyghobadi *et al.*, 1999 e Ruschel *et al.*, 2009). Entretanto, informações mais pontuais, como microclima e topografia também podem ser úteis (Murphy *et al.*, 2010), bem como as características da espécie que está sendo estudada, como biologia reprodutiva, ciclo de vida, diversidade genética, entre outros.

A análise conjunta dos dados genéticos e paisagísticos obtidos é realizada de diversas maneiras. Os métodos analíticos mais utilizados, de acordo com Storfer *et al.* (2010) são os testes de Mantel, para validar modelos de isolamento por distância, bem como análises bayesianas de estrutura genética, estas relacionadas com a localização das populações.

Alguns trabalhos valem-se de modelos multivariados, que incluem informações de paisagem, para explicar as variações genéticas

entre populações. Grivet *et al.* (2008) utilizaram a análise de correspondência canônica para inferir relações entre paisagem e variabilidade cloroplastidial de *Quercus lobata*; Mosca *et al.* (2012) correlacionaram os componentes principais de variáveis ambientais com SNPs de quatro espécies de pinus, através de análise bayesiana; Trask *et al.* (2013) utilizaram PCA espacializada para testar a influência da distância na divergência entre indivíduos de *Macaca fascicularis*.

2.4 Fragmentação florestal e diversidade genética

A fragmentação ambiental age aumentando o isolamento e diminuindo o tamanho das populações e, por consequência, potencializando mudanças na estrutura demográfica, sistema reprodutivo, diversidade genética e sobrevivência das espécies em longo prazo (Ellstrand & Elam, 1993; Ghazoul, 2005). Em consequência do isolamento e da redução populacional, efeitos de depressão endogâmica e deriva genética são potencializados, pondo em risco a diversidade genética das espécies (Kageyama *et al.*, 1998; Primack, 2004, Banks *et al.*, 2013).

Por outro lado, a conectividade entre populações é fundamental para a manutenção do fluxo gênico entre elas. No entanto, a situação atual das formações florestais catarinenses, devido ao histórico de uso e ocupação, não favorece ou pouco favorece tal conectividade. Estudos recentes mostram que, em Santa Catarina, os remanescentes florestais ocupam cerca de 29% da área do estado, entretanto, 80% destes possuem menos que 50 ha (Vibrans *et al.*, 2012); considerando-se remanescentes como formações com dossel de mais de 10 m de altura média e mais de 15 anos.

O estado de Santa Catarina está inserido no bioma Mata Atlântica e apresenta quatro tipologias florestais predominantes, a Florestas Ombrófila Mista (FOM), Florestas Ombrófila Densa (FOD), Floresta Estacional Decidual (FED) e os Campos de Altitude. De acordo com Klein (1979), tais formações cobriam 43%, 30%, 8% e 14% da superfície do estado, respectivamente. Hoje, os remanescentes florestais da FOM, FOD e FED estão estimados em 24,4%, 40,5% e 16,1% da área de cobertura original de cada formação, respectivamente (Vibrans *et al.*, 2012).

Uma série de estudos demonstraram reduções em níveis de diversidade genética de populações de espécies localizadas em fragmentos de menor área, quando comparadas à fragmentos maiores. Tal tendência foi verificada para *Araucaria angustifolia*, (Auler *et al.*,

2002 e Bittencourt & Sebbenn, 2009), *Myrciaria floribunda* (Franceschinelli *et al.*, 2007), *Qualea grandiflora* (Antiqueira & Kageyama, 2014), *Pithecellobium elegans* (Hall, *et al.*, 1996), dentre outros. Por outro lado, estudos também apontaram espécies que parecem ter seus níveis de diversidade genética pouco afetados pela fragmentação. São os casos de *Sorocea bonplandii* (Ruschel *et al.*, 2009) e de *Metrodorea nigra* (Schwarcz *et al.*, 2010).

Evidentemente nem todas as espécies respondem da mesma maneira aos processos de fragmentação, conforme salientam Kramer *et al.* (2008). Assim, o conhecimento dos aspectos ecológicos das espécies e suas possíveis implicações na genética de populações de ambientes fragmentados tem fundamental importância para a conservação e manejo efetivos da biodiversidade. (Kramer *et al.*, 2008 e Nazareno & Carvalho, 2009). Entender os processos relativos que estruturam a diversidade entre e dentro de populações pode prover meios de se estimar o risco futuro de erosão da diversidade e, assim, formas de se modelar estratégias efetivas de conservação (Neel & Ellstrand, 2003).

Além das questões ecológicas de cada espécie influenciarem na sua resposta à fragmentação, existem ainda componentes temporais e espaciais a serem levados em consideração. Por exemplo, é possível que o limite de um fragmento seja o limite de uma população, pois o fluxo gênico desta população pode conectá-la com outras em outros fragmentos. Além disso, os efeitos da fragmentação podem não serem percebidos imediatamente, já que é possível que indivíduos longevos tenham sido gerados em eventos reprodutivos pré-fragmentação. Estas questões são discutidas por Kramer *et al.* (2008).

2.5 Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina (IFF-SC)

O Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina (IFF-SC) foi um projeto de iniciativa catarinense, que foi motivado especialmente pelas resoluções do nº 278/2001 e nº 309/2002 do CONAMA, que limitou a exploração de espécies ameaçadas de extinção (IBAMA, 1992), em populações naturais do Bioma Mata Atlântica, à elaboração de “critérios técnicos, baseados em inventário florestal que garantam a sustentabilidade da exploração e a conservação genética das populações”. (Vibrans *et al.*, 2012).

Após as referidas resoluções foi criada uma comissão estadual, composta por diversos atores e segmentos da sociedade, para a discussão e viabilização de um inventário florestal para a atualização das informações sobre os remanescentes florestais catarinenses. Como fruto

da comissão estadual, um inventário piloto foi realizado em 2005, e, a partir de 2007, o IFF-SC começou a ser realizado efetivamente.

O projeto foi concebido para atender os seguintes objetivos, conforme Vibrans *et al.*, 2012: i) Caracterizar a composição florística e estrutura dos remanescentes florestais, além do seu estado de conservação (ou degradação), por meio de um inventário sistemático e detalhado; ii) Caracterizar a diversidade e estrutura genética de populações de espécies ameaçadas empregando marcadores alozímicos; iii) Realizar um levantamento socioambiental por meio de entrevistas, focado nos usos tradicionais dos recursos florestais e na percepção da população rural; iv) Criar uma estrutura que permite a todas as pessoas o acesso às informações obtidas através do uso da internet. Ademais, a atualização da lista de espécies ameaçadas, para o território catarinense, também se tornou um dos objetivos.

O IFF-SC foi executado por distintas instituições, a Universidade Regional de Blumenau (FURB) trabalhou no objetivo i, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), através do Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais (NPFT) levou a cabo o objetivo ii, e Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), ficou encarregada dos objetivos iii e iv.

O IFF-SC tem caráter metodológico inédito, por incluir em seu escopo metas que não são usuais em inventários tradicionais, tais como a informatização dos herbários catarinenses, avaliação socioeconômica dos recursos florestais, criação de um sistema de informações florestais georeferenciadas e a caracterização da diversidade genética de populações de espécies ameaçadas (Vibrans *et al.*, 2010).

Ao final de 2012, depois de seminários e reuniões, os dados do IFF-SC começaram a ser publicados e divulgados em diversas esferas, o site que compila as distintas informações obtidas foi implementado (www.iff.sc.gov.br) e uma proposta de lista de espécies da flora catarinense ameaçada de extinção foi elaborada e aguarda referendo do Conselho Estadual do Meio Ambiente (CONSEMA-SC). Hoje, o Estado de Santa Catarina possui informações de seus remanescentes florestais, sobre diversos aspectos, com quantidade e qualidade suficientes para o embasamento de políticas florestais efetivas no sentido da conservação e uso sustentável dos mesmos.

As instituições que fizeram parte do IFF-SC propuseram continuações ao projeto inicial. O NPFT propôs em 2011, junto à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação de Santa Catarina (FAPESC) o projeto “Caracterização da Diversidade Genética - Inventário Florístico-Florestal de Santa Catarina - Etapa 4 - Floresta

Ombrófila Mista e Floresta Estacional Decidual e Etapa 5 - Floresta Ombrófila Densa”. A Etapa 4 focou no estudo da *Araucaria angustifolia* (araucária), *Dicksonia sellowiana* (xaxim) e *Apuleia leiocarpa* (grápia), já a meta 5 se ateu ao estudo de *Ocotea catharinensis* e *Euterpe edulis*.

As etapas 4 e 5 foram executadas no ano de 2012 com os seguintes objetivos: i) Caracterizar a diversidade genética em indivíduos das coortes jovens, visando avaliar os efeitos recentes da fragmentação, e outras ações antrópicas, sobre a manutenção da diversidade genética potencial (diversidade genética histórica, já caracterizada nos indivíduos adultos); ii) Relacionar a diversidade genética de espécies da flora nativa ameaçadas de extinção à características da paisagem em que se inserem suas populações, visando fundamentar estratégias efetivas de conservação.

3 JUSTIFICATIVA

O presente estudo se justifica no escopo do IFF-SC e também pela necessidade de se conhecer aspectos sobre a variação da diversidade genética das populações de *Euterpe edulis* e *Ocotea catharinensis*, influenciadas pelos eventos de exploração e fragmentação, atuais e históricos apresentados no item 2.

A escolha das espécies, em si, levou em consideração o fato de que as mesmas são estruturantes da paisagem na FOD, o palmito no sub-bosque e a canela preta no dossel, afirmativa essa corroborada pelas densidades nas quais estas espécies ocorrem ou ocorriam na FOD, bem como sua intensa interação com a fauna, conforme apresentado no item 2. Ademais, o ensejo de estudar o palmito e a canela preta também decorre de seus históricos de intensa exploração e redução populacional, do potencial econômico das mesmas e da necessidade de se conhecer melhor as relações entre diversidade genética e paisagem, no sentido de se estabelecerem medidas de conservação populações das espécies.

Assim, ambas as espécies e o contraste entre elas possuem características de modelo de estudos para a conservação da diversidade dos recursos genéticos em ambientes de Floresta Ombrófila Densa.

4 OBJETIVOS

4.1 Objetivo geral

Estabelecer relações entre características da paisagem atual e indicadores de diversidade genética histórica e atual de populações de *Euterpe edulis* e *Ocotea catharinensis*, visando fundamentar estratégias de conservação para populações das espécies da FOD em Santa Catarina.

4.2 Objetivos específicos

- a. Estimar a estrutura e diversidade genética de populações, em diferentes coortes, de *Ocotea catharinensis* e *Euterpe edulis* em remanescentes de FOD do Estado de Santa Catarina;
- b. Comparar os indicadores de diversidade genética entre as diferentes coortes (jovens e adultos) para ambas as espécies, visando inferir sobre a influência dos processos históricos recentes de exploração e fragmentação florestal nas populações das duas espécies;
- c. Avaliar o uso e cobertura do solo no entorno dos fragmentos amostrados;
- d. Estimar métricas de paisagens no entorno dos fragmentos amostrados;
- e. Estimar relações entre as características de paisagem e os indicadores de diversidade para as duas espécies;
- f. Verificar qual a magnitude da diversidade genética, de ambas as espécies, está contida nas Unidades de Conservação estudadas;
- g. Propor, a partir dos resultados, estratégias e medidas conservacionistas para as espécies e remanescentes da FOD em SC.

5 QUESTÕES NORTEADORAS

5.1 Indicadores de diversidade genética

- a. Existe diferença nos níveis de diversidade genética para ambas as espécies, entre adultos e regenerantes?
- b. Os indicadores de diversidade genética dos indivíduos adultos permitem prever padrões de diversidade nos indivíduos regenerantes?

5.2 Paisagem *versus* Diversidade genética

- a. Existe associação entre os níveis de diversidade genética e aspectos da paisagem, para ambas as espécies e coortes?
- b. Aspectos da paisagem e seu entorno permitem prever padrões de diversidade nas coortes regenerantes?
- c. Existe alguma conformação paisagística que se mostra potencialmente mais eficiente na conservação da diversidade genética das espécies?

5.3 Unidades de Conservação

- a. Qual a magnitude da diversidade genética, de ambas as espécies, está contida nas Unidades de Conservação estudadas?
- b. Para o universo estudado, as Unidades de Conservação tem sido eficientes em manter a diversidade genética das espécies?

6 MATERIAL E MÉTODOS

6.1 Seleção das populações e amostragem

Por ventura da realização do projeto “Inventário Florístico-Florestal de Santa Catarina - Caracterização da Diversidade Genética de Espécies Ameaçadas - Fase II e III” (2007 - 2010), 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis* e 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis* foram coletadas e genotipadas através de marcadores alozímicos (Reis *et al.*, 2012).

Na fase seguinte do IFF-SC (Caracterização da Diversidade Genética - Inventário Florístico-Florestal de Santa Catarina - Etapa 5 - Floresta Ombrófila Densa), passou-se a estudar especificamente populações de indivíduos regenerantes. No escopo do referido projeto estava prevista a coleta e genotipagem de sete e nove populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis* e *Euterpe edulis*, respectivamente.

Ainda que não seja um termo estritamente adequado, neste manuscrito a palavra coorte se refere aos indivíduos adultos ou aos indivíduos regenerantes de uma população. Por população entende-se o conjunto de indivíduos, regenerantes ou adultos, que habitam um mesmo fragmento amostrado.

Na amostragem dos indivíduos adultos, procurou-se respeitar uma distância padrão, de 50 m entre indivíduos amostrados, com intuito de mitigar os efeitos de uma possível estrutura familiar interna. A mesma distância foi respeitada na amostragem dos regenerantes. Em cada população de adultos amostrada procurou-se coletar 50 indivíduos, conforme Berg & Hamrick (1997) que recomendam amostragem entre 30 a 50 indivíduos por população genotipada com o marcador isoenzimático. O mesmo número de indivíduos por população foi utilizado na amostragem dos regenerantes.

A seleção dos fragmentos que tiveram indivíduos regenerantes amostrados foi baseada nos índices genéticos das populações adultas, nas informações prévias da paisagem (Tabela 1 e Tabela 2) e na distribuição geográfica dos mesmos. Em termos de genética foi priorizada a escolha de fragmentos contrastantes em termos de diversidade genética, índice de fixação e número de alelos. Assim espera-se possibilitar uma maior amplitude de comparações entre as duas coortes das duas espécies. As informações de paisagem foram utilizadas para selecionar fragmentos contrastantes em relação à área. A distribuição geográfica foi observada para que os fragmentos mais bem

distribuídos, ao longo da área de ocorrência das espécies no Estado, tivessem prioridade de escolha. A Figura 1 e a Figura 2 mostram a distribuição das populações amostradas para ambas as espécies, em ambas as coortes.

Tabela 1. Diversidade genética, índice de fixação, número de alelos, área (ha), latitude e longitude dos 20 fragmentos que tiveram populações adultas de *Euterpe edulis* amostradas. Em negrito os fragmentos onde, além dos adultos, foram amostrados também os regenerantes. * $p < 0,05$.

População	H_E	\hat{f}	Nº alelos	Área	Latitude	Longitude
4 - Praia Grande	0,237	0,038	28	2293	29°09'49,98"S	49°57'20,64"O
30 - M. Grande	0,243	0,109*	28	766	28°48'10,54"S	49°40'58,78"O
51 - M. Fumaça	0,255	0,309*	28	46	28°37'06,43"S	49°13'56,49"O
58 - Treviso	0,239	0,167*	28	3241	28°31'41,99"S	49°30'04,05"O
118 - Orleans	0,244	0,053	29	957	28°15'47,40"S	49°24'36,73"O
143 - Grão Pará	0,244	0,091*	29	1119	28°14'16,99"S	49°17'40,00"O
170 - Sta. Rosa	0,217	0,181*	28	761	28°02'14,09"S	49°06'31,86"O
254 - Santo Am.	0,227	0,324*	27	4382	27°44'39,71"S	48°49'11,11"O
352 - São José	0,225	0,064	26	3444	27°32'31,84"S	48°41'26,10"O
464 - Pres. Nereu	0,222	0,308*	29	2934	27°16'12,28"S	49°25'17,25"O
470 - S. J. Batista	0,201	0,043	27	3182	27°15'33,18"S	48°52'53,18"O
516 - Apiúna	0,225	0,139*	29	2675	27°10'52,02"S	49°24'31,43"O
523 - Tijucas	0,228	0,06	27	2219	27°11'20,92"S	48°46'43,04"O
625 - Taió	0,233	0,05	30	1710	26°59'38,49"S	50°08'46,82"O
640 - Itajaí	0,132	0,146*	27	128	26°55'13,10"S	48°43'17,88"O
689 - Ibirama	0,266	0,043	32	4679	27°02'09,50"S	49°28'14,89"O
751 - Ilhota	0,242	0,058	30	4012	26°48'08,44"S	48°56'10,40"O
996 - Joinville	0,241	0,115*	27	13	26°22'39,64"S	48°56'59,30"O
1027 - Joinville	0,23	0,041	28	3561	26°15'41,72"S	48°57'15,40"O
1072 - Garuva	0,229	-0,022	29	3094	26°00'51,29"S	48°52'25,44"O



Figura 1. Pontos de coleta das 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Os marcadores em vermelho representam os nove pontos onde, além dos adultos, foram amostrados os regenerantes.

Tabela 2. Diversidade genética, índice de fixação, número de alelos, área (ha), latitude e longitude dos 17 fragmentos que tiveram populações adultas de *Ocotea catharinensis* amostradas. Em negrito os fragmentos onde, além dos adultos, foram amostrados também os regenerantes. * $p < 0,05$.

População	\hat{H}_E	\hat{f}	Nº alelos	Área	Latitude	Longitude
119 - Grão Pará	0,193	0,117*	15	1119	28°14'16,99"S	49°17'40,00"O
170 - SR de Lima	0,199	0,165*	14	761	28°02'14,09"S	49°06'31,86"O
194 - SR de Lima	0,167	0,095	14	3539	27°59'13,62"S	49°15'07,40"O
254 - Santo Amaro	0,155	-0,036	15	4382	27°44'39,71"S	48°49'11,11"O
377 - Agrolândia	0,145	0,152*	13	2531	27°29'05,81"S	49°51'43,47"O
378 - Atalanta	0,099	0,475*	14	107	27°26'57,14"S	49°46'15,90"O
386 - Angelina	0,173	0,061	14	3942	27°27'08,15"S	49°03'08,46"O
421 - Ituporanga	0,16	0,144*	14	1825	27°21'39,02"S	49°30'09,94"O
464 - Presidente Nereu	0,137	0,027	14	2934	27°16'12,28"S	49°25'17,25"O
516 - Apiúna	0,172	0,082	14	2675	27°10'52,02"S	49°24'31,43"O
578 - Blumenau	0,133	0,157*	13	4762	27°06'27,88"S	49°08'56,31"O
625 - Taió	0,161	0,113*	14	1710	26°59'38,49"S	50°08'46,82"O
689 - Ibirama	0,149	0,113	14	4679	26°55'22,72"S	49°31'45,76"O
751 - Ilhota	0,162	0,179*	15	4012	26°48'08,44"S	48°56'10,40"O
951 - Corupá	0,151	0,117	14	3246	26°25'11,15"S	49°22'02,21"O
1026 - Joinville	0,183	0,177*	15	4989	26°14'12,88"S	49°01'59,23"O
1027 - Joinville	0,104	0,297*	15	3094	26°15'41,72"S	48°57'15,40"O



Figura 2. Pontos de coleta das 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Os marcadores em vermelho representam os sete pontos onde, além dos adultos, foram amostrados os regenerantes.

Na amostragem dos regenerantes foi priorizada, para ambas as espécies, a coleta dos indivíduos provenientes dos eventos reprodutivos mais recentes (Figura 3). De maneira geral, foram coletadas plântulas com altura inferior a 20 cm. Por meio desta abordagem se pretendeu obter uma estimativa da situação genética atual das populações, bem como uma avaliação do fluxo gênico contemporâneo das mesmas e entre as coortes.

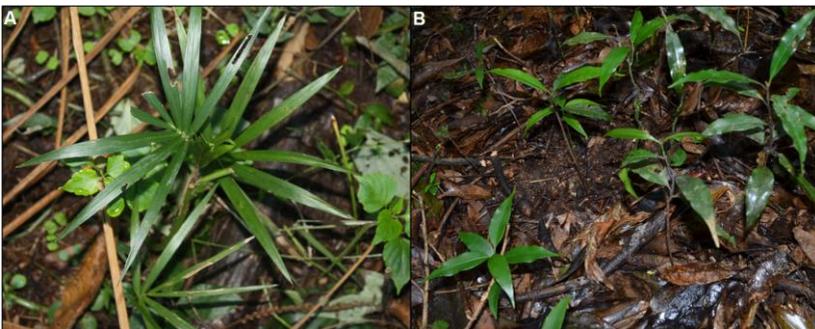


Figura 3. Aspecto dos indivíduos de *Euterpe edulis* (A) e *Ocotea catharinensis* (B) coletados no estudo.

6.2 Eletroforese de isoenzimas

Os processos laboratoriais foram todos realizados no Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV) da UFSC. Assim que o material foliar foi coletado era conduzido ao laboratório e acondicionado em geladeira ($\pm 5^\circ \text{C}$) até o momento da extração das enzimas.

O processo de solubilização das enzimas foi realizado com auxílio do macerador automático Precellys® 24. Em cada tubo de maceração (modelo Hard tissue grinding MK28), foram adicionados: aproximadamente 50 mg de material foliar, 5 esferas de aço inoxidável, 0,4 ml de solução de extração nº 1 (Alfenas, 1998) e cerca de 10 mg de polivinilpirrolidona (PVPP). Os tubos foram agitados por 10'' a 6000 RPM. O líquido resultante do processo de maceração foi absorvido em tiras de papel cromatográfico (Whatman nº 3), com 2 X 20 mm de tamanho (*wicks*). Posteriormente os *wicks* foram dispostos lado a lado no gel de amido (penetrose 30 a 13%), que era submetido à corrente elétrica.

Para *O. catharinensis* o sistema tampão-eletrodo utilizado foi o Tris-Citrato pH 7,5 (27 g/l de Tris e 16,52 g/l de ácido cítrico), as voltagens utilizadas na eletroforese foram: i) 100 V por 20 min.; ii) 140 V por 20 min.; e iii) 180 V pelo período de 3 a 4 h, conforme Montagna (2011). Para *E. edulis* foram dois sistemas tampão-eletrodo empregados, o Tris-Citrato pH 7,5 (27 g/l de Tris e 16,52 g/l de ácido cítrico) com as mesmas voltagens utilizadas para a canela-preta e o Citrato de Morfolina pH 6,1 (7,68 g/l de ácido cítrico) com as seguintes voltagens: i) 100 V por 20 min.; ii) 150 V por 20 min.; e iii) 200 V pelo período de 4 a 5 h, de acordo com Silva (2004).

Após o processo de eletroforese os géis eram cortados e as fatias dispostas em cubas de porcelana para a revelação dos zimogramas. Foram utilizados 8 sistemas isoenzimáticos para *O. catharinensis* e mais 10 sistemas para *E. edulis*. Na Tabela 3 estão as siglas e códigos dos sistemas utilizados. Todos os sistemas utilizados para a caracterização dos indivíduos adultos foram utilizados na caracterização dos indivíduos regenerantes, estabelecendo assim uma igualdade na amostragem do genoma de adultos e regenerantes. Após a completa revelação dos zimogramas os mesmos foram interpretados e fotografados, para reavaliações posteriores.

Tabela 3. Siglas e códigos dos sistemas isoenzimáticos utilizados na caracterização das populações de *Ocotea catharinensis* e *Euterpe edulis*. Adaptado de Alfenas (1998).

<i>Ocotea catharinensis</i>		<i>Euterpe edulis</i>	
Sigla	Código	Sigla	Código
G6PDH	EC 1. 1. 1. 49	NADHDH	EC 1.6.99.3
GOT	EC 2. 6. 1. 1	SKDH	EC 1. 1. 1. 25
GTDH	EC 1. 4. 1. 2	PRX	EC 1.11.1.7
ME	EC 1. 1. 1. 40	6PGDH	EC 1.1.1.44
IDH	EC 1. 1. 1. 42	DIA	EC 1. 8. 1. 4
MDH	EC 1. 1. 1. 37	PGI	EC 5.3.1.9
PGM	EC 5. 4. 2. 2	MDH	EC 1. 1. 1. 37
DIA	EC 1. 8. 1. 4	PGM	EC 5. 4. 2. 2
		IDH	EC 1. 1. 1. 42
		G6PDH	EC 1. 1. 1. 49

6.3 Análise dos dados genéticos

A partir dos genótipos observados em gel, foram estimadas, para populações estudadas, as frequências alélicas, os índices de diversidade (porcentagem de locos polimórficos ($\hat{P}_{99\%}$), número total de alelos (n° alelos), número médio de alelos por loco (\hat{A}), número médio de alelos por loco polimórfico (\hat{A}_p), heterozigozidade observada (\hat{H}_O) e esperada (\hat{H}_E) e o índice de fixação (\hat{f}). Além disso, também foram estimadas as estatísticas F de Wright (Wright, 1951), número de alelos raros e número de alelos exclusivos.

As frequências alélicas foram obtidas através do programa Fstat (Goudet, 2001), por meio da seguinte abordagem:

$$\hat{p}_{ij} = n_{ij} / n_j$$

sendo:

\hat{p}_{ij} = frequência do alelo i na população j ;

n_{ij} = número de ocorrências do alelo i na população j ;

n_j = número total de alelos amostrados na população j .

Os índices de diversidade ($\hat{P}_{99\%}$, n° alelos, \hat{A} , \hat{A}_p , \hat{H}_E , \hat{H}_O e \hat{f}) foram obtidos através do programa GDA (Lewis & Zaykin, 2002). O

número de alelos raros e exclusivos foi calculado com auxílio do Microsoft Excel.

A porcentagem de locos polimórficos foi obtida considerando-se o número de locos que apresentaram o alelo mais frequente com ocorrência inferior a 99%, em relação ao total de locos.

$$\hat{P}_{99\%} = (\text{n}^\circ \text{ de locos polimórficos} / \text{n}^\circ \text{ total de locos}) \times 100$$

O número de alelos (n° alelos) foi obtido através do somatório de todos os alelos encontrados para uma população. A média de alelos por loco (\hat{A}) foi estimada dividindo-se o total de alelos de uma população pelo total de locos da mesma. A média de alelos por loco polimórfico (\hat{A}_p) foi calculada dividindo-se o total de alelos de uma população pelo total de locos polimórficos da mesma.

A heterozigiosidade média observada (\hat{H}_O) foi obtida pela média entre os locos do número de indivíduos heterozigotos dividido pelo número de indivíduos amostrados.

$$\hat{H}_O = [(\sum P_{ij}) / n] / l$$

Onde:

$$(\sum P_{ij}) = \text{somatório dos heterozigotos } (i \neq j);$$

n = número de indivíduos total;
 l = número de locos.

A heterozigiosidade esperada (\hat{H}_E) foi obtida empregando-se o estimador não viesado de Nei (1978):

$$\hat{H}_E = 2n(1 - \sum \hat{p}_i^2) / (2n - 1)$$

Sendo:

$$\hat{p}_i = \text{frequência do alelo } i;$$

n = número de indivíduos amostrados.

Os intervalos de confiança para \hat{H}_E e \hat{H}_O foram obtidos através do pacote “PopGenKit” (Paquette, 2012) em linguagem R (R Development Core Team, 2013). O índice de fixação (\hat{f}) foi estimado pelos desvios da heterozigiosidade esperada, sendo:

$$\hat{f} = (\hat{H}_E - \hat{H}_O) / \hat{H}_E$$

A significância do índice de fixação foi obtida com o auxílio do programa Fstat (Goudet, 2001), que através de randomizações múltiplas fornece um percentual de randomizações que retornaram valores maiores e menores que o observado. O nível de significância do teste é de 5%.

O número de alelos raros foi obtido através do somatório dos alelos com frequência menor que 5% dentro da uma população. Como alelos exclusivos foram classificados aqueles de ocorrência restrita à apenas uma população de um dado conjunto de populações.

As estatísticas F de Wright (Wright, 1951) (\hat{F}_{IS} , \hat{F}_{IT} , \hat{F}_{ST}) foram estimadas com auxílio do programa Fstat (Goudet, 2001), que utiliza o método descrito por Weir & Cockerham (1984) para estimar as estatísticas. A seguir, as fórmulas descritas por Nei (1977) para estimar as estatísticas.

Assim:

$$\hat{F}_{IS} = (1 - \hat{H}_{ot}) / \hat{H}_{ei}$$

$$\hat{F}_{IT} = (1 - \hat{H}_{ot}) / \hat{H}_{et}$$

$$\hat{F}_{ST} = (1 - \hat{H}_{ei}) / \hat{H}_{et}$$

Onde:

$$\begin{aligned} \hat{H}_{ot} &= 1 - (\sum \sum X_{il}) / 1s \\ \hat{H}_{ei} &= 1 - (\sum_i \sum_l \sum_k X_{ilk}^2) / 1s \\ \hat{H}_{et} &= 1 - [(\sum_l \sum_k X_{lk}) / s]^2 / 1 \end{aligned}$$

Sendo:

\hat{H}_{et} = heterozigosidade esperada total;

\hat{H}_{ei} = heterozigosidade média entre as populações;

\hat{H}_{ot} = heterozigosidade observada total;

X_{il} = frequência de heterozigotos dos locos l na população i ;

x_{ilk} = frequência do alelo k do loco l na população i ;

s = número de populações;

l = número de locos.

A significância das estatísticas F foi obtida através do programa Fstat (Goudet, 2001), que utiliza o método de reamostragem *bootstrap*, com 1000 reamostragens e significância de 5%.

Para verificar a possível associação entre divergência genética (\hat{F}_{ST}) e distância geográfica foram realizados correlogramas de Mantel (1970) entre as distâncias geográficas ($\ln(\text{distancia em km})$) e a

divergência genética ($\hat{F}_{ST} - (1/\hat{F}_{ST})$) para todos os pares de populações, de ambas as espécies e coortes. A significância do coeficiente de correlação foi testada através de um teste de t , com significância de 5%, conforme a seguinte fórmula:

$$t = r \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}}$$

Onde:

t = valor de t calculado;
 n = número de pares de populações;
 r = correlação de Pearson.

6.4 Análise dos dados de paisagem

A análise da paisagem pode ser realizada através de medidas que caracterizam a estrutura da paisagem em três níveis: métricas de mancha, que descrevem as características geométricas de manchas individuais; métricas de classe, que descrevem configuração de um conjunto de manchas; e métricas de paisagem, que descrevem a paisagem por inteiro (Lang e Blaschke, 2009). O presente estudo avaliou métricas de mancha e métricas de classe.

O mapeamento base utilizado neste estudo foi o Mapeamento Temático Geral do Estado de Santa Catarina (Geoambiente, 2008), em arquivo vetorial na escala 1:50.000. Esse mapeamento foi elaborado para o Projeto de Proteção da Mata Atlântica em Santa Catarina (PPMA/SC), com base em 53 imagens multiespectrais SPOT-4 de 2005 (Geoambiente, 2008).

O mapeamento utilizado permite a distinção das seguintes classes de uso e ocupação do solo: floresta em estágio médio ou avançado, floresta em estágio primário, reflorestamento, pastagens e campos naturais, agricultura, área urbanizada ou construída, corpos d'água e mineração. Para obter os índices de métrica de paisagem, foi empregado como base o documento cartográfico temático de uso do solo.

Assim, em nível de classe foram avaliadas métricas relativas às florestas em estágio médio ou avançado, reflorestamentos, pastagens e campos naturais e agricultura, num raio de 4 km (5026,5 ha) a partir do centro de cada unidade amostral (Figura 4). Os fragmentos onde as populações foram coletadas constituíram as manchas, e destes foram estimadas as métricas de mancha.

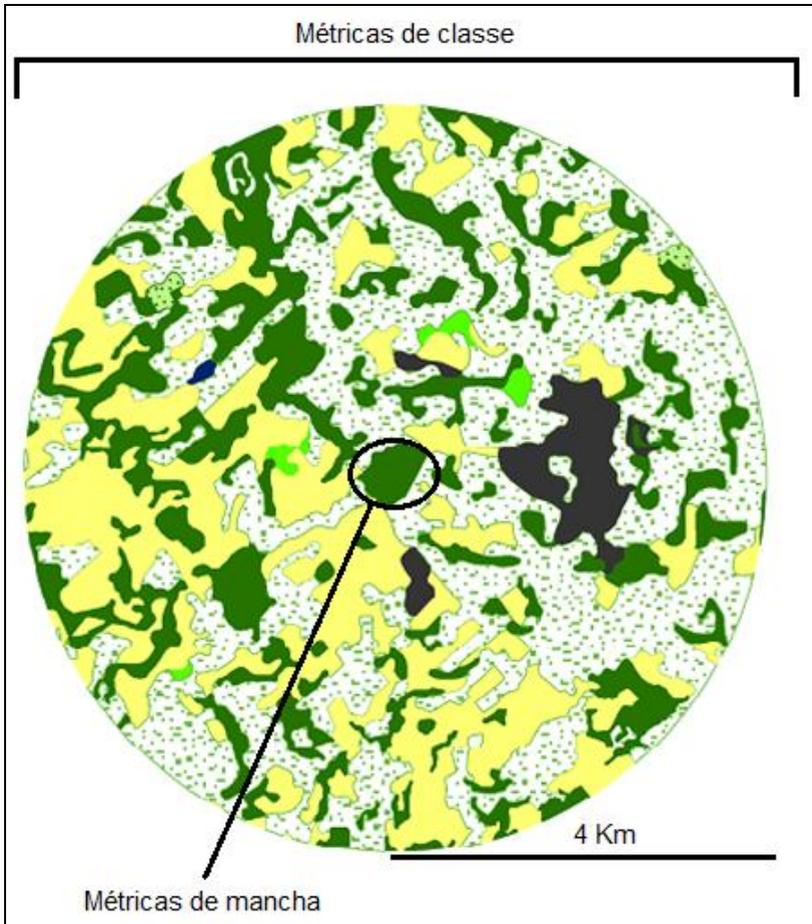


Figura 4. Exemplo de um *buffer* estudado. O fragmento do centro da figura representa o local da coleta de uma população.

As métricas, tanto de classe como de mancha, foram estimadas com auxílio do programa ArcGis 10.0, utilizando a extensão V-LATE 2.0 (Vector-based Landscape Analysis Tools Extension) (Lang e Tiede, 2003). A Tabela 4 mostra quais métricas foram estimadas para a realização do estudo. No caso das métricas de classe, para cada uma de floresta estágio médio ou avançado foram estimadas todas as 17 métricas da Tabela 4, para as demais classes (reflorestamentos, pastagens e campos naturais e agricultura), as métricas relativas à área

núcleo não foram estimadas, totalizando assim 14 métricas para cada classe. As siglas das métricas de classe aparecem sem numeração quando se referem à classe florestas em estágio médio ou avançado, seguidas do número 2 para reflorestamentos, número 3 para pastagens e campos e número 4 para agricultura.

Tabela 4. Métricas da paisagem estimadas neste trabalho (adaptado de Lang e Blaschke, 2009).

Escala	Categoria	Sigla	Métrica	Faixa de valores	Unidade	
Classe	Área	NUMP	Número de Manchas	[0 - ∞[-	
		CA	Área da classe	[0 - ∞[ha	
		MPS	Tamanho médio das manchas	[0 - CA]	ha	
		PSSD	Desvio padrão do tamanho da mancha	[0 - ∞[ha	
	Área núcleo	NCA	Número de áreas-núcleo	[0 - ∞[-	
		TCCA	Área total de áreas-núcleo	[0 - ∞[ha	
		CAI	Índice de área-núcleo	[0 - 100]	%	
	Borda	ED	Densidade das bordas	[0 - ∞[%	
		TE	Soma das Bordas	[0 - ∞[m	
		MPE	Comprimento médio da borda	[0 - TE]	m	
	Forma	MSI	Índice médio de forma	[1 - ∞[-	
		MPAR	Razão média do perímetro pela área	[0 - ∞[m/ha	
		MPFD	Dimensão fractal média	[1 - 2]	-	
	Retalhamento	DIVISION	Grau de divisão da paisagem	[0 - 100]	%	
		SPLIT	Índice de retalhamento	[1 - ∞[-	
		MESH	Tamanho efetivo da mancha]0 - 1[-	
	Proximidade	PROXIMITY	Proximidade média das manchas	[0 - ∞[m	
	Mancha	Área	AREA	Área total da mancha	[0 - ∞[ha
		Perímetro	PERIMETER	Perímetro da mancha	[0 - ∞[m
		Área núcleo	AREA_NUCLEO	Área-núcleo da mancha	[0 - ∞[ha
PARATIO			Relação perímetro-área	[1 - ∞[-	
SHAPE_IDX			Índice de forma	[1 - ∞[-	
Forma		FRAC_DIM	Dimensão fractal	[1 - 2]	-	
		Proximidade	NNDIST	Distância ao vizinho mais próximo	[0 - ∞[m
			PXFG	Índice de proximidade	[0 - ∞[-

As métricas escolhidas para a realização do estudo, tanto de classe, como de mancha são descritas nas sequências, de acordo com Forman e Godron (1986); McGarigal e Marks (1994); Volotão (1998) e McGarigal, (2002).

- Número de Manchas (NUMP): número de manchas encontradas apresenta quantas manchas são encontradas por classe em cada *buffer*. ou no total da paisagem. Essa métrica pode também indicar o retalhamento da paisagem.
- Área de Classe (CA): somatório das áreas de todas as manchas que pertencem a uma determinada classe.
- Tamanho médio das manchas (MPS): tamanho médio das manchas de uma determinada classe.
- Desvio padrão do tamanho da mancha (PSSD): medida de dispersão da área das manchas em torno do valor médio.
- Número de áreas-núcleo (NCA): número de manchas levando-se em consideração uma área de bordadura predeterminada. No caso deste estudo área de bordadura foi de 50 m.
- Área total de áreas-núcleo (TCCA): somatório de todas as áreas núcleo do *buffer*.
- Índice de área-núcleo (CAI): percentual de uma mancha tomada pela área-núcleo. Essa métrica é dependente do número de áreas-núcleo remanescentes e disjuntas.
- Densidade das bordas (ED): qual é a densidade das bordas de uma determinada mancha. Essa métrica pode ser equiparada geralmente com riqueza de estrutura, podendo também significar retalhamento. A qualidade das linhas precisa ser considerada nessa métrica.
- Soma das Bordas (TE): somatório total das bordas que ocorrem no *buffer*.
- Comprimento médio da borda (MPE): média dos comprimentos de todas as bordas de um *buffer*.
- Índice médio de forma (MSI): Corresponde ao índice médio de forma das manchas de uma determinada classe.
- Razão médio do perímetro pela área (MPAR): área das manchas de uma determinada classe em relação aos seus perímetros.
- Dimensão fractal médio (MPFD): representa a complexidade ou a irregularidade médias das formas das manchas de uma determinada classe.
- Tamanho efetivo da mancha (MESH): tamanho médio ponderado das manchas de determinada classe.

- Índice de retalhamento (SPLIT): representa quantas manchas (de igual tamanho) permanecem num determinado grau de retalhamento.
- Grau de divisão da paisagem (DIVISION): métrica utilizada para medir o grau de fragmentação da paisagem. Grau de divisão da paisagem é baseada na distribuição cumulativa de área e é interpretada como a probabilidade de que duas manchas escolhidas aleatoriamente na paisagem não sejam correspondente.
- Proximidade média das manchas (PROXIMITY): representa a proximidade média de uma mancha de determinada classe para as outras de mesma classe dentro do *buffer*. É afetada pela área das manchas e pelo raio do *buffer*, pois é o resultado da soma de cada área dos fragmentos de mesma classe dividido pela distância euclidiana borda-a-borda respectiva, considerando somente os fragmentos dentro do raio de busca. Se for igual a zero indica que não há vizinho de mesma classe no *buffer*.
- Área total da mancha (AREA): área total de uma mancha.
- Perímetro da mancha (PERIMETER): comprimento total da borda de uma mancha.
- Área-núcleo da mancha (AREA-NUCLEO): área total da mancha desconsiderando o efeito de borda, neste caso, 50 m.
- Relação perímetro-área (PARATIO): medida de complexidade de forma da mancha. Divisão do perímetro pela área.
- Índice de forma (SHAPE_IDX): representa o quão parecida é a forma da mancha, comparada à forma de um círculo.
- Dimensão fractal (FRAC_DIM): representa a complexidade ou a irregularidade de uma mancha.
- Distância ao vizinho mais próximo (NNDIST): distância mancha mais próxima, de mesma classe.
- Índice de proximidade (PXFG): proximidade de uma mancha em questão para outras, de mesma classe, ao seu entorno. Essa métrica é dependente da distância e da área da mancha correspondente.

6.5 Análise de componentes principais (PCA)

A análise de componentes principais (PCA) (Legendre & Legendre, 2012) é uma análise indireta de gradientes, ou seja, não convém para teste de hipóteses. Esta análise foi utilizada para a ordenação dos dados de genética e de paisagem (classes e manchas) no intuito de se encontrar possíveis conformações de mancha ou de

paisagem que favoreçam a conservação da diversidade genética das populações estudadas.

As análises foram conduzidas utilizando os dados de genética juntamente com os de classe para adultos e regenerantes e, também, com os dados de genética juntamente com os dados de mancha, novamente para adultos e regenerantes das duas espécies estudadas.

Como grande parte das métricas podem estar correlacionadas (e, portanto existir multicolineariedade entre as variáveis), houve uma seleção prévia das mesmas para a realização das análises. A correlação de Pearson foi obtida entre as métricas de classe, de mancha e entre os dados de genética, sendo que nos pares de variáveis onde a correlação foi maior que $|0,75|$ uma delas foi excluída. As métricas diretamente relacionadas com as áreas das classes tiveram prioridade na seleção das métricas, para os índices de diversidade genética, o número de alelos, \hat{H}_E , \hat{H}_O e \hat{f} foram os índices prioritários. Posteriormente à exclusão das variáveis correlacionadas, as que restaram foram transformadas, pelo método da standardização, que foi escolhido após uma análise gráfica comparando as variáveis brutas, transformadas por *ranging* (Sneath & Sokal, 1973) e transformadas por standardização.

As análises foram realizadas em linguagem R (R Core Team, 2013) utilizando o pacote “vegan” (Oksanen *et al.*, 2013). O valor de carga de cada variável, em cada eixo, foi multiplicado pela raiz quadrada do valor de seu respectivo eixo, para se obter a correlação de cada variável em cada eixo (Legendre & Legendre, 2012). Apenas as variáveis com correlação maior que $|0,60|$, com seu respectivo eixo, foram levadas em consideração nas discussões.

6.6 Análise de redundância (RDA)

A análise de redundância (RDA) (Wollemberg, 1977) é uma análise direta de gradiente, permitindo assim a identificação de relações de causa e efeito entre variáveis resposta e variáveis explicativas. Esta análise foi conduzida utilizando os dados de genética (variáveis resposta) e as métricas de mancha (variáveis explicativas) para os fragmentos onde houve amostragem de indivíduos adultos e regenerantes. Assim, uma RDA foi conduzida as populações de indivíduos adultos -nove populações de palmitreiro e sete de canela preta- e outra para as respectivas populações de regenerantes.

Como as populações de ambas as coortes encontram-se, aos pares, nas mesmas unidades amostrais (UA), as métricas de mancha utilizadas foram as mesmas para adultos e regenerantes. No entanto, os índices de diversidade genética são distintos entre coortes, fato que ocasiona correlações distintas entre os mesmos nas diferentes coortes. Assim, diferentemente da PCA, os índices de diversidade genética correlacionados não foram retirados da análise, para que exatamente os mesmos índices fossem testados, em relação às mesmas métricas de mancha, para ambas as coortes das duas espécies estudadas.

O intuito desse tipo de abordagem foi de verificar se diferenças entre os índices de diversidade genética, entre adultos e regenerantes, tem relação com as métricas de mancha. A RDA não foi conduzida para as métricas de classe, pois como se baseia em regressões múltiplas, o modelo fica severamente penalizado quando se utilizam muitas variáveis explicativas, como é o caso das métricas de classe.

O método da estandardização foi escolhido para a transformação dos dados (genéticos e de paisagem), após uma análise gráfica comparando as variáveis brutas, transformadas por *ranging* e transformadas por estandardização. As análises foram realizadas em linguagem R (R Core Team, 2013) utilizando o pacote “vegan” (Oksanen *et al.*, 2013). A seleção das variáveis explicativas foi baseada no VIF (Variance Inflation Factor), sendo excluídas as variáveis com VIF maior que 10, de acordo com as recomendações de Oksanen *et al.* (2013). O VIF foi calculado em linguagem R (R Core Team, 2013) utilizando o pacote “HH” (Heiberger, 2013). As análises de variância para verificar as significâncias global, por eixo e por variável explicativa também foram conduzidas em linguagem R (R Core Team, 2013).

6.7 Unidades de Conservação

A fim de verificar que magnitude da diversidade genética, de ambas as espécies, está contida nas UCs estudadas foram realizadas comparações entre as populações de áreas particulares e populações que estão em Unidades de Conservação (UCs). Tais comparações foram realizadas apenas nas coortes adultas de ambas as espécies.

No caso de *E. edulis*, das 20 populações avaliadas, três se encontram em UCs, são elas: i) 751 – Ilhota (Parque Botânico do Morro do Baú); ii) 254 – Santo Amaro (Parque Estadual da Serra do Tabuleiro) e iii) 689 – Ibirama (Floresta Nacional de Ibirama).

Dentre as 17 populações de *O. catharinensis* avaliadas, cinco estão localizadas em UCs, são elas: i) 951 – Corupá (Reserva Particular do Patrimônio Natural Emílio Batistella); ii) 751 – Ilhota (Parque Botânico do Morro do Baú); iii) 1026 – Joinville (Área de Proteção Ambiental Serra Dona Francisca e Quiriri); iv) 578 – Blumenau (Parque Nacional da Serra do Itajaí) e v) 254 – Santo Amaro (Parque Estadual da Serra do Tabuleiro).

As populações, para ambas as espécies, foram agrupadas de acordo com o local de ocorrência (dentro ou fora de UCs). Através das fórmulas e programas já mencionados foram obtidos o número de alelos médio e total, para cada agrupamento, bem como o número de alelos exclusivos, \hat{H}_E , \hat{H}_O , \hat{F}_{IS} e \hat{F}_{ST} . As comparações entre \hat{H}_E , \hat{H}_O , bem como a significância do \hat{F}_{IS} e do \hat{F}_{ST} foram obtidas através de 1000 *bootstraps*, observando um nível de significância de 5%.

7 RESULTADOS E DISCUSSÃO

7.1 Diversidade e estrutura genética das populações de *Euterpe edulis* Martius

7.1.1 Indivíduos adultos

A Tabela 5 sintetiza os índices de diversidade genética estimados para as 20 populações de indivíduos adultos de palmitreiro estudadas. A tabela com as frequências alélicas de cada loco, em cada população, encontra-se no Anexo 1. Os 10 sistemas isoenzimático utilizados permitiram a interpretação de 13 locos, dos quais três se apresentaram monomórficos nas 20 populações estudadas. Foram identificados 34 alelos distintos entre todas as populações, sendo que cada população apresentou em média 28 alelos, não havendo muita variação em torno desta média ($S = 1,3$ alelos).

As populações apresentaram, em média, 59,2% de locos polimórficos, bem como 2,18 alelos por loco e 2,97 alelos por loco polimórfico. A diversidade genética pode ser considerada alta ($\hat{H}_E = 0,229$; $S = 0,026$), sendo maior que 0,2 para 19 das 20 populações. A heterozigosidade observada média foi menor que a \hat{H}_E ($\hat{H}_O = 0,203$; $S = 0,033$) ocasionando um índice de fixação médio de 0,115. Esse último índice foi o que apresentou uma maior amplitude de variação entre as populações, sendo que 10 populações apresentaram \hat{f} significativos.

Outros estudos realizados com o palmitreiro já haviam demonstrado que a espécie apresenta, naturalmente, altos índices diversidade. Reis (1996), com marcadores alozímicos, mas empregando somente sete locos polimórficos, encontrou \hat{H}_E superior a 0,4 para oito populações (três de Santa Catarina e cinco de São Paulo), resultado semelhante ao obtido por Conte *et al.* (2008) para 4 populações de Santa Catarina. Conte *et al.* (2003), para uma população de São Pedro de Alcântara – SC, encontrou $\hat{H}_E = 0,282$ para indivíduos reprodutivos, também com marcadores alozímicos. Os índices de diversidade encontrados pelo presente estudo também são maiores que as médias compiladas por Hamrick & Godt (1989), para espécies arbóreas de ciclo longo ($\hat{H}_E = 0,149$).

Tabela 5. Índices de diversidade genética para 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis* no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigosidade esperada; \hat{H}_O = heterozigosidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$

População	n	alelos	$\hat{P}_{99\%}$	\hat{A}	\hat{A}_p	\hat{H}_E	\hat{H}_O	\hat{f}	Raros	Excl.
4 - Praia Grande	53	28	61,5	2,15	2,88	0,237	0,228	0,038	5	
30 - M. Grande	47	28	61,5	2,15	2,88	0,243	0,217	0,109*	5	
51 - M. Fumaça	51	28	69,2	2,15	2,67	0,255	0,177	0,309*	2	
58 - Treviso	50	28	53,8	2,15	3,14	0,239	0,199	0,167*	5	
118 - Orleans	52	29	61,5	2,23	3	0,244	0,231	0,053	4	
143 - Grão Pará	51	29	61,5	2,23	3	0,244	0,222	0,091*	5	1
170 - Sta. Rosa	52	28	61,5	2,15	2,75	0,217	0,178	0,181*	5	
254 - Santo Am.	47	27	61,5	2,08	2,75	0,227	0,154	0,324*	3	
352 - São José	51	26	53,8	2	2,86	0,225	0,211	0,064	3	
464 - Pres. Nereu	56	29	53,8	2,23	3,14	0,222	0,154	0,308*	5	
470 - S. J. Batista	53	27	53,8	2,08	3	0,201	0,192	0,043	6	
516 - Apiúna	59	29	61,5	2,23	3	0,225	0,194	0,139*	5	
523 - Tijucas	51	27	53,8	2,08	3	0,228	0,215	0,06	2	
625 - Taió	55	30	61,5	2,31	3,13	0,233	0,221	0,05	8	
640 - Itajaí	51	27	53,8	2,08	3	0,132	0,113	0,146*	6	
689 - Ibirama	54	32	61,5	2,46	3,25	0,266	0,255	0,043	6	
751 - Ilhota	53	30	69,2	2,31	2,89	0,242	0,228	0,058	5	
996 - Joinville	52	27	53,8	2,08	3	0,241	0,214	0,115*	5	
1027 - Joinville	52	28	53,8	2,15	3,14	0,23	0,22	0,041	5	
1072 - Garuva	53	29	61,5	2,23	3	0,229	0,234	-0,022	7	
Média	52	28	59,2	2,18	2,97	0,229	0,203	0,115	5	
Desvio padrão	2,6	1,3	4,9	0,1	0,15	0,026	0,033	0,096	1,5	

O que mais difere entre os estudos com diversidade genética já realizados com a espécie e o presente estudo são os índices de fixação. De maneira geral, as populações de palmitreiro apresentam \hat{f} baixos e não significativos, como os encontrados por Reis (1996), Conte *et al.* (2003) e Conte *et al.* (2008) com marcadores alozímicos, e por Gaiotto *et al.* (2003) e Conte *et al.* (2008) com marcadores microssatélites. Exceção feita ao estudo de Seoane *et al.* (2005), empregando marcadores microssatélites, para duas populações de indivíduos adultos do Rio de Janeiro, que encontrou \hat{f} significativos de 0,224 e 0,223.

Como já mencionado na revisão bibliográfica, o palmitreiro apresenta altas taxas de cruzamento, além de forte interação com a fauna polinizadora e dispersora. Esses eventos contribuem para que a

ocorrência de cruzamentos entre aparentados seja minimizada. No entanto, as populações estudadas, de maneira geral, não escaparam aos eventos de exploração e fragmentação recentes. Assim, os índices de fixação altos e positivos encontrados podem advir, em grande parte, da redução do tamanho efetivo das populações, ocasionada especialmente pela exploração predatória da espécie.

Cabe destacar que, a despeito dos \hat{f} significativos encontrados, os índices de diversidade genética são altos em praticamente todas as populações, apenas um alelo exclusivo foi detectado e o número de alelos não varia muito entre as populações. Esses fatos demonstram que as populações possuem potencial para servirem como repositórios de diversidade genética e, de uma maneira geral, apresentam grande potencial para estabelecimento de áreas de coleta de sementes.

Em termos de estrutura genética, o conjunto das populações apresentou índice de fixação total (\hat{F}_{IT}) significativo de 0,169. Grande parte do \hat{F}_{IT} é devido à fixação dentro das populações (\hat{F}_{IS}) que foi significativa e igual a 0,113. No entanto a fixação proveniente da subdivisão (\hat{F}_{ST}) também foi significativa, igual a 0,063. Esse último valor representa que cerca de 6% da variação alélica encontrada não é compartilhada por todo conjunto das populações devido à subdivisão.

Certa homogeneidade entre populações de palmitreiro, em termos da distribuição da diversidade genética, já foi observada em outros estudos. Reis (1996) encontrou $\hat{F}_{ST} = 0,031$ entre oito populações de indivíduos adultos. Valor ainda menor ($\hat{F}_{ST} = 0,011$) foi verificado por Conte *et al.* (2008) para quatro populações de Santa Catarina.

Reis (1996) relaciona as divergências encontradas entre populações de São Paulo e de Santa Catarina ao isolamento por distância. Entretanto o distanciamento entre as populações do presente trabalho parece não explicar o \hat{F}_{ST} encontrado.

A Figura 5 mostra o correlograma de Mantel (1970) para as distâncias genéticas e geográficas entre os pares de populações. De acordo com o teste, percebe-se que a distância geográfica explica muito pouco da diferenciação encontrada. Esse resultado indica que a diferenciação observada seja devida, em grande parte, a exploração que aconteceu sobre a espécie, fato que aleatoriamente ou não retira genótipos das populações, podendo gerar diferenciação. Este resultado aponta também para um fluxo gênico histórico suficiente para contrapor efeitos de deriva genética.

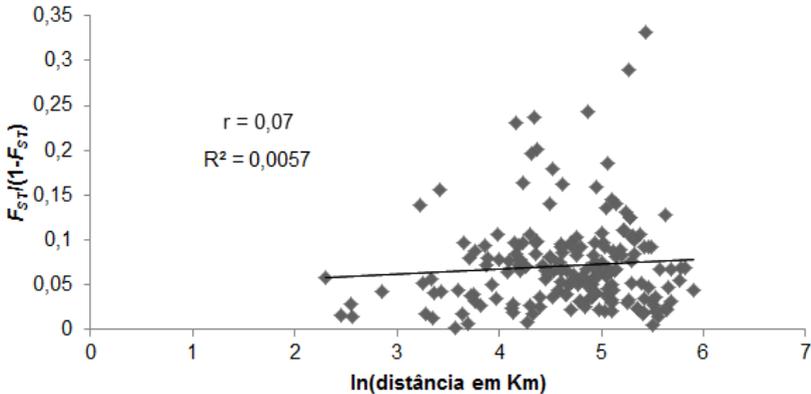


Figura 5. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis* do Estado de Santa Catarina.

O estudo de Reis (1996) considerou populações dos Estados de São Paulo e de Santa Catarina, já neste estudo as populações apresentam uma distância média de 130 km, distâncias estas consideráveis para apresentarem pouco efeito sobre a divergência estimada. Novamente é importante pontuar a forte interação entre a fauna dispersora e o palmitreiro. Esse é um fator que pode ajudar a explicar a baixa diferenciação encontrada, mesmo entre populações razoavelmente distantes.

7.1.2 Indivíduos regenerantes

As frequências alélicas obtidas para as nove populações de indivíduos regenerantes estão apresentadas no Anexo 2. Os 10 sistemas isoenzimáticos utilizados possibilitaram a interpretação de 13 locos, sendo 10 polimórficos. O Loco MDH-2, monomórfico para os adultos, apresentou variação nos regenerantes, ao passo que o loco IDH-1, polimórfico nos adultos, foi monomórfico para os regenerantes. Foram detectados 33 alelos distintos entre as nove populações, sendo que destes, dois não foram detectados nas 20 populações de adultos (MDH-2 alelo 2 e PRX-4 alelo 1). No entanto três alelos detectados para os adultos (20 populações) não apareceram nos regenerantes (IDH-1 alelo 1, PRX-4 alelo 3 e DIA-1 alelo 4).

A Tabela 6 sintetiza os índices de diversidade genética obtidos para as nove populações de indivíduos regenerantes estudadas e, para fins de comparação, também das nove populações de indivíduos adultos

de cada fragmento. Em média, as populações regenerantes apresentaram 28 alelos ($S = 2,5$ alelos) e em seis das nove populações este número foi menor que o encontrado para os adultos. Consequentemente, a porcentagem de locos polimórficos ($\hat{P}_{(99\%)} = 58,9\%$), o número de alelos por loco ($\hat{A} = 2,12$) e por loco polimórfico ($\hat{A}_p = 2,86$) foram sensivelmente menores nos regenerantes do que nos adultos, em termos médios. Três alelos exclusivos foram identificados entre os regenerantes, ocorrendo nas populações 625 –Taió, 640 – Itajaí e 689 – Ibirama.

Tabela 6. Índices de diversidade genética para nove populações de indivíduos adultos (A) e nove populações de indivíduos regenerantes (R) de *Euterpe edulis* no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigiosidade esperada; \hat{H}_O = heterozigiosidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$

População	n	alelos	$\hat{P}_{99\%}$	\hat{A}	\hat{A}_p	\hat{H}_E	\hat{H}_O	\hat{f}	Raros	Excl.
4 - Praia Grande A	53	28	61,5	2,15	2,88	0,237	0,228	0,038	5	
4 - Praia Grande R	50	27	53,8	2,08	3	0,21	0,218	-0,038	4	
51 - M. Fumaça A	51	28	69,2	2,15	2,67	0,255	0,177	0,309*	2	
51 - M. Fumaça R	50	26	61,5	2	2,63	0,229	0,203	0,115*	3	
143 - Grão Pará A	51	29	61,5	2,23	3	0,244	0,222	0,091*	5	1
143 - Grão Pará R	51	26	61,5	2	2,63	0,179	0,191	-0,065	5	
254 - Santo Am. A	47	27	61,5	2,08	2,75	0,227	0,154	0,324*	3	
254 - Santo Am. R	45	24	46,2	1,85	2,83	0,17	0,172	-0,014	3	
625 - Taió A	55	30	61,5	2,31	3,13	0,233	0,221	0,05	8	
625 - Taió R	52	31	61,5	2,39	3,25	0,213	0,241	-0,133*	9	1
640 - Itajaí A	51	27	53,8	2,08	3	0,132	0,113	0,146*	6	
640 - Itajaí R	50	31	69,2	2,39	3	0,242	0,224	0,075	4	1
689 - Ibirama A	54	32	61,5	2,46	3,25	0,266	0,255	0,043	6	
689 - Ibirama R	52	30	61,5	2,31	3	0,224	0,204	0,089*	6	1
996 - Joinville A	52	27	53,8	2,08	3	0,241	0,214	0,115*	5	
996 - Joinville R	50	28	61,5	2,15	2,88	0,239	0,256	-0,075	5	
1072 - Garuva A	53	29	61,5	2,23	3	0,229	0,234	-0,022	7	
1072 - Garuva R	51	25	53,8	1,92	2,57	0,216	0,248	-0,149*	2	
Média A	52	29	60,6	2,2	2,96	0,229	0,202	0,12	5	
Desvio padrão A	2,2	1,6	4,4	0,12	0,17	0,036	0,043	0,114	1,7	
Média R	50	28	58,9	2,12	2,86	0,214	0,218	-0,019	5	
Desvio padrão R	2,1	2,5	6,3	0,19	0,21	0,023	0,026	0,091	1,9	

A exemplo dos adultos, as populações regenerantes também apresentaram alta diversidade genética, em média 0,214 ($S = 0,023$) e

alto \hat{H}_O (0,218, S = 0,026), sendo que sete delas apresentaram \hat{H}_E maior que 0,2 e as mesmas sete também apresentaram \hat{H}_O maior que 0,2. Altos níveis de diversidade genética para indivíduos regenerantes já foram encontrados em outros estudos. Reis (1996), com marcadores alozímicos, encontrou \hat{H}_E superior a 0,4 para sete populações (três de Santa Catarina e quatro de São Paulo), resultado semelhante ao obtido por Conte *et al.* (2008) para 4 populações de indivíduos regenerantes de Santa Catarina. Conte *et al.* (2003), para uma população de São Pedro de Alcântara – SC, encontrou $\hat{H}_E = 0,259$ para indivíduos regenerantes, também com marcadores alozímicos.

Em termos de diversidade genética, duas populações regenerantes apresentaram \hat{H}_E significativamente ($p < 0,05$) menor que sua respectiva população adulta (144 - Grão Pará e 254 – Santo Am.) e uma população regenerante teve \hat{H}_E maior que a adulta (640 - Itajaí). Essa última também apresentou \hat{H}_O significativamente ($p < 0,05$) maior para os regenerantes. Em termos médios, as populações regenerantes apresentaram \hat{H}_O maior, comparativamente às nove populações adultas respectivas. Esse fato culminou com uma forte redução no \hat{f} médio, que passou de 0,120 (nove populações adultas) para -0,019 (nove populações regenerantes).

Ademais, entre os pares de populações adultas e regenerantes, a redução no \hat{f} também foi expressiva exceto em 4 – Praia Grande onde o \hat{f} permaneceu semelhante entre coortes, e em 689 – Ibirama onde o \hat{f} passou de não significativo para positivo e diferente de zero. Nos outros fragmentos reduções expressivas foram observadas entre adultos e regenerantes, como por exemplo, em 51 – M. Fumaça (\hat{f} de 0,309 para 0,115) e 254 - Santo Am. (\hat{f} de 0,324 para -0,014).

A partir dos resultados, em termos de \hat{f} , dos regenerantes, é possível inferir sobre os eventos reprodutivos das populações adultas. A redução na fixação de adultos para regenerantes, em apenas um evento reprodutivo, evidencia que o sistema reprodutivo do palmitreiro é eficiente em evitar a autofecundação e cruzamento entre aparentados. Desta maneira, os índices de fixação positivos e significativos, que foram encontrados nas populações adultas, devem-se em grande parte a eventos de exploração da espécie e fragmentação ambiental. A redução nos níveis de fixação também sugere que o palmitreiro tenha uma boa capacidade para restabelecer níveis de \hat{H}_O e \hat{H}_E equilibrados (equilíbrio de Hardy-Weinberg) com o passar de gerações.

Em termos de estrutura genética, o conjunto das nove populações regenerantes \hat{F}_{IT} não significativo de 0,044, mesmo caso do \hat{F}_{IS} que foi a -0,022. No entanto a fixação proveniente da subdivisão (\hat{F}_{ST}) foi significativa, igual a 0,065. Esse último valor foi praticamente igual ao obtido para as 20 populações adultas (0,063), entretanto demonstra que, mesmo em populações distanciadas, ainda há grande parte da variabilidade genética que é compartilhada. Novamente, distância geográfica explica uma parcela muito pequena da diferenciação encontrada (Figura 6). A correlação obtida foi negativa e não significativa, mas apontaria para uma maior divergência à menores distância. A despeito da significância da correlação, este resultado pode sugerir que eventos aleatórios, como deriva genética, possam ter maior influência na divergência entre as populações, do que a própria distância entre as mesmas.

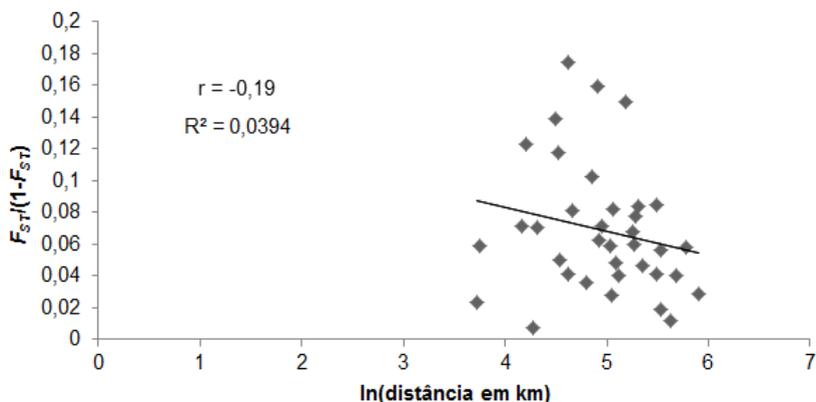


Figura 6. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis* do Estado de Santa Catarina.

A Tabela 7 mostra o \hat{F}_{ST} entre as coortes para os nove fragmentos que tiveram adultos e regenerantes estudados. As coortes do fragmento 640 – Itajaí foram as que apresentaram maior divergência entre si ($\hat{F}_{ST} = 0,083$). Em todos os outros fragmentos as coortes apresentaram \hat{F}_{ST} menor que 0,04, sendo este não significativo para três fragmentos.

Tabela 7. Divergência interpopulacional entre as coortes adulta e regenerante de *Euterpe edulis* para cada fragmento. * $p < 0,05$.

Fragmento	\hat{F}_{ST}
4 - Praia Grande	0,038*
51 - M. Fumaça	0,014*
143 - Grão Pará	0,020*
254 - Santo Am.	0,031*
625 - Taió	0,019*
640 - Itajaí	0,083*
689 - Ibirama	0,012
996 - Joinville	0,01
1072 - Garuva	0,008

Em populações que estejam em equilíbrio de Hardy-Weinberg não seria esperada divergência entre gerações. No entanto, os resultados da Tabela 6 demonstram que, para todos os fragmentos, o número de alelos amostrados foi distinto entre as coortes, fato que por si só já pode gerar divergência. No caso de 689 – Ibirama, 996 – Joinville e 1072 – Garuva, os regenerantes apresentaram menos alelos que os adultos, entretanto estes alelos são de baixa frequência, e a frequência dos alelos comuns manteve-se semelhante entre as coortes (ver tabelas de frequências alélicas nos Anexos 1 e 2). Para os outros fragmentos, que apresentaram \hat{F}_{ST} significativo entre as coortes, obviamente, além de alterações nos conjuntos alélicos, as alterações nas frequências entre coortes foram maiores.

Seoane *et al.* (2005), verificou divergência (\hat{R}_{HO}) não significativa entre adultos e regenerantes de duas populações do Rio de Janeiro. Os autores atribuíram possíveis divergências entre gerações ao efeito de deriva genética. Esse argumento parece ser adequado para discutir as divergências encontradas no presente estudo, onde várias populações estão geograficamente fragmentadas. Grande parte das diferenças no número de alelos entre as coortes advém de alelos de baixa frequência, portanto, mais susceptíveis aos efeitos da deriva e da própria amostragem.

Avaliações continuadas, em eventos reprodutivos subsequentes, poderiam dar um maior suporte a esse argumento. Assim seria possível entender se a população realmente pode estar perdendo alelos por deriva ou se ao longo dos eventos reprodutivos, os alelos de baixa frequência

também são capturados. Cumpre ressaltar que, como já citado, dois alelos foram exclusivos à coorte dos regenerantes, indicando assim que, apesar de possíveis efeitos de deriva genética, também podem estar ocorrendo eventos de migração entre as populações.

7.2 Diversidade e estrutura genética das populações de *Ocotea catharinensis* Mez.

7.2.1 Indivíduos adultos

As frequências alélicas obtidas para as 17 populações adultas de *Ocotea catharinensis* estão apresentadas no Anexo 3. Os oito sistemas isoenzimático utilizados permitiram a interpretação de 10 locos, sendo oito polimórficos. Foram identificados 20 alelos distintos entre as 17 populações, sendo que na média, cada população apresentou 17 alelos ($S = 1,4$). As populações 377 – Agrolândia e 378 – Atalanta foram as que menos apresentaram alelos, entretanto, isso se deve a impossibilidade de interpretação de um loco em cada uma dessas populações. A Tabela 8 sintetiza os índices de diversidade obtidos para as 17 populações estudadas.

As populações apresentaram em média 59,4% de locos polimórficos, com 1,68 alelos por loco e 2,14 alelos por loco polimórfico. A diversidade genética média foi de 0,182, sendo maior que 0,15 para 15 das 17 populações. Em termos médios a heterozigosidade observada foi menor que a esperada ($\hat{H}_O = 0,155$) ocasionando um índice de fixação alto, de 0,146, sendo positivo e significativo para 11 populações.

A \hat{H}_E encontrada pode ser considerada alta, comparando-se com as médias compiladas por Hamrick & Godt (1989) para espécies arbóreas de ciclo longo ($\hat{H}_E = 0,149$). Outros estudos com *O. catharinensis*, no entanto, encontraram níveis de diversidade genética maiores, como Tarazi *et al* (2010) que encontrou \hat{H}_E maior que 0,35 para quatro populações de Santa Catarina, com marcador alozímico. Também empregando marcadores alozímicos, Reis *et al.* (2012) encontraram \hat{H}_E médio de 0,271 para *O. porosa*.

Tabela 8. Índices de diversidade genética para 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis* no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; \hat{P} (99%) = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigosidade esperada; \hat{H}_O = heterozigosidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$

População	n	alelos	$\hat{P}_{99\%}$	\hat{A}	\hat{A}_p	\hat{H}_E	\hat{H}_O	\hat{f}	Raros	Excl.
119 - Grão Pará	47	18	70	1,8	2,14	0,218	0,193	0,117*	1	
170 - SR de Lima	48	17	60	1,7	2,17	0,238	0,199	0,165*	0	
194 - SR de Lima	50	17	60	1,7	2,17	0,184	0,167	0,095	2	
254 - Santo Amaro	49	18	70	1,8	2,14	0,15	0,155	-0,036	3	
377 - Agrolândia	51	13	44,4	1,44	2	0,171	0,145	0,152*	1	
378 - Atalanta	48	14	55,6	1,56	2	0,187	0,099	0,475*	1	
386 - Angelina	49	16	50	1,6	2,2	0,184	0,173	0,061	0	
421 - Ituporanga	49	17	60	1,7	2,17	0,186	0,16	0,144*	2	
464 - Presidente Nereu	57	17	60	1,7	2,17	0,141	0,137	0,027	2	
516 - Apiúna	60	17	60	1,7	2,17	0,187	0,172	0,082	1	
578 - Blumenau	51	15	50	1,5	2	0,158	0,133	0,157*	0	
625 - Taió	56	16	60	1,6	2	0,182	0,161	0,113*	0	
689 - Ibirama	52	17	60	1,7	2,17	0,168	0,149	0,113	3	
751 - Ilhota	48	18	70	1,8	2,14	0,197	0,162	0,179*	1	
951 - Corupá	52	16	60	1,6	2	0,171	0,151	0,117*	1	
1026 - Joinville	49	18	60	1,8	2,33	0,221	0,183	0,177*	0	
1027 - Joinville	48	18	60	1,8	2,33	0,148	0,104	0,297*	4	
Média	51	17	59,4	1,68	2,14	0,182	0,155	0,146	1	
Desvio padrão	3,4	1,4	6,7	0,11	0,1	0,026	0,026	0,111	1,2	

Outros estudos também parecem demonstrar uma tendência de que espécies arbóreas da família Lauraceae apresentem altos níveis de diversidade genética. Gibson & Wheelwright (1995) encontraram $\hat{H}_E = 0,205$ para seis populações de *O. ternera*, valores ainda maiores foram encontrados por Moraes & Derbyshires (2002) para *Cryptocarya moschata* ($\hat{H}_E = 0,351$ em quatro populações), mesmo caso de Chung *et al.* (2003) com *Cinnamomum insularimontanum* ($\hat{H}_E = 0,334$ para uma população).

Tais resultados de diversidade genética são esperados para espécies como a canela preta. De acordo com uma vasta revisão feita por Loveless & Hamrick (1984) a variabilidade genética é maior ou mais favorecida em espécies predominantemente alógamas, com reprodução sexual, climáticas e de ciclo longo, que é o caso da canela preta. No entanto, especialmente quando se comparam os resultados deste trabalho com os de Tarazi *et al* (2010), percebe-se que a espécie

tem potencial para exibir níveis de diversidade maiores do que os encontrados neste estudo.

As 17 populações de canela-preta avaliadas apresentaram \hat{f} médio de 0,146, que pode ser considerado alto, além de uma grande variação entre as populações ($S = 0,111$). Em linhas gerais, este dado indica que as populações podem perder, em média, 14,6% de sua diversidade por geração, entretanto a grande variação existente demonstra que tal perda é mais ou menos acentuada em determinadas populações.

Assumindo que o índice de fixação seja todo proveniente de endogamia, boa parte das populações está apresentando um comportando semelhante ao de meios irmãos ($\hat{f} = 0,125$), a população 1027 - Joinville semelhante a irmãos completos ($\hat{f} = 0,250$), e a população 378 - Atalanta, semelhante a duas vezes irmãos completos. Estes níveis de fixação não são esperados para uma espécie predominantemente alógama, evidenciando que as ações antrópicas de exploração podem ter ocasionado desequilíbrio em várias das populações estudadas e que grande parte da fixação encontrada pode ser devida a deriva genética.

Altos índices de fixação também foram encontrados para populações de duas espécies congêneres no Estado de Santa Catarina. Treze populações de *O. porosa* e 9 populações de *O. odorifera* apresentaram \hat{f} médio de 0,188 e 0,153, respectivamente. No entanto, para a própria espécie, Tarazi *et al* (2010) encontrou \hat{f} de -0,012 em quatro populações catarinenses. Esse tipo de discrepância pode indicar distintos históricos de colonização e, principalmente, de exploração de cada fragmento avaliado. Como já citado, a canela preta foi muito explorada para a obtenção de madeira em Santa Catarina, fato que implica em redução de tamanhos das populações e na exclusão de genótipos das mesmas.

Em termos de estrutura genética, o conjunto das populações apresentou \hat{F}_{IT} significativo de 0,203, que se deve, em sua maior parte, ao \hat{F}_{IS} que foi significativo e igual a 0,142. No entanto a fixação proveniente da subdivisão (\hat{F}_{ST}) também foi significativa, igual a 0,071. Esse último valor representa que cerca de 7% da variação alélica encontrada não é compartilhada por todo conjunto das populações devido à subdivisão. Esse valor é menor ao encontrado por Tarazi *et al*

(2010) para canela preta ($\hat{F}_{ST} = 0,117$), por Reis *et al.* (2012) para *O. porosa* ($\hat{F}_{ST} = 0,191$) e para *O. odorifera* ($\hat{F}_{ST} = 0,089$).

De toda maneira, 7% de divergência, para populações razoavelmente bem distanciadas, aponta para um fluxo gênico histórico razoável, indicando que eventos de exploração devem ter sido mais importantes na geração de divergência. Essa hipótese é corroborada pelo correlograma de Mantel (1970) (Figura 7). Apesar de uma grande amplitude geográfica ter sido abrangida na amostragem (cerca de 220 km sentido norte-sul), a distância entre as populações explica muito pouco da diferenciação encontrada. Entretanto a correlação foi positiva e significativa ($p < 0,05$), demonstrando que, mesmo com pouca intensidade, a distância geográfica influencia na divergência entre as populações.

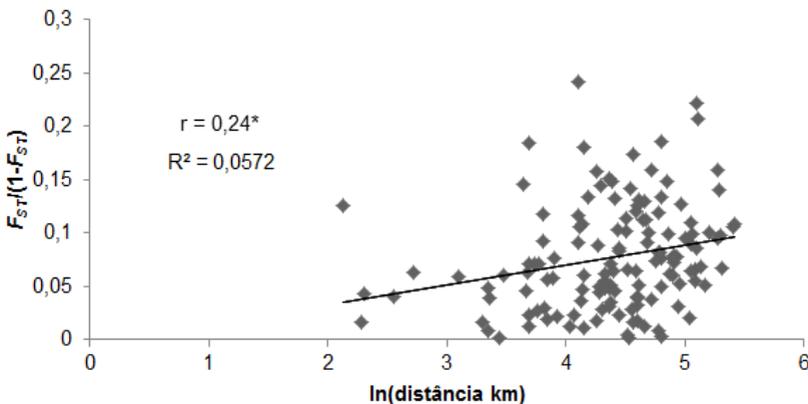


Figura 7. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis* do Estado de Santa Catarina.

7.2.2 Indivíduos regenerantes

As frequências alélicas obtidas para as sete populações de indivíduos regenerantes estão apresentadas no Anexo 4. Os 8 sistemas isoenzimático utilizados possibilitaram a interpretação de 10 locos, sendo 8 polimórficos. O Loco DIA-2, monomórfico para os adultos, apresentou variação nos regenerantes, já loco G6PDH-1 foi polimórfico para os adultos, mas monomórfico para os regenerantes. Foram detectados 21 alelos distintos entre as nove populações sendo que destes, dois não foram detectados para nas 17 populações de adultos

(DIA-2 alelo 1 e PGM-1 alelo 3). Entretanto, um alelo detectado para os adultos (17 populações) não apareceu nos regenerantes (G6PDH-1 alelo 1).

A Tabela 9 sintetiza os índices de diversidade genética obtidos para as sete populações de indivíduos regenerantes estudadas e, para fins de comparação, também das sete populações de indivíduos adultos de cada fragmento. Em média, as populações regenerantes apresentaram 18 alelos ($S = 0,8$ alelos) sendo este número, em cinco das populações, maior que o encontrado para os adultos. Consequentemente, a porcentagem de locos polimórficos ($\hat{P}_{(99\%)} = 62,9\%$), o número de alelos por loco ($\hat{A} = 1,77$) e por loco polimórfico ($\hat{A}_p = 2,21$) foram sensivelmente maiores nos regenerantes do que nos adultos, em termos médios. Um alelo exclusivo foi identificado entre os regenerantes (PGM-1 alelo 3), ocorrendo na 119 – Grão Pará.

Tabela 9. Índices de diversidade genética para sete populações de indivíduos adultos e sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis* no Estado Santa Catarina. n = tamanho da amostra; alelos = número total de alelos da amostra; $\hat{P}_{(99\%)}$ = porcentagem de locos polimórficos; \hat{A} = número de alelos por loco; e \hat{A}_p = número de alelos por loco polimórfico; \hat{H}_E = heterozigiosidade esperada; \hat{H}_O = heterozigiosidade observada; \hat{f} = índice de fixação; Raros = alelos raros; Exc. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$

População	n	alelos	$\hat{P}_{99\%}$	\hat{A}	\hat{A}_p	\hat{H}_E	\hat{H}_O	\hat{f}	Raros	Excl.
119 - Grão Pará A	47	18	70	1,8	2,14	0,218	0,193	0,117*	1	
119 - Grão Pará R	45	17	50	1,7	2,4	0,197	0,174	0,120*	3	1
194 - SR de Lima A	50	17	60	1,7	2,17	0,184	0,167	0,095	2	
194 - SR de Lima R	51	18	70	1,8	2,14	0,165	0,134	0,186*	2	
377 - Agrolândia A	51	13	44,4	1,44	2	0,171	0,145	0,152*	1	
377 - Agrolândia R	43	20	80	2	2,25	0,198	0,123	0,381*	2	
578 - Blumenau A	51	15	50	1,5	2	0,158	0,133	0,157*	0	
578 - Blumenau R	52	17	50	1,7	2,2	0,182	0,164	0,1	2	
625 - Taió A	56	16	60	1,6	2	0,182	0,161	0,113*	0	
625 - Taió R	49	17	60	1,7	2,17	0,179	0,16	0,107*	2	
951 - Corupá A	52	16	60	1,6	2	0,171	0,151	0,117	1	
951 - Corupá R	51	17	60	1,7	2,17	0,187	0,157	0,161*	2	
1026 - Joinville A	49	18	60	1,8	2,33	0,221	0,183	0,177*	0	
1026 - Joinville R	50	18	70	1,8	2,14	0,184	0,151	0,181*	1	
Média A	51	16	57,8	1,64	2,09	0,186	0,162	0,133	1	
Desvio padrão A	2,5	1,6	7,6	0,13	0,12	0,022	0,02	0,027	0,7	
Média R	49	18	62,9	1,77	2,21	0,185	0,152	0,178	2	
Desvio padrão R	3,1	1	10,3	0,1	0,08	0,01	0,016	0,089	0,5	

Os indivíduos regenerantes, a exemplo dos adultos, apresentaram diversidade genética alta ($\hat{H}_E = 0,185$, $S = 0,010$) e em nenhum dos fragmentos este índice foi estaticamente distinto do encontrado para os adultos. A heterozigiosidade observada média foi de 0,152 ($S = 0,016$), sensivelmente menor ao \hat{H}_O dos adultos, produzindo assim um índice de fixação de 0,178 ($S = 0,089$), relativamente maior ao encontrado para os adultos ($\hat{f} = 0,133$, $S = 0,027$). O índice de fixação dos regenerantes, em comparação aos adultos, manteve-se praticamente inalterado em 119 – Grão Pará, 625 – Taió e 1026 – Joinville, aumentou consideravelmente em 194 - SR de Lima, 377 – Agrolândia e 951 – Corupá, e diminuiu apenas em 578 – Blumenau.

Teoricamente, apenas um evento reprodutivo, com cruzamentos aleatórios é necessário para que os níveis de endogamia dos genitores sejam reduzidos à zero nas progênes. O fato de haver redução no \hat{f} em apenas um dos fragmentos é bastante preocupante, pois pode estar refletindo uma dificuldade na realização de cruzamentos ao acaso entre os indivíduos adultos, especialmente por a espécie ser predominantemente alógama. Ademais, mesmo nos três fragmentos onde o \hat{f} permaneceu inalterado, este pode ser considerado alto.

Conforme já abordado, palmitreiro e canela preta apresentam interação com fauna dispersora, por meio de seus frutos, alguns de seus (possíveis) polinizadores são de mesmas famílias, ambas as espécies são predominantemente alógamas, apresentaram altos níveis de diversidade genética e baixa diferenciação interpopulacional. No entanto, não se observa, para a canela preta, a mesma magnitude de redução de índice de fixação observada para o palmitreiro. Por quê?

A canela preta ocorre, conforme já citado e de maneira geral, em densidades menores que o palmitreiro, assim, áreas maiores seriam necessárias para que os tamanhos populacionais fossem suficientes em mitigar efeitos de deriva genética. Ademais, outro complicador é que os possíveis polinizadores são de voo curto, facilitando assim a formação de estrutura genética interna, que já foi estimada como significativa em até 80 m de distância entre indivíduos (Tarazi *et al.*, 2010), para quatro populações de Santa Catarina. Assim, diferentemente do palmitreiro, os níveis de diversidade genética da canela preta parecem ser mais suscetíveis a eventos estocásticos e de deriva genética.

Encontrar índices de fixação altos para indivíduos adultos não seria tão preocupante, estes podem ser resultado de eventos de exploração da espécie, fragmentação ambiental, eventos estocásticos e de deriva genética, não se excluindo também o papel da seleção natural

ao longo do ciclo de vida da espécie. Entretanto, a perpetuação destes altos índices de fixação nos regenerantes indica que, além de uma dificuldade na realização de cruzamentos ao acaso entre os indivíduos adultos, há um risco iminente de perda de diversidade e dinamismo populacional ao longo das gerações.

Em termos de estrutura genética, as sete populações regenerantes apresentaram \hat{F}_{IT} significativo de 0,233, maior que o \hat{F}_{IT} encontrado para as populações adultas ($\hat{F}_{IT} = 0,203$). Esse aumento se deve especialmente \hat{F}_{IS} que foi de 0,175 para os regenerantes ($\hat{F}_{IS} = 0,142$ para os adultos). A fixação proveniente da subdivisão (\hat{F}_{ST}) foi significativa, igual a 0,070. Esse último valor foi praticamente igual ao obtido para os adultos ($\hat{F}_{ST} = 0,071$) e demonstra que, mesmo em populações distanciadas, ainda há grande parte da variabilidade genética que é compartilhada. Novamente, distância geográfica explica uma parcela muito pequena da diferenciação encontrada (Figura 8).

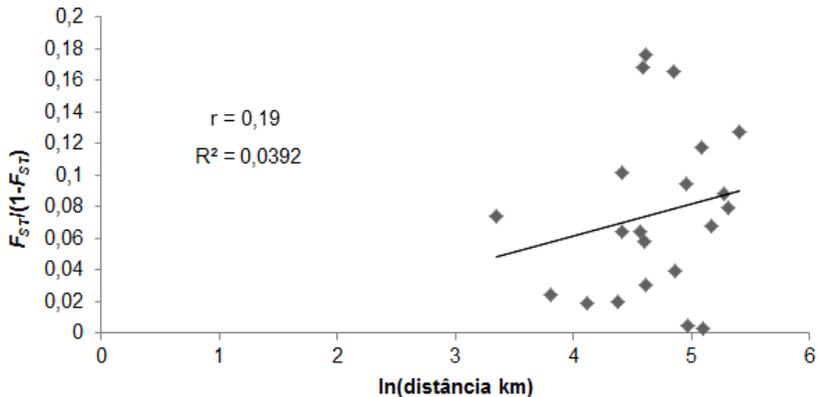


Figura 8. Correlograma de Mantel (1970) entre as distâncias genéticas e geográficas para nove populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis* do Estado de Santa Catarina.

A Tabela 10 mostra o \hat{F}_{ST} entre as coortes para os sete fragmentos que tiveram adultos e regenerantes estudados. Apenas no fragmento 377 - Agrolândia a divergência entre coortes foi significativa, provavelmente imposta pela grande diferença entre os conjuntos alélicos de regenerantes e adultos.

Tabela 10. Divergência interpopulacional entre as coortes adulta e regenerante de *Ocotea catharinensis* para cada fragmento. * $p < 0,05$.

Fragmento	\hat{F}_{ST}
119 - Grão Pará	0,012
194 - Santa Rosa	0,008
377 - Agrolândia	0,057*
578 - Blumenau	0,01
625 - Taió	0,005
951 - Corupá	0,003
1026 - Joinville	0,082

7.3 Métricas de classe

7.3.1 Palmitreiro

As métricas para as classes florestas em estágio médio ou avançado, reflorestamentos, pastagens e campos naturais e agricultura das 20 unidades amostrais (UA) onde foram estudadas populações de palmitreiro estão apresentadas no Anexo 5.

Em termos médios, os *buffers* apresentaram mais da metade de sua área representada por florestas em estágio médio ou avançado (2857,5 ha; $S = 1040,9$ ha), sendo que a área média de cada mancha, da referida classe, foi de 544 ha ($S = 1061$ ha). As UA 689 – Ibirama e 254 – Santo Amaro foram as que apresentaram maiores áreas de floresta em estágio médio ou avançado (4679 e 4388 ha, respectivamente), as menores áreas foram observadas nas UA 640 – Itajaí e 51 – M. da Fumaça (863 e 932 ha, respectivamente). O número de manchas de floresta em estágio médio ou avançado desde 1 (689 – Ibirama) até 58 (51 – M. da Fumaça), com média de 17,6 ($S = 12,2$) e o grau de divisão destas manchas também foi o menor em 689 – Ibirama (0,0) e o maior em 51 – M. da Fumaça (95,7), tendo média de 34,0. Para todas estas métricas chama atenção a grande variação encontrada entre os locais amostrados, como pode ser observado pelos valores relativamente elevados dos desvios padrão (Anexo 5).

As manchas da classe reflorestamento representam, em média, 224 ha ($S = 239$ ha) da área dos *buffers* estudados, com cada mancha apresentando área média de 10,9 ha ($S = 8,6$ ha). A média de manchas de reflorestamento nos *buffers* é de 17,5 ($S = 15,7$). Mais numerosas foram as manchas de pastagem e campos, em média 38,1 manchas por *buffer*

($S = 13,5$), cada uma ocupando uma área média de 28,8 ha ($S = 17,2$ ha). As pastagens representaram, em média, 1093 ha ($S = 573$ ha) da área dos *buffers*. Já as áreas de agricultura representaram 649 ha ($S = 786$ ha), em média, da área dos *buffers*, sendo que cada mancha apresentou área média de 50 ha ($S = 86$ ha) e o número médio de manchas em cada *buffer* foi 20,6 ($S = 20,2$).

7.3.2 Canela preta

As métricas para as classes florestas em estágio médio ou avançado, reflorestamentos, pastagens e campos naturais e agricultura das 17 UA onde foram estudadas populações de canela preta estão apresentadas no Anexo 6.

Os *buffers* apresentaram, em média, 3367 ha de área de florestas em estágio médio ou avançado ($S = 957$). As UA 578 – Blumenau e 1026 – Joinville foram as que apresentaram maiores áreas de floresta em estágio médio ou avançado (4762 e 4990 ha, respectivamente), as menores áreas foram observadas nas UA 119 – Grão Pará e 378 – Atalanta (2073 e 2013 ha, respectivamente).

A área média de cada mancha de floresta em estágio médio ou avançado foi de 1231 ha ($S = 1734$ ha), mais que o dobro da área de média cada mancha, da mesma classe, para as UA do palmitreiro e também com grande variação entre os pontos amostrados. O número médio de manchas, da referida classe, em cada *buffer* foi de 13,9 ($S = 13,4$), variando desde 1 (689 – Ibirama, 1026 – Joinville e 578 – Blumenau) até 51 (378 - Atalanta). O grau de divisão da paisagem médio foi de 19,3, evidenciando que as UA de canela preta possuem manchas de floresta menos fragmentadas, fato que corrobora com a maior área total da classe, maior área média das manchas e menor número de manchas encontrados para as UA de canela preta.

A classe reflorestamento representou, em média, 363 ha ($S = 352$ ha) de cada *buffer*, sendo que o número médio de manchas de reflorestamento por *buffer* foi de 18,2 ($S = 12,8$) e que cada mancha apresentou em média 35,9 ha ($S = 89,6$ ha). As áreas de pastagem representaram, em média, 804 ha de cada *buffer* ($S = 527$ ha), sendo que foram encontradas, em média, 36,2 manchas ($S = 18,4$) dessa classe por *buffer*, com um tamanho médio de 21,5 ha ($S = 9,8$ ha). A classe agricultura representou, em média, 442 ha ($S = 567$ ha) de cada *buffer*, o número médio de manchas de agricultura por *buffer* foi de 22,4 ($S = 22,3$) e cada mancha apresentou em média 19,8 ha ($S = 27,4$ ha).

Em comparação com as UA de palmitheiro, as UA de canela preta apresentaram maior área média de florestas em estágio médio ou avançado, menos fragmentos e maior área média de cada fragmento, evidenciando, na média, menor efeito de fragmentação. Para ambas as espécies, na sequência da classe de florestas vêm pastagens, agricultura e reflorestamentos como classes que mais apresentaram áreas nos *buffers* (Tabela 11).

Tabela 11. Valores médios de número de fragmentos (NumP), área de classe (CA) e tamanho médio de mancha (MPS), para as 20 UA de *Euterpe edulis*, 17 UA de *Ocotea catharinensis*, nove UA de *Apuleia leiocarpa*, *Cedrela fissilis* e *Myrcarpus frondosus* Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. *Steiner (2014).

<i>Euterpe edulis</i>			<i>Ocotea catharinensis</i>					
NumP	CA	MPS	NumP	CA	MPS			
17,6	2857,5	544,4	13,9	3367,5	1231			
NumP2	CA2	MPS2	NumP2	CA2	MPS2			
17,5	224,2	10,9	18,2	363,5	35,9			
NumP3	CA3	MPS3	NumP3	CA3	MPS3			
38,1	1093,8	28,8	36,2	804,6	21,5			
NumP4	CA4	MPS4	NumP4	CA4	MPS4			
20,6	649,7	50,4	22,4	442,2	19,8			
<i>Apuleia leiocarpa</i> *			<i>Cedrela fissilis</i> *			<i>Myrcarpus frondosus</i> *		
NumP	CA	MPS	NumP	CA	MPS	NumP	CA	MPS
59,7	1535,9	25,7	58,6	1551,1	26,5	42,6	1785,9	41,9
NumP2	CA2	MPS2	NumP2	CA2	MPS2	NumP2	CA2	MPS2
4,6	61,6	13,5	9,2	231,7	25,2	9,8	283,3	28,9
NumP3	CA3	MPS3	NumP3	CA3	MPS3	NumP3	CA3	MPS3
31,7	2106,5	66,5	33,7	1921,1	57,1	42,6	1816,4	42,63
NumP4	CA4	MPS4	NumP4	CA4	MPS4	NumP4	CA4	MPS4
56,6	1041,8	18,4	53,3	1066	20	46,8	980,3	20,9

Entretanto, quando as métricas de classe do presente trabalho são comparadas com as métricas de classe do trabalho de Steiner (2014), realizado na Floresta Estacional Decidual (FED) de Santa Catarina e que utiliza a mesma metodologia aqui empregada para a análise da paisagem, pode-se perceber que as UA da FED encontram-se consideravelmente mais fragmentadas que as da FOD (Tabela 11).

As UA para as três espécies estudadas por Steiner (2014) apresentam menores áreas de florestas em estágio médio ou avançado (de 1551 ha até 1785 ha), sendo estas divididas em um maior número de fragmentos (de 42,6 até 59,7) ocasionando uma drástica redução no tamanho médio de cada mancha de floresta (de 25,7 ha até 41,9 ha), quando comparadas com UA das espécies do presente trabalho. Esses resultados

corroboram com os de Vibrans *et al.* (2012), que estimam em 16,1% a área de remanescentes da FED, e em 40,5% os remanescentes de FOD, quando comparadas às áreas originais de cobertura, dadas por Klein (1978).

O que se assemelha entre os dois trabalhos é que na sequência da classe de florestas vêm a classe de pastagens, depois agricultura e, por fim, reflorestamentos como classes que mais apresentaram áreas nos *buffers*.

7.4 Métricas de mancha

7.4.1 Palmitreiro

As métricas de mancha para as 20 UA de palmitreiro estão expostas na Tabela 12. Percebe-se uma grande heterogeneidade entre as manchas amostradas, especialmente em termos de área, perímetro, área núcleo, distância do vizinho mais próximo (NNDist) e índice de proximidade (PXfg), métricas que apresentaram altos desvios padrões (S).

A área média de cada mancha foi de 2261 ha, variando desde 13,9 ha (996 – Joinville) até 4679 ha (689 – Ibirama) e área núcleo média foi cerca de 30% menor que a área (1608 ha). Em termos de forma, as manchas tendem para formatos mais arredondados - apresentando índice de forma médio de 5,36 - e menos irregulares - apresentando dimensão fractal média de 1,34. Em termos de proximidade, a distância média do vizinho mais próximo (outra mancha de floresta em estágio médio ou avançado) foi de 49,7 m.

De maneira geral, as manchas podem ser consideradas grandes, em termos de área, sendo que 14 delas apresentaram área superior a 1000 ha. Quando as manchas do presente trabalho são comparadas às manchas estudadas por Steiner (2014) percebe-se melhor a magnitude das áreas, para *Apuleia leiocarpa* e *Cedrela fissilis* as manchas ficam em torno de 320 ha de área média, já para *Myrocarpus frondosus* essa média é de 721 ha, todas bem inferiores às encontradas para as manchas de palmitreiro.

Tabela 12. Métricas de mancha para as 20 UA de *Euterpe edulis*. Média 2 = métricas de mancha *Apuleia leiocarpa*; Média 3 = métricas de mancha *Cedrela fissilis*; Média 4 = métricas de mancha *Myrocarpus frondosus*. Médias 2, 3 e 4 (Steiner, 2014). Legendas na Tabela 4.

UA	Area	Perimeter	Area_Nucleo	Paratio	Shape_Idx	Frac_Dim	NNDist	PXfg
4	2293,8	101878,1	1634,1	0,004	6	1,36	37,7	515,8
30	766,9	31123	518,2	0,004	3,17	1,31	43,1	33,2
51	46,3	5630,1	21	0,012	2,33	1,32	85,3	46
58	3241,3	164625,8	1952,5	0,005	8,16	1,39	39	113,1
118	957,5	79250,3	250,9	0,008	7,23	1,4	28,4	9384,1
143	1119,4	106672,4	460,2	0,01	8,99	1,43	0	1555,3
170	761,2	54170	411	0,007	5,54	1,38	20,2	23656,5
254	4382,2	92516,3	3890,5	0,002	3,94	1,3	66,3	13,5
352	3444,1	125069,9	1787,2	0,004	6,01	1,35	31,6	171,4
464	2934,5	191979,7	1348,8	0,007	10	1,42	36,3	484,7
470	3182	141467,4	2372,3	0,004	7,08	1,37	32,5	64,6
516	2675,3	170458,6	1014,7	0,006	9,3	1,41	41,1	407,1
523	2219,1	55869,9	1950,2	0,003	3,35	1,29	61,6	2898,7
625	1710,8	86532,1	1137,4	0,005	5,9	1,37	0	425
640	128,2	7446,1	92,4	0,006	1,86	1,27	193,7	10,1
689	4679,2	72367,7	4323,1	0,002	2,98	1,27	93,1	0
751	4012,6	135925	3268,8	0,003	6,05	1,35	35,5	91,9
996	13,9	1972,8	5,6	0,014	1,5	1,28	102,1	1455,2
1027	3561	110437,9	2878,7	0,003	5,22	1,34	23,8	607
1072	3094	49990,9	2843,9	0,002	2,54	1,26	23,5	9070,4
Média	2261,2	89269,2	1608,1	0,006	5,36	1,34	49,7	2550,2
S	1447,9	54267,6	1287,2	0,003	2,52	0,05	42,5	5541,2
Média 2	310,17	25001,12	153,69	0,007	3,94	1,35	54,2	455,8
Média 3	346,89	25668,06	178,78	0,006	4	1,35	57	594,2
Média 4	721,45	85591,99	105,72	0,006	8,31	1,42	39,7	1589

7.4.2 Canela preta

As métricas de mancha para as 17 UA de canela preta estão expostas na Tabela 13. A exemplo das manchas de palmitero, as métricas também são bastante heterogêneas entre as manchas de canela preta, especialmente em termos de área, perímetro, área núcleo, distância do vizinho mais próximo (NNDist) e índice de proximidade (PXfg), conforme aponta o desvio padrão.

Tabela 13. Métricas de mancha para as 17 UA de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

UA	Area	Perimeter	Area_Nucleo	Paratio	Shape_Idx	Frac_Dim	NNDist	PXfg
119	1119,4	106672,4	152,5	0,01	9	1,43	47	1555,3
170	761,2	54170	411	0,007	5,5	1,38	20,2	23656,5
194	3539,2	145108	2627,1	0,004	6,9	1,37	36,3	78,2
254	4382,2	92516,3	3890,5	0,002	3,9	1,3	66,3	13,5
377	2531,6	183686,6	395,9	0,007	10,3	1,42	35,1	444
378	108	14409,4	10,7	0,013	3,9	1,38	40,6	302,7
386	3942,4	155236,8	3185,9	0,004	7	1,37	32,3	66,1
421	1825,3	149236,7	770,9	0,008	9,9	1,43	52,1	76,1
464	2934,5	191979,7	1348,8	0,007	10	1,42	36,3	484,7
516	2675,3	170458,6	1014,7	0,006	9,3	1,41	41,1	407,1
578	4762,3	48348,6	4522,1	0,001	2	1,22	0	0
625	1710,8	86532,1	1137,4	0,005	5,9	1,37	0	425
689	4679,2	72367,7	4323,1	0,002	3	1,27	93,1	0
751	4012,6	135925	3268,8	0,003	6,1	1,35	35,5	91,9
951	3247	87554	2625,5	0,003	4,3	1,32	39,8	323,6
1026	4990	30190,3	4839,8	0,001	1,2	1,16	0	0
1027	3094	49990,9	2843,9	0,002	2,5	1,26	23,5	9070,4
Média	2959,7	104375,5	2198,2	0,005	5,9	1,34	35,2	2176,2
S	1421	54000	1597	0,003	2,9	0,08	22,9	5764

A área média de cada mancha foi de 2959 ha, variando desde 108 ha (378 – Atalanta) até 4990 ha (1026 – Joinville) e área núcleo média foi cerca de 25% menor que a área (2198 ha). Percebe-se que as manchas de canela preta possuem, em média, 25% mais área que as manchas de palmitreiro. Em termos de forma, as manchas tendem para formatos mais arredondados - apresentando índice de forma médio de 5,9 – e menos irregulares – apresentando dimensão fractal média de 1,34, valores semelhantes aos obtidos para as manchas de palmitreiro. Em termos de proximidade, a distância média do vizinho mais próximo (outra mancha de floresta em estágio médio ou avançado) foi de 35,2 m, ligeiramente menor ao obtidos para as manchas de palmitreiro (49,7 m). Novamente, as manchas podem ser consideradas grandes, em termos de área, sendo que 14 delas apresentaram área maior que 1500 ha.

7.5 Análise de componentes principais – métricas de classe

7.5.1 Palmitreiro indivíduos adultos

A análise da paisagem foi realizada num raio de 4 km do centro do ponto de coleta utilizando um total de 59 métricas de classe para cada um dos 20 pontos amostrais. Entretanto, diversas métricas apresentaram

altas correlações entre si, sendo assim excluídas da análise. O critério de corte foi correlação de Pearson maior que $|0,75|$ entre quaisquer duas métricas avaliadas. Após a exclusão das métricas correlatas restaram 29 métricas (Tabela 14). Dentre índices de diversidade genética, apenas o número de alelos por loco foi tirado da análise, por apresentar alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 14. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. Legendas na Tabela 4.

Métricas de classe										
CA	MPS	PSSD	TCCA	CAI	ED	TE	MSI	MPAR	MPFD	Proximity
CA2	MPS2	PSSD2	MSI2	MPAR2	DIVISION2					
CA3	MSI3	MPAR3	MPFD3	DIVISION3		SPLIT3				
CA4	ED4	MSI4	MPAR4	MPFD4	DIVISION4					

As correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo estão sumarizadas na Tabela 15. Nesta parte da análise, apenas as variáveis que apresentam correlação com os eixos maior que $|0,6|$ foram aproveitadas para a discussão. Percebe-se que cada eixo explica pouco da variação encontrada, sendo que os quatro primeiros eixos explicam em torno de 55% do total da variação.

Tabela 15. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (19,79%)	Eixo 2 (15,97%)	Eixo 3 (10,23%)	Eixo 4 (9,15%)
TCCA	0,78	Alel	-0,66	Ho
CAI	0,75	CA	-0,77	MSI3
MSI2	-0,6	MSI	-0,67	MPFD3
CA2	-0,67	Proximity	-0,6	
CA3	-0,68	DIVISION3	-0,63	
DIVISION2	-0,73	CA4	0,68	
ED	-0,77			
TE	-0,77			

O eixo 1 explica 19,79% da variação encontrada, no entanto apenas métricas de classe apresentaram correlação maior que $|0,6|$ com o referido eixo. Em outras palavras, as populações foram ordenadas pelo eixo 1 especialmente por características de paisagem, mas sem influência dos índices de diversidade genética. Para o lado positivo do eixo tendem as populações com maior TCCA (área total de áreas-

núcleo) e CAI (índice de área-núcleo) e menores MSI2 (índice médio de forma), CA2 (área de classe), CA3, DIVISION2 (grau de divisão), ED (densidade de borda) e TE (soma de bordas), como 254 – Santo Amaro, 1072 – Garuva e 352 – São José.

O eixo 2 (15,97% da variação) apresentou métricas de classe e um índice de diversidade genética (número de alelos) com correlação maior que $|0,6|$. A variação desse eixo aponta para UA com menos alelos, na medida em CA, MSI, Proximity (proximidade média das manchas), Division3 e CA4 são menores. As populações 689 – Ibirama e 751 – Ilhota, são duas das maiores em área e duas das que mais apresentam alelos, 32 e 30, respectivamente. Os eixos 3 e 4 explicam 10,23% e 9,15% da variação encontrada, respectivamente. No entanto, com o eixo 3, apenas \hat{H}_O apresentou correlação superior a $|0,6|$, já com eixo 4 MSI3 e MPFD3 (dimensão fractal média). A Figura 13 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da ACP.

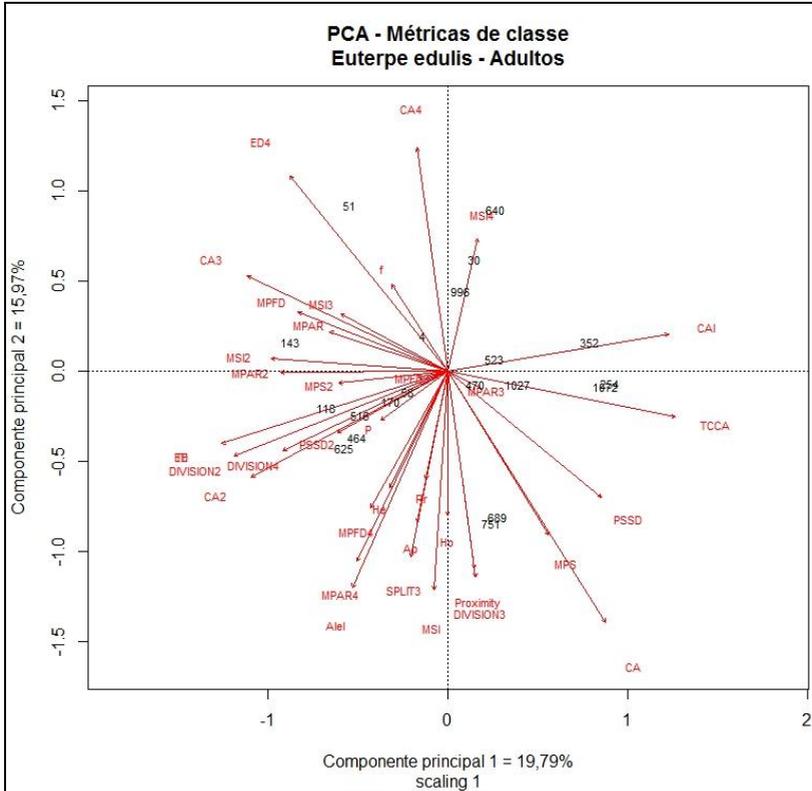


Figura 9. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

De maneira geral, a PCA para as métricas de classe do palmitero não detectou nenhuma conformação particular de paisagem que apresente uma alta associação (positiva ou negativa) com a genética da espécie, mesmo havendo uma significativa variação entre as UA, tanto em termos de métricas de classe como em termos de índices de diversidade genética. Variação esta expressa pelos altos desvios padrão observados para as métricas de classe (Anexo 5) e para os índice de fixação (Tabela 5). Entretanto, é muito importante ressaltar que essa análise trata de populações de indivíduos adultos, ou seja, é possível que os reflexos da paisagem do entorno dos fragmentos na diversidade genética do palmitero possa ser percebida apenas nas gerações mais recentes da espécie.

7.5.2 Palmeiteiro indivíduos regenerantes

Para a análise da paisagem realizada nas nove UA onde houve amostragem de indivíduos regenerantes de palmeiteiro foram utilizadas as mesmas 59 métricas de classe das UA dos indivíduos adultos. Novamente, diversas métricas apresentaram altas correlações entre si, sendo assim excluídas da análise, pelo mesmo critério de corte já citado. Após a exclusão das métricas correlatas restaram 19 métricas (Tabela 16). Dentre índices de diversidade genética, o número de alelos por loco, por loco polimórfico e a porcentagem de locos polimórficos foram retiradas da análise, por apresentarem alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 16. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. Legendas na Tabela 4.

Métricas de classe						
CA	PSSD	NCA	ED	MPAR	Proximity	
MPAR2	DIVISION2	MPS2				
NumP3	MSI3	MPFD3				
MPE4	MSI4	MPAR4	MPFD4	DIVISION4	MESH4	Proximity4

As correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo estão sumarizadas na Tabela 17. Novamente, apenas as variáveis que apresentam correlação com o eixo maior que |0,6| foram aproveitadas para a discussão. As proporções explicadas por cada eixo são um tanto maiores, em comparação à PCA para os indivíduos adultos, e os quatro primeiros eixos explicam em torno de 75% do total da variação.

O eixo 1 explica 22,83% da variação encontrada, e apresentou sete variáveis com correlação maior que |0,6|, dentre elas o número de alelos raros (Rr), que tende a ser maior em paisagens onde DIVISION2 (grau de divisão da paisagem), MSI3 (índice médio de forma), MPFD3 (dimensão fractal média), MPAR4 (razão média perímetro/área) e MPFD4 são maiores e onde MPE4 (comprimento médio de bordas) é menor. Em suma, as populações de indivíduos regenerantes que estavam em paisagens onde as manchas de reflorestamento eram mais divididas, as manchas de pastagem e agricultura eram mais irregulares e as bordas

das manchas de agricultura eram menos compridas, apresentaram mais alelos raros. São exemplos as UA 689 – Ibirama e 625 – Taió.

Tabela 17. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (22,83%)	Eixo 2 (22,56%)	Eixo 3 (15,86%)	Eixo 4 (14,11%)			
Rr	0,61	He	0,73	f	-0,93	Alel	-0,65
DIVISION2	0,7	CA	-0,65	Proximity	0,71	NCA	0,62
MSI3	0,66	PSSD	-0,74			MPAR	0,67
MPFD3	0,63	MPS2	0,68				
MPE4	-0,6	MPE4	0,73				
MPAR4	0,68	MSI4	0,88				
MPFD4	0,8	MESH4	0,76				

Entretanto, não ficam muito claras quais são as possíveis relações entre métricas de formas de áreas de agricultura (MPAR4, MPFD) e de pastagens (MSI3, MPFD3) com o número de alelos raros. Especialmente porque nesse eixo nenhuma métrica da classe florestas e nenhuma métrica de área, de qualquer classe, apresentou correlação superior maior que $|0,6|$. Assim, o ordenamento encontrado no eixo 1 parece se dever a aspectos não contemplados neste trabalho ou ao acaso do que propriamente à uma relação ecológica entre as métricas e a diversidade genética.

O eixo 2 (22,56% da variação) apresentou sete variáveis com correlação superior a $|0,6|$, e apontou para UA que apresentaram menores área de florestas (CA) e desvio padrão do tamanho de manchas de floresta (PSSD) na medida em que MSI4 (índice médio de forma), MPE4 (comprimento médio de borda), MESH4 (tamanho efetivo de mancha), MPS2 (tamanho médio das manchas) e \hat{H}_E foram maiores. Esse eixo capturou uma parte da variação, que é representada especialmente pelas UA 254 – Santo Am. e 996 – Joinville. A primeira possui o menor \hat{H}_E entre os regenerantes (0,170) e uma das maiores áreas de floresta (4388 ha); a segunda apresenta área de floresta intermediária (2206 ha) e \hat{H}_E de 0,239. Entretanto, cabe ressaltar que o ordenamento ao longo do eixo 2 se deve também a algumas métricas da classe agricultura, ou seja, não é linear a relação entre área de floresta e diversidade genética. A Figura 14 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

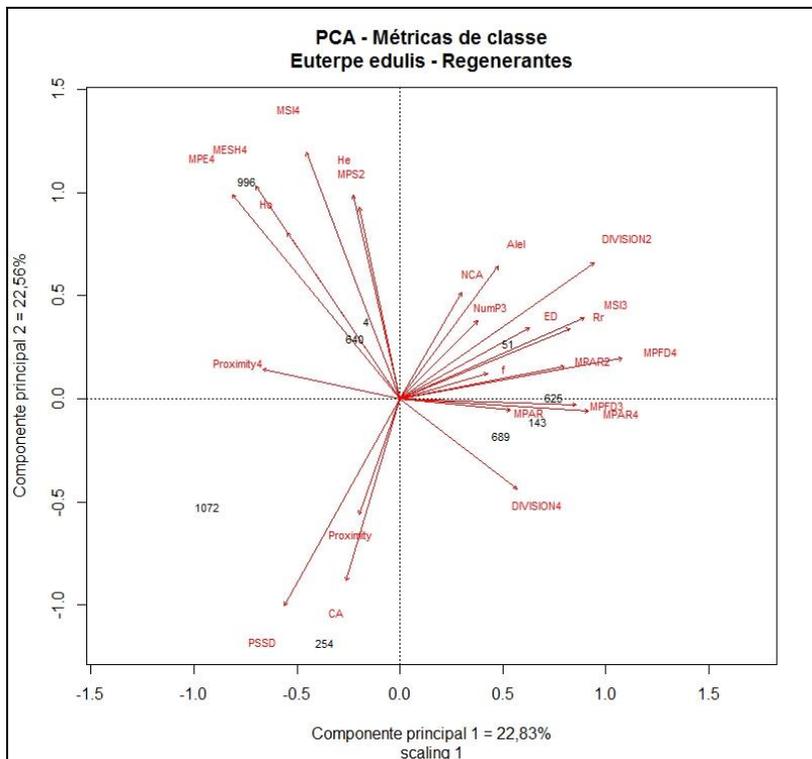


Figura 10. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

Diferentemente do eixo 2, no eixo 3 (15,86% da variação) apenas duas variáveis apresentaram altas correlações com o mesmo, o índice de fixação (-0,93) e o índice de proximidade de florestas (0,71). Basicamente a variação explicada por esse eixo demonstra que as UA que apresentaram menores índices de fixação foram as que apresentaram maiores índices de proximidade. As UA 1072 – Garuva e 625 – Taió tiveram os maiores índices de proximidade e os menores índices de fixação, ao passo que a constatação inversa foi observada para as UA 689 – Ibirama e 51 – M. da Fumaça.

O índice de proximidade aumenta na medida em que a vizinhança (definida pelo raio de 4 km) é cada vez mais ocupada por manchas do mesmo tipo (florestas, no caso). Assim, faz muito sentido pensar que, as UA que apresentam maior índice de proximidade podem facilitar o fluxo

gênico, ocasionando índices de fixação menores. Cumpre lembrar que o eixo representa apenas 15,86% da variação.

O eixo 4 explicou 14,11% da variação total e apresentou o número de alelos (-0,65), o número de áreas núcleo (NCA, 0,62) e a razão média perímetro/área (MPAR, 0,67) correlacionadas consigo. Esse eixo ordenou a sua direita as UA que apresentaram menos alelos na medida em que o número de áreas núcleo e a razão média perímetro/área foram maiores.

Conforme já discutido, existem diferenças, em termos médios os indicadores de diversidade genética, para ambas as coortes de palmitreiro, especialmente nos índices de fixação. No entanto, as métricas ao contrário do que se supunha, as métricas de classe apresentaram poucas correlações que indicaram um sentido ecológico de associação com os índices de diversidade genética dos indivíduos regenerantes de palmitreiro, especialmente que pudessem estar associadas as reduções dos índices de fixação. Neste sentido, o comportamento reprodutivo da espécie parece ter um papel mais determinante na manutenção e flutuação da diversidade genética ao longo do tempo, se comparado às variáveis de paisagem.

O palmitreiro apresenta taxa de cruzamento muito próxima de 1,0 (Reis *et al.*, 2000b; Gaioto *et al.*, 2003; Conte *et al.*, 2008), é protândrica, polinizada por uma grande gama de insetos (Mantovani & Morellato, 2000; Reis *et al.* 1993) e apresenta forte interação com a fauna por conta de seus frutos (Silva, 2011; Galetti *et al.*, 1999). Estas características associadas ao crescimento no sub-bosque e a tendência da espécie formar populações bastante numerosas parecem ser determinantes para a manutenção da diversidade genética, mesmo em paisagens distintas, como é o caso daquelas aqui analisadas.

Ademais, existem questões não avaliadas pelo presente estudo que podem apresentar grande influência nas diferenças existentes, em termos de diversidade genética, e na ausência de correlação com métricas de paisagem. Não se conhece o histórico de uso de cada fragmento, quando houve exploração, em qual intensidade, de quais espécies ou até mesmo se houve exploração. Tampouco são conhecidos aspectos quantitativos e qualitativos de fauna nos fragmentos. Essas questões, juntamente com o que já foi abordado sobre a ecologia da espécie, podem apresentar maior influência sobre os níveis de diversidade genética das populações do que as métricas de paisagem, dificultando assim, a identificação de padrões de paisagem mais ou menos favoráveis à conservação da diversidade genética.

7.5.3 Canela preta indivíduos adultos

As mesmas 59 métricas de classe utilizadas para o palmitreiro foram utilizadas na análise de paisagem da canela preta. Novamente, diversas métricas apresentaram altas correlações entre si, sendo assim excluídas da análise, pelo mesmo critério de corte já citado. Após a exclusão das métricas correlatas restaram 21 métricas (Tabela 18). Dentre índices de diversidade genética, o número de alelos por loco, por loco polimórfico e a porcentagem de locos polimórficos foram retiradas da análise, por apresentarem alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 18. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Sigla3 = pastagens e campos; Sigla4 = agricultura. Legendas na Tabela 4.

Métricas de classe						
CA	PSSD	NCA	TCCA	MSI	MPAR	MPFD Proximity
NumP2	CA2	MPS2	MSI2	MPAR2	Proximity2	
MPS3	MSI3	MPAR3	SPLIT3	Proximity3		
CA4	MPAR4					

As correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo estão sumarizadas na Tabela 19. Apenas as variáveis que apresentam correlação com o eixo maior que |0,6| foram aproveitadas para a discussão. As proporções explicadas por cada eixo são baixas e os quatro primeiros eixos explicam em torno de 60% do total da variação.

Tabela 19. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (21,76%)	Eixo 2 (14,72%)	Eixo 3 (13,67%)	Eixo 4 (10,12%)			
CA	-0,85	PSSD	-0,7	Alel	0,67	MPS3	-0,64
NCA	0,73	Proximity	-0,64	He	0,72	MPAR3	0,65
MPFD	0,84	CA2	-0,68	Ho	0,77	SPLIT3	0,7
NumP2	0,76			TCCA	0,61		
Proximity3	0,74			MSI2	-0,67		
MPAR4	0,66						

O eixo 1 (21,76% da variação) apresentou apenas métricas de classe com correlações superiores a |0,6|. As UA ordenadas à direita

desse eixo apresentaram menor área de classe floresta (CA), na medida em quem o número de áreas-núcleo (NCA), a dimensão fractal média (MPFD), número de fragmentos de reflorestamento (Nump2), índice de proximidade de pastagens (Proximity3) e razão média perímetro/área de agricultura (MPAR4) foram maiores. No eixo 2 (14,72% da variação) também não foram encontrados índices de diversidade genética correlacionados com o eixo. Esse eixo tangenciou as UA que apresentaram menores índices de proximidade, desvio padrão do tamanho da mancha e menores áreas de reflorestamento (CA2). A Figura 15 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

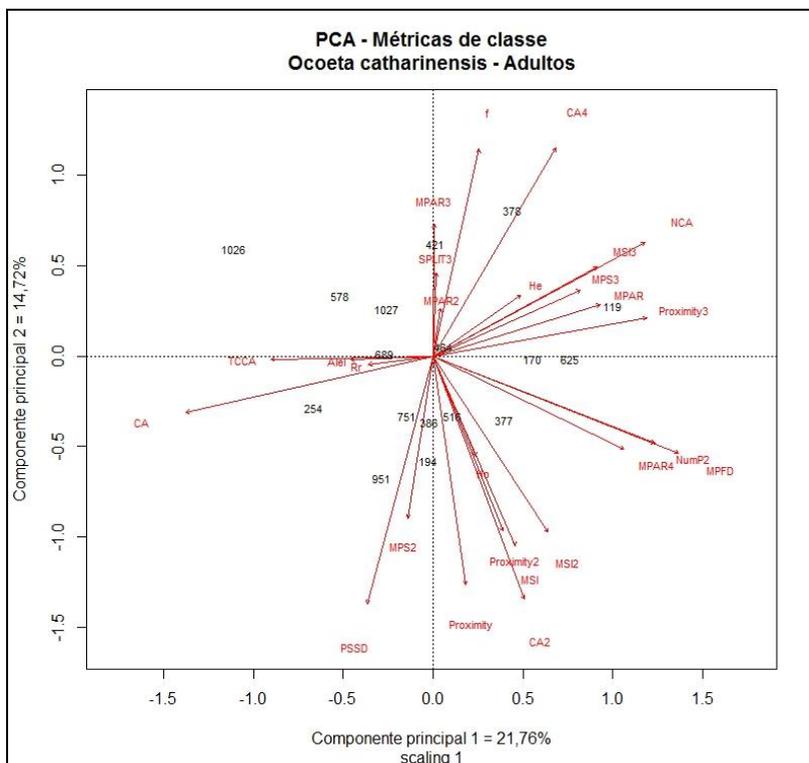


Figura 11. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 17 populações de indivíduos adultos de *Ocoetea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

Somente no eixo 3, que explica uma pequena parte da variação (13,73%), foram detectadas variáveis de paisagem e genética com correlações superiores a $|0,6|$. As variação explicada por este aponta para maiores \hat{H}_E , \hat{H}_O e número de alelos na medida em que a área total de áreas-núcleo de florestas (TCCA) era maior e o índice de forma dos reflorestamentos (MSI2) era menor. As relações não são lineares, mas, de fato, as UA amostrais com maior TCCA apresentaram, de maneira geral, mais alelos e maiores \hat{H}_E e \hat{H}_O , como 254 – Santo Amaro ($\hat{H}_E = 0,150$; $\hat{H}_O = 0,155$; 18 alelos), 751 – Ilhota ($\hat{H}_E = 0,197$; $\hat{H}_O = 0,162$; 18 alelos) e 1026 – Joinville ($\hat{H}_E = 0,221$; $\hat{H}_O = 0,183$; 18 alelos).

O eixo 4, que explicou 10,12% da variação apresentou apenas métricas de classe com correlações discutíveis. A variação explicada por este eixo aponta para UA com manchas de pastagem com maiores razão média perímetro/área (MPAR3) e índice de retalhamento (SPLIT3) e com menos tamanho médio de manchas (MPS3).

A exemplo do palmeiro, as métricas de classe apresentaram poucas correlações importantes com os índices de diversidade genética das populações adultas de canela preta. Evidentemente, os indivíduos adultos genotipados podem ter sido gerados previamente aos eventos de exploração e fragmentação que afetaram, com maior ou menor intensidade, as UA estudadas.

7.5.4 Canela preta indivíduos regenerantes

A PCA para métricas de classe e indivíduos regenerantes contou com oito métricas de classe (Tabela 20), após a exclusão das métricas correlacionadas. Dos índices de diversidade genética foram tirados da análise o número de alelos por loco e a porcentagem de locos polimórficos, por apresentarem correlação alta com o número total de alelos da população.

Tabela 20. Métricas de classe utilizadas na Análise de Componentes Principais para as 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Sigla sem número = florestas em estágio médio ou avançado; Sigla2 = reflorestamento; Legendas na Tabela 4.

Métricas de classe				
CA	PSSD	TCCA	MSI	MPAR
CA2	DIVISION2	MESH2		

As correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo estão sumarizadas na Tabela 21. Apenas

as variáveis que apresentam correlação com o eixo maior que $|0,6|$ foram aproveitadas para a discussão. As proporções explicadas por cada eixo são as maiores de todas as PCA para métricas de classe, e os quatro primeiros eixos explicam em torno de 95% do total da variação.

Tabela 21. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

Eixo 1 (35,37%)		Eixo 2 (32,97%)		Eixo 3 (18,10%)		Eixo 4 (6,78%)	
CA	0,87	Ho	0,93	He	-0,65	TCCA	0,67
Ap	-0,66	MPAR	0,75	PSSD	0,85		
Rr	-0,7	Rr	0,66	DIVISION2	0,66		
MSI	-0,68	MESH2	-0,67				
CA2	-0,77	f	-0,79				
MESH2	-0,66	Alel	-0,82				
		CA2	-0,6				

O eixo 1 (35,37% da variação) ordenou, para seu lado positivo, as UA que apresentaram menos alelos por loco polimórfico e menos alelos raros na medida em que o índice de forma médio das florestas (MSI), a área total de pastagens (CA2) e o tamanho efetivo das manchas de pastagens (MESH2) eram menores e a área total das florestas (CA) era maior. A relação entre alelos raros e área total de florestas é praticamente linear entre as sete UA estudadas, entretanto a magnitude da diferença entre as UA que apresentam mais e menos alelos raros parece pequena. A UA 119 – Grão Pará (menor CA) apresentou três alelos raros, ao passo que 1026 – Joinville (maior CA) apresentou um alelo raro, todas as demais UA apresentaram dois alelos raros.

O eixo 2 explicou 32,97% da variação e apresentou seis variáveis com correlação superior a $|0,6|$. Para o sentido positivo desse eixo foram ordenadas as UA que apresentaram maiores \hat{H}_O , número de alelos raros e razão média perímetro/área na medida em que o tamanho efetivo das manchas de reflorestamento (MESH2), a área total de reflorestamentos (CA2), o índice de fixação e o número de alelos foram menores. As relações não são lineares, mas de maneira geral as UA que apresentaram maiores áreas totais de reflorestamentos, também apresentaram os menores valores de \hat{H}_O (377 – Agrolândia e 194 – SR de Lima).

Em se tratando de indivíduos regenerantes, essa constatação pode ser importante, pois sugere que aspectos da paisagem (áreas de reflorestamento, no caso) podem estar influenciando sobre a dinâmica reprodutiva da canela preta. Especialmente quando se observa que as UA que mais apresentaram alelos, foram as que apresentaram os

maiores índices de fixação. Em outras palavras, existe diversidade potencial, mas os cruzamentos não são capazes de gerar progênie que expressem tal diversidade. A Figura 16 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

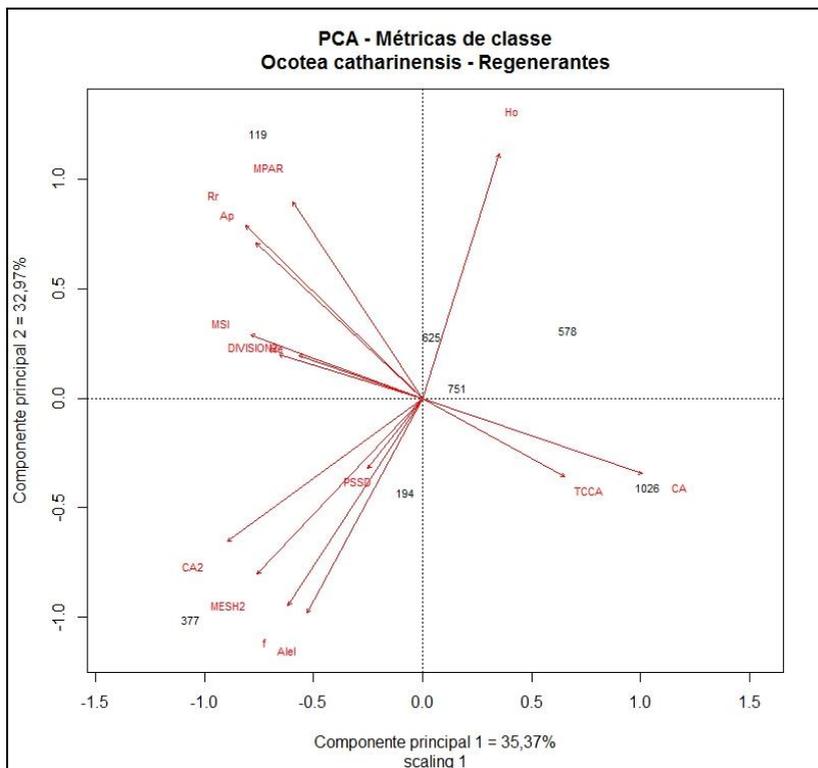


Figura 12. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

O eixo 3 apresentou três variáveis com correlação superior a $|0,6|$ e explicou 18,10% da variação encontrada. A variação explicada por esse eixo aponta para menores níveis de \hat{H}_E na medida em que o desvio padrão do tamanho das manchas de floresta (PSSD) e o grau de divisão das manchas de reflorestamento (DIVISION2) foram maiores. Essa ordenação poderia, na medida em que indica uma tendência de menor \hat{H}_E em UA que apresentam manchas de floresta com áreas bastante discrepantes. No entanto, a diferença de \hat{H}_E entre as UA que apresentam

maior PSSD (751 – Ilhota, $\hat{H}_E = 0,187$) e menor PSSD (1026 – Joinville, $\hat{H}_E = 0,184$) são irrisórias. O eixo 4 apresentou apenas a área total de áreas-núcleo com correlação superior a $|0,6|$.

Ao contrário da PCA para métricas de classe dos indivíduos adultos de canela preta, a PCA para os indivíduos regenerantes foi eficiente em encontrar algumas correlações que sugerem influência das métricas de classe nos índices de diversidade genética, especialmente aquelas averiguadas no eixo 2, tais como: área total e tamanho efetivo das manchas de reflorestamento.

7.6 Análise de componentes principais – métricas de classe: conclusões

As PCA para métricas de classe e índices de diversidade genética da coorte adulta, para ambas as espécies, não detectaram conformações de paisagem - num raio de 4 km do ponto central de coleta - que estivessem associadas de forma importante a melhores ou piores níveis de diversidade genética das populações.

Assim, algumas considerações podem ser feitas. Em primeiro lugar, conforme já abordado, as ações antrópicas que modificaram as paisagens avaliadas, aconteceram em diferentes intensidades e diferentes períodos nas diferentes UA. Essas intensidades e períodos não foram objeto de pesquisa desse estudo, mas obviamente possuem influência sobre os níveis de diversidade genética das espécies. Tratando-se de indivíduos adultos, especialmente no caso da canela preta, é possível que os reflexos da paisagem das UA na diversidade genética, pudessem ser percebidos apenas nas gerações mais recentes das espécies.

Ademais, o número de métricas utilizadas e o seu sentido ecológico precisam ser revistos. A PCA não permite teste de hipóteses, como já mencionado, entretanto, ao passo que os eixos apresentam variáveis de paisagem e de genética com altas correlações, seria importante que houvesse explicações ecológicas plausíveis para tais correlações. Encontrar um eixo correlacionado com variáveis como área de florestas e número de alelos é algo passível de argumentação. No entanto, encontrar um eixo correlacionado com o número de alelos e a dimensão fractal das áreas agrícolas, por exemplo, dificulta em muito a argumentação, a partir dos elementos estudados neste trabalho.

As seleção das métricas utilizadas pelo presente estudo seguiu, em partes, aquilo que havia sido planejado para a análise de dados do projeto IFF-SC. Entretanto, após os resultados obtidos e imaginando estudos futuros desdobramentos parece necessária uma profunda revisão de quais métricas devam ser utilizadas. Possivelmente, restringir as

métricas àquelas que informem a área, a proximidade e a forma das manchas de floresta, utilizadas juntamente com as áreas das outras classes pode prover análises com eixos mais explicativos e com correlações que façam mais sentido ecológico. Também, agregar à análise aspectos qualitativos, que tratem do histórico de exploração dos fragmentos (quando foi explorado, em qual intensidade, se houve caça) pode auxiliar na identificação de paisagens mais ou menos favoráveis à conservação da diversidade genética das populações, sobretudo para os indivíduos regenerantes, gerados nas condições atuais da paisagem, que é reflexo do seu histórico de exploração.

Ademais, a metodologia proposta pelo presente trabalho utilizou dados de genética e paisagem juntos, nas mesmas PCA, com o objetivo de identificar paisagens mais ou menos favoráveis à conservação da diversidade genética, algo não observado na literatura, fato que limita a possibilidade de comparação metodológica. Por exemplo, foram encontrados estudos que fazem correlações entre eixos de PCA de variáveis ambientais com alguma natureza de variação genética (vide Mosca *et al.*, 2012), ou entre eixos de PCA que ordenaram a variabilidade genética e variáveis ambientais (vide Watts *et al.*, 2004), entretanto tais correlações são posteriores à PCA.

Portanto, respondendo a questão “a”, apresentada no item 5.2, existem poucas associações entre métricas de classe e os níveis de diversidade genética, para ambas as espécies e coortes. As mais importantes para o palmitreiro foram encontradas para os regenerantes, no eixo 2 (22,56%) e no eixo 3 (15,86%) e apontam para uma tendência de maior \hat{H}_E em UA com menores áreas de florestas (eixo 2), e para menores \hat{f} em UA com índices de proximidade maiores. Para a canela preta as associações mais importantes foram detectadas no eixo 3 (13,67%) da PCA dos adultos, que mostrou uma tendência das populações apresentarem mais alelos, \hat{H}_O e \hat{H}_E em UA com maiores áreas-núcleo totais, e no eixo 2 (32,97%) da PCA dos regenerantes, que apontou para populações com maiores \hat{H}_O , número de alelos raros em UA com menores áreas totais de reflorestamentos.

Logo, como as associações foram um tanto pontuais e, na maioria das vezes, em eixos que explicam pouco da variação encontrada, os aspectos da paisagem no entorno não permitem prever os padrões de diversidade nas coortes regenerantes (questão “b”, item 5.1). Uma exceção pode ser feita aos regenerantes de canela preta, onde, de acordo com as associações recém citadas, pode-se esperar maiores \hat{H}_O e número de alelos raros em UA com menores áreas totais de reflorestamentos.

A questão “c” do item 5.2 pode ser respondida da mesma maneira que a questão “b”, não foi detectada nenhuma conformação paisagística que se mostrou potencialmente mais eficiente na conservação da diversidade genética das espécies, com a ressalva de que existe uma tendência de que UA com menores áreas totais de reflorestamentos apresentam populações regenerantes de canela preta com maiores \hat{H}_O e número de alelos raros.

7.7 Análise de componentes principais – métricas de mancha

7.7.1 Palmiteiro indivíduos adultos

As correlações de cada métrica de mancha e dos índices de diversidade genética das populações correspondentes com cada um dos eixos estão sumarizadas na Tabela 22. Das oito métricas de mancha estimadas, quatro foram retiradas por apresentarem correlações elevadas com outras métricas, restaram a área da mancha (Area), o perímetro (Perimeter), a distância para o vizinho mais próximo (NNDist) e o índice de proximidade (PXfg). Dentre índices de diversidade genética, apenas o número de alelos por loco foi retirado da análise, por apresentar alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 22. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (31,17%)		Eixo 2 (20,11%)		Eixo 3 (15,47%)
Ho	0,83	P	0,79	Perimeter	0,67
Alel	0,73	Ap	-0,69		
He	0,62				
NNDist	-0,64				

O primeiro eixo explicou 31,17% da variação total. O número de alelos, \hat{H}_E e \hat{H}_O apresentaram correlações positivas com este eixo, enquanto a distância para o vizinho mais próximo (NNDist) teve correlação negativa. Em suma, as manchas que apresentam vizinhos a menores distâncias tenderam a apresentar mais alelos e maiores heterozigosidades. Essa é uma correlação bastante interessante, pois, em certa medida, sugere maior fluxo gênico histórico nas manchas com vizinhos mais próximos. Entretanto esse resultado deve ser abordado com ressalvas, pois trata da de índices de diversidade genética de indivíduos adultos, e não há certeza sobre como eram as manchas

avaliadas na época em que a população foi formada, é possível que fizessem parte de um único contínuum.

O eixo 2 (20,11% da variação) apresentou correlações maiores que $|0,6|$ apenas com os índices de diversidade genética, já o terceiro eixo (15,47% da variação) apresentou apenas o perímetro das manchas com correlação superior a $|0,6|$. A Figura 17 representa a distribuição das variáveis e populações nos dois primeiros eixos da PCA.

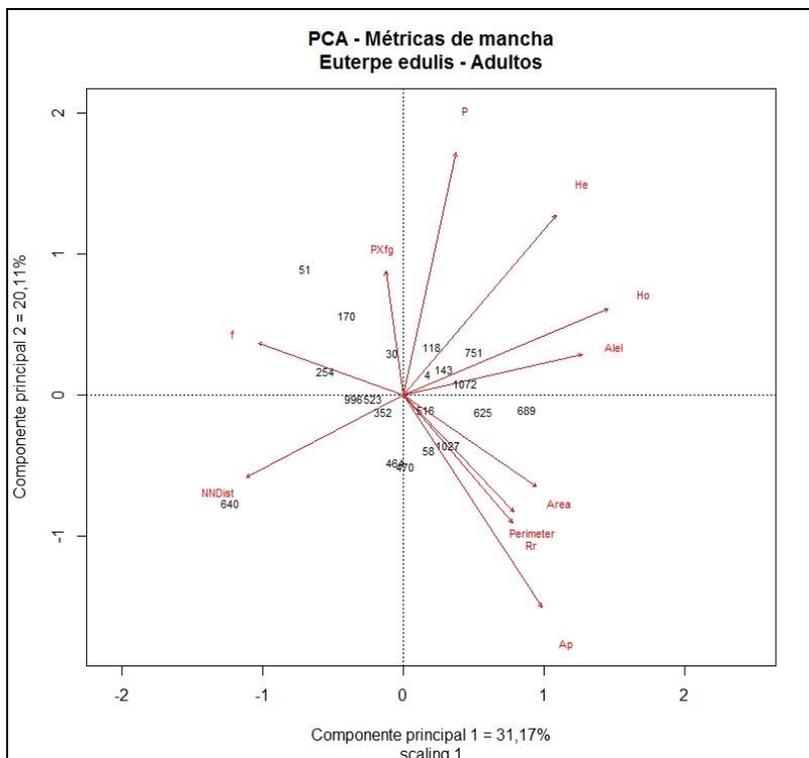


Figura 13. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

7.7.2 Palmeiro indivíduos regenerantes

As correlações de cada métrica de mancha ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo estão apresentadas na Tabela 23. Das oito métricas de mancha estimadas, quatro foram retiradas por

apresentarem correlação elevadas com outras métricas, restando a área da mancha (Area), o perímetro (Perimeter), a distância para o vizinho mais próximo (NNDist) e o índice de proximidade (PXfg). Dentre índices de diversidade genética, foram retirados da análise o número de alelos por loco, o número de alelos por loco polimórfico e a porcentagem de locos polimórficos, por apresentarem alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 23. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (39,33%)	Eixo 2 (25,15%)	Eixo 3 (21,87%)	Eixo 4 (8,47%)
He	0,92	f	0,83	Area
NNDist	0,79	Ho	-0,86	Rr
Alel	0,65	PXfg	-0,73	
Area	-0,63			
Perimeter	-0,85			

O primeiro eixo explicou 39,33% da variação total. O número de alelos, a \hat{H}_E e a distância para o vizinho mais próximo (NNDist) apresentaram correlações positivas com este eixo e a área e o perímetro da mancha apresentaram correlações negativas. Assim, as manchas que apresentaram mais alelos e maior \hat{H}_E foram as que exibiram vizinhos mais distantes, menores áreas e perímetros. As UA 996 – Joinville, 51 – M. da Fumaça e 640 – Itajaí foram as que apresentaram menores áreas e as maiores \hat{H}_E .

O fato de que, para os regenerantes, maiores \hat{H}_E e mais alelos foram encontrados em fragmentos menores desperta curiosidade. Algumas hipóteses podem ser levantadas no intento de explicar este resultado. Primeiro, estes fragmentos menores podem estar servindo como *stepping stones*, recebendo sementes de outros fragmentos, que estariam assim incrementando \hat{H}_E e o número de alelos. Segundo, não é incomum que agricultores que manejem o palmitreiro enriqueçam o banco de plântulas, trazendo sementes de outros lugares, fato que pode também influenciar nos níveis de diversidade genética e número de alelos.

Terceiro, a polinização pode haver sido facilitada pelo fato do fragmento ser menor, assim alelos que estariam em baixa frequência nos adultos -e que podem nem ter sido amostrados- poderiam ter suas frequências aumentadas ou mesmo aparecerem nos regenerantes, novamente ocasionando aumento no número de alelos e no \hat{H}_E . Kramer

et al. (2008), afirmam que espécies com sistemas de autoincompatibilidade podem maximizar a diversidade genética de sua progênie, para além do que se espera, em ambientes fragmentados. Como o palmiteiro apresenta taxa de cruzamento próxima de 1 (Reis *et al.*, 2000b; Gaioto *et al.*, 2003; Conte *et al.*, 2008) e é protândrico (Mantovani & Morellato, 2000; Reis *et al.* 1993), caso esta taxa permaneça próxima de 1 em fragmentos menores, apenas cruzamentos, e não autofecundação, são possíveis, prevenindo depressão por endogamia, por um certo tempo, fato também discutido por Kramer *et al.* (2008).

Cabe ressaltar também que as UA 996 – Joinville, 51 – M. da Fumaça e 640 – Itajaí, que apresentaram menores áreas e as maiores \hat{H}_E , apresentaram também redução nos índices de fixação dos adultos para os regenerantes (Tabela 6). Os resultados do eixo 1 demonstram ainda, a importância que pequenos fragmentos apresentam na conservação da diversidade da espécie.

O eixo 2 (25,15% da variação) apresentou o índice de fixação e \hat{H}_O positivamente correlacionados e índice de proximidade negativamente correlacionado. Manchas com maiores \hat{f} apresentaram menores índices de proximidade e menores valores de \hat{H}_O . São exemplos as UA 51 – M. da Fumaça ($\hat{H}_O = 0,203$; $\hat{f} = 0,115$), 689 – Ibirama ($\hat{H}_O = 0,204$; $\hat{f} = 0,089$) e 640 – Itajaí ($\hat{H}_O = 0,224$; $\hat{f} = 0,075$).

Conforme já mencionado, o índice de proximidade aumenta na medida em que a vizinhança é cada vez mais ocupada por manchas do mesmo tipo (florestas, no caso) e, quando essas manchas tornam-se mais contíguas. Assim, faz sentido conjecturar que, as manchas que apresentam maiores índices de proximidade podem ter o fluxo gênico facilitado, ocasionando índices de fixação menores.

O eixo 3 (21,87%) apresentou apenas o número de alelos e o número de alelos raros negativamente correlacionados, já o eixo 4 (8,47%) apresentou apenas a área das manchas com correlação superior a |0,6|. A Figura 18 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

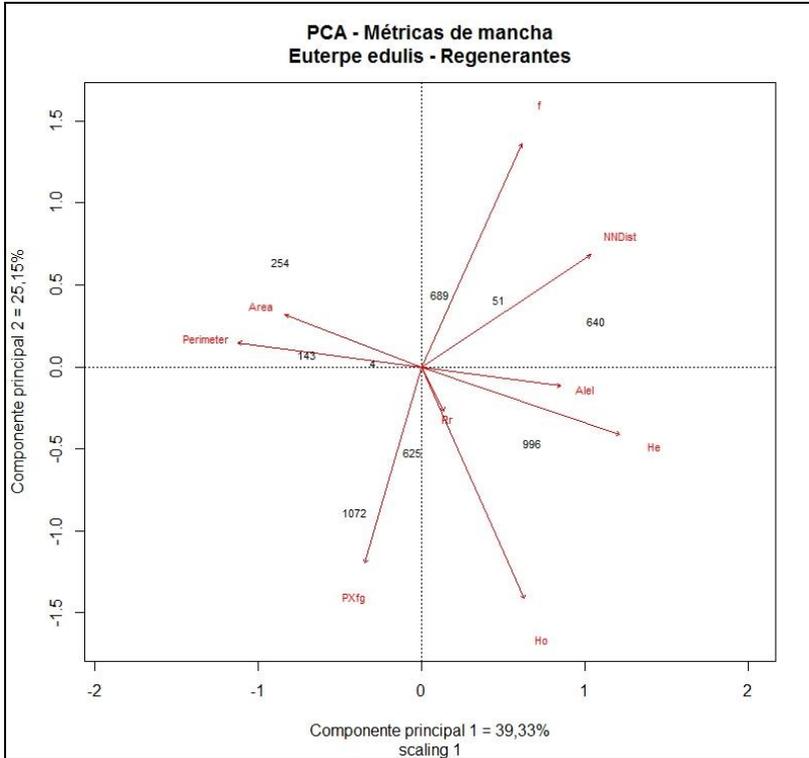


Figura 14. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

7.7.3 Canela preta indivíduos adultos

As correlações de cada métrica de mancha e índices de diversidade genética com cada um dos quatro primeiros eixos da PCA estão sumarizadas na Tabela 24. Das oito métricas de mancha estimadas, três foram retiradas por apresentarem correlação com outras métricas; assim, foram empregadas na análise a área da mancha (Area), o perímetro (Perimeter), a dimensão fractal (Frac_Dim), a distância para o vizinho mais próximo (NNDist) e o índice de proximidade (PXfg). Dentre índices de diversidade genética o número de alelos por loco, o número de alelos por loco polimórfico e a porcentagem de locos polimórficos foram retirados da análise, por apresentarem alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 24. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (29,55%)	Eixo 2 (23,76%)	Eixo 3 (16,72%)	Eixo 4 (15,43%)
He	0,89	f	0,86	Area 0,62
Ho	0,67	Alel	-0,69	Shape_Idx -0,87
Rr	-0,78	Ho	-0,73	PXfg -0,64

O primeiro eixo explicou 29,55% da variação encontrada, no entanto apenas variáveis de diversidade genética apresentaram correlação maior que $|0,6|$ com este eixo. As UA posicionadas a direita deste eixo tenderam a apresentar maiores \hat{H}_O e \hat{H}_E e menor número de alelos raros.

O eixo 2 (23,76%), a exemplo do primeiro eixo, apresentou somente variáveis de genética com correlação maior que $|0,6|$. A variação ordenada por esse eixo explica que as UA tenderam a apresentar maiores índices de fixação, na medida em que o número de alelos e a \hat{H}_O são menores. A Figura 19 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

O eixo 3 (16,72%) apresentou apenas variáveis de paisagem com correlação maior que $|0,6|$. UA com maiores áreas tenderam a apresentar menores índices de forma. No eixo 4 (15,43%), apenas o índice de proximidade apresentou correlação superior a $|0,6|$.

A PCA para métricas de mancha dos indivíduos adultos de canela preta não foi eficiente em indicar nenhuma associação importante entre a paisagem e a diversidade genética das populações. As UA foram ordenadas, ao longo dos eixos, predominantemente por variáveis de paisagem ou de genética, mas não pelas duas ao mesmo tempo. Conforme já discutido, o fato de se tratarem de populações de indivíduos adultos e, portanto, serem anteriores aos processos mais intensivos de exploração da espécie e fragmentação da paisagem, pode ter influenciado nos resultados obtidos.

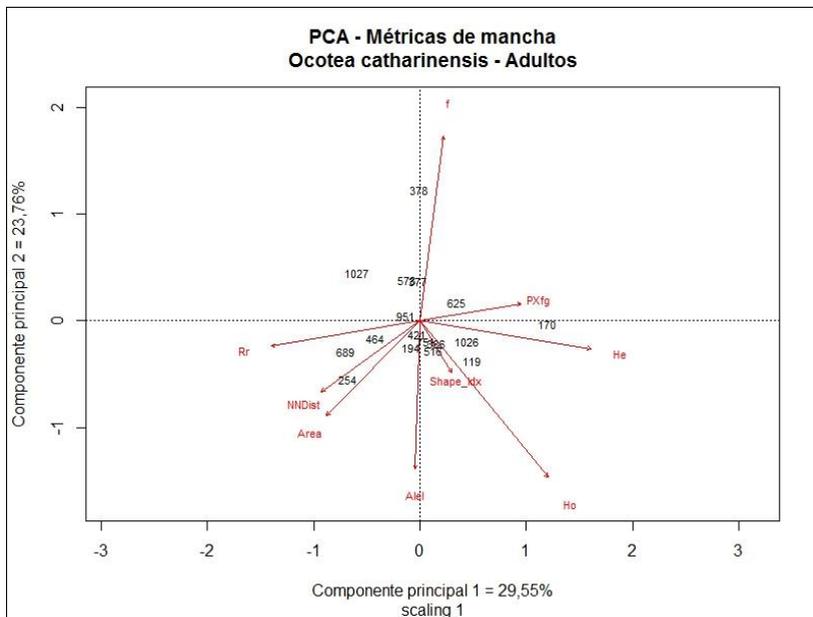


Figura 15. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as sete populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

7.7.4 Canela preta indivíduos regenerantes

As correlações de cada métrica de mancha ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo estão sumarizadas na Tabela 25. Das oito métricas de mancha estimadas, cinco foram retiradas por apresentarem correlações elevadas com outras métricas, restaram apenas a área da mancha (Area), o perímetro (Perimeter) e a distância para o vizinho mais próximo (NNDist). Dentre índices de diversidade genética o número de alelos por loco e a porcentagem de locos polimórficos foram retirados da análise, por apresentarem alta correlação com o número total de alelos da população.

Tabela 25. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de mancha das sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (42,88%)	Eixo 2 (37,04%)	Eixo 3 (12,15%)
Perimeter	0,89	Alel	0,73
NNDist	0,77	f	0,67
f	0,71	Ap	-0,7
Alel	0,63	Ho	-0,87
Area	-0,63	Rr	-0,77

O eixo 1 (42,88%) apresentou o perímetro, a distância para o vizinho mais próximo, índice de fixação e o número de alelos positivamente correlacionados, enquanto a área apareceu negativamente correlacionada. Assim, as associações apontam para UA com maiores índices de fixação e número de alelos, na medida em que os perímetros e as distâncias para os vizinhos mais próximos são maiores e as áreas são menores. São associações que poderiam sugerir, por um lado, que fragmentos com menores áreas tendem a apresentar mais alelos. Entretanto, por outro lado, o fato do \hat{f} ter sido maior nas menores manchas, poderia apontar para dificuldades no fluxo gênico dentro das manchas menores, menor tamanho efetivo ou efeito de estrutura familiar. Cabe ainda ressaltar que todas as manchas avaliadas possuem mais de 1000 ha, área considerável, especialmente se comparada à área de algumas manchas de palmitero.

Os eixos 2 (37,04%) e 3 (12,15%) apresentaram apenas variáveis genéticas com correlações superiores a $|0,6|$. A Figura 20 representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

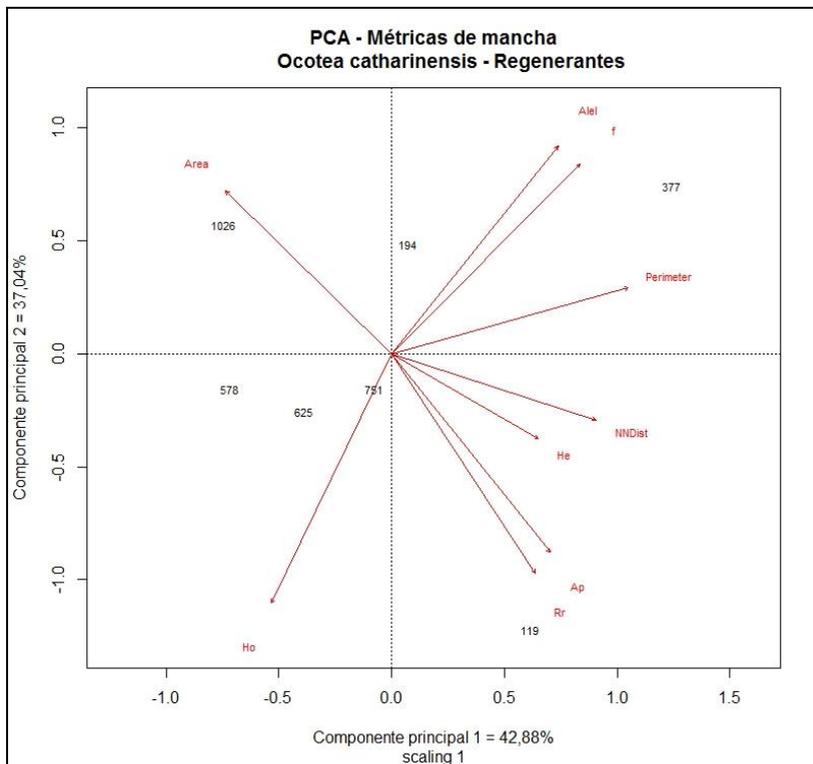


Figura 16. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de mancha para as sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

7.8 Análises de componentes principais – métricas de mancha: conclusões

Em comparação às análises conduzidas com métricas de classe, as PCA para métricas de mancha revelaram associações mais interessantes, do ponto de vista da conservação, entre diversidade genética e características das manchas. Especialmente para as populações regenerantes e para o palmiteiro.

Para os indivíduos adultos de palmiteiro destaca-se as associações encontradas no eixo 1 (31,37%), que apontam para uma tendência de maiores \hat{H}_O , \hat{H}_E e números de alelos em UA com vizinhos mais próximos. Já para os regenerantes, as associações encontradas no eixo 1 (39,33%) mostram uma tendência de maior \hat{H}_E e número de alelos em

manchas menores, e as encontradas no eixo 2 (25,15%) apontam para maiores índices de fixação em manchas com menores \hat{H}_O e índices de proximidade. No caso da canela preta, destaca-se apenas o eixo 1 (42,88%) da PCA para os regenerantes, que apontou basicamente para maiores índices de fixação e número de alelos em manchas com maiores perímetro e menores áreas.

Para o caso do palmeiro, as métricas de mancha permitem prever, em parte, os padrões de diversidade nas coortes regenerantes. Espera-se encontrar maior número de alelos e \hat{H}_O em manchas de menores áreas. No caso da canela preta menores áreas de mancha podem significar maiores índices de fixação e mais alelos. Tais constatações, entretanto, não parecem suficientes para apontar um tipo de mancha ideal para a conservação da diversidade genética das espécies.

Novamente, à exemplo do que foi discutido para as métricas de classe, parece bastante importante incluir na análise informações que tratem do histórico de exploração dos fragmentos e da fauna presente em cada um deles. Isso, no sentido de facilitar o entendimento de como as manchas podem proporcionar a conservação da diversidade genética das populações de indivíduos regenerantes.

7.9 Análise de componentes principais – métricas de classe II

Posteriormente às primeiras análises realizadas e apresentadas e, levando-se em consideração o que foi discutido acerca das métricas de classe e índices de diversidade genética a serem utilizados, a seguir são apresentadas novas análises de componentes principais para classe.

Estas novas análises possuem restrições com relação ao número de métricas de classe. Assim, das 59 métricas possíveis de serem utilizadas foram elencadas oito, sendo cinco delas relativas à classe florestas CA, MPS, MSI, DIVISION e Proximity, mais as áreas totais das outras classes avaliadas, CA2 (área da classe reflorestamento), CA3 (área da classe pastagens e campos) e CA4 (área da classe agricultura).

O objetivo de restringir o número de métricas é obter PCA mais explicativos e menos contaminados por métricas que apresentam poucas correlações com os eixos, além disso também se prezou pela escolha de métricas que possam proporcionar uma melhor discussão sobre o sentido ecológico das correlações que venham a ser encontradas. Assim, as métricas relativas à classe floresta aportam informação sobre a área total da classe no *buffer* (CA), sobre o tamanho médio das manchas (MPS), sobre o índice médio de forma destas manchas (MSI), sobre o grau de divisão da paisagem (DIVISION) e sobre a proximidade

média das manchas (Proximity). Além deste conjunto de métricas da classe floresta foram aportadas informações sobre a área das outras classes em cada *buffer* (CA2, CA3 e CA4).

Uma revisão dos índices de diversidade genética também foi realizada. Dos oito índices estimados foram selecionados quatro. O número de alelos de cada população (Alel) e a heteroziguidade observada (\hat{H}_O) como medidas da diversidade atual de cada população, a heteroziguidade esperada (\hat{H}_E) como indicador da diversidade genética potencial de cada população e o índice de fixação (\hat{f}) referindo-se as diferenças entre diversidade atual e potencial. Ademais, a metodologia de análise segue idêntica àquela já descrita no item 6.5.

7.9.1 Palmitreiro indivíduos adultos

Das oito métricas de classe estimadas para cada *buffer*, apenas DIVISION foi retirada da análise pelo critério de exclusão por correlação de Pearson maior que |0,75|. Todos os índices de diversidade genética foram mantidos. A Tabela 26 sumariza as correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo. Nesta parte da análise, apenas as variáveis que apresentam correlação com os eixos maior que |0,6| foram aproveitadas para a discussão.

Tabela 26. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

Eixo 1 (34,71%)		Eixo 2 (17,6%)	
CA	0,84	Ho	-0,61
MPS	0,76	CA4	-0,69
MSI	0,74		
Alel	0,67		
Ho	0,66		

O eixo 1 (34,71% da variação) ordenou as populações para o seu lado positivo, sendo que os *buffers* que apresentaram maiores áreas de floresta, tamanho médio de manchas e índice médio de forma de floresta foram os que apresentaram populações com mais alelos e heteroziguidades observadas. Resultados com tendências semelhantes puderam ser observados no eixo 2 da Tabela 15, no entanto a redução no número de métricas possibilitou que esta tendência, de mais alelos e \hat{H}_O em maiores áreas de floresta, ficasse mais clara na segunda parte da

diversidade genética. Também, com base nos resultados, é possível afirmar que se espera encontrar populações com mais alelos e maior \hat{H}_O em paisagens que possuam maiores áreas de floresta, manchas com maiores áreas e maiores índices de forma. Cabe ressaltar que o eixo 1, que apresentou tais correlações explica apenas cerca de 35% da variação.

7.9.2 Palmeiro indivíduos regenerantes

Das oito métricas de classe estimadas para cada *buffer*, restaram apenas CA, MSI, Proximity e CA2 na análise após a exclusão das métricas com correlação de Pearson maior que |0,75|. Todos os índices de diversidade genética foram mantidos. A Tabela 27 sumariza as correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo. Nesta parte da análise, apenas as variáveis que apresentam correlação com os eixos maior que |0,6| foram aproveitadas para a discussão. Os três primeiros eixos da análise explicaram cerca de 80% de toda a variação encontrada, proporção superior àquela explicada pelos primeiros 4 eixos da análise que foi conduzida com todas as métricas de classe (item 7.5.2, Tabela 17).

Tabela 27. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

	Eixo 1 (36,84%)	Eixo 2 (29,47%)	Eixo 3 (15,43%)
He	0,85	f	0,96
Ho	0,83	Proximity	-0,9
Alel	0,61		
CA	-0,66		
MSI	-0,81		

O primeiro eixo explicou 36,84% da variação e ordenou para seu lado positivo populações com maiores \hat{H}_E , \hat{H}_O e número de alelos, enquanto que para o lado negativo foram ordenadas populações com menores CA e MSI. Esta tendência de índices de diversidade maiores em *buffers* com menores áreas de floresta e menores índices médios de forma é contrária àquela observada para os indivíduos adultos (Tabela 26, eixo 1). As mesmas tendências já haviam sido observadas nas primeiras análises.

Conforme exposto na Tabela 6, em termos médios, a \hat{H}_O foi maior na coorte dos regenerantes, já \hat{H}_E e número de alelos foram

bastante semelhantes entre as duas coortes, e assim mesmo, foram observadas associações contrárias de índices de diversidade e métricas de classe para as duas coortes. A saber, nos adultos áreas maiores de floresta estão associadas com mais alelos por população e maiores \hat{H}_O , já nos regenerantes, menores áreas de floresta estão associadas com mais alelos por população e maiores \hat{H}_O e \hat{H}_E .

Entretanto, como os *buffers*, de maneira geral, apresentaram áreas significativas ocupadas florestas (de 863 ha até 4679 ha), esta tendência de inversão das associações deve ser tomada com cuidado. Por exemplo, a UA 689 – Ibirama, apresentou a maior CA (4679 ha) e assim mesmo apresentou uma dos maiores números de alelos (30), bem como altos \hat{H}_E e \hat{H}_O (0,224 e 0,204, respectivamente).

Contudo, a inversão nas associações entre métricas de área e índices de diversidade genética para as coortes do palmitreiro se repete na escala de mancha, para regenerantes (Tabela 23), ou seja, num nível mais abrangente de análise (nível de classe) já aparecem evidências daquilo que ocorre em um nível menos abrangente da análise (nível de mancha). As implicações e possíveis causas destes padrões de associação foram discutidas no item 7.7.2.

O eixo 2 (29,47% da variação) ordenou para o lado positivo as populações com maiores índices de fixação, e para o lado negativo as populações com menores proximidades médias. As correlações das variáveis com os eixos são altas e demonstram a tendência de que quanto maior a proximidade dos fragmentos de floresta, menores os índices de fixação.

Esta tendência já havia sido constatada nas análises anteriores (Tabela 17, eixo 3, com 15,86% da variação) e pode demonstrar que os *buffers* que possuem manchas de floresta mais próximas podem facilitar o fluxo gênico entre manchas, reduzindo os índices de fixação. É importante pontuar também que, além do possível efeito do fluxo gênico entre manchas, o fluxo gênico interno nas manchas onde se encontram as populações também pode ser suficiente para reduzir os índices de fixação, e a análise em escala de classe não permite separar estas duas modalidades de fluxo gênico, somente a análise em escala de mancha. A Figura que segue mostra o arranjo gráfico das populações e variáveis de acordo com os dois primeiros eixos da PCA.

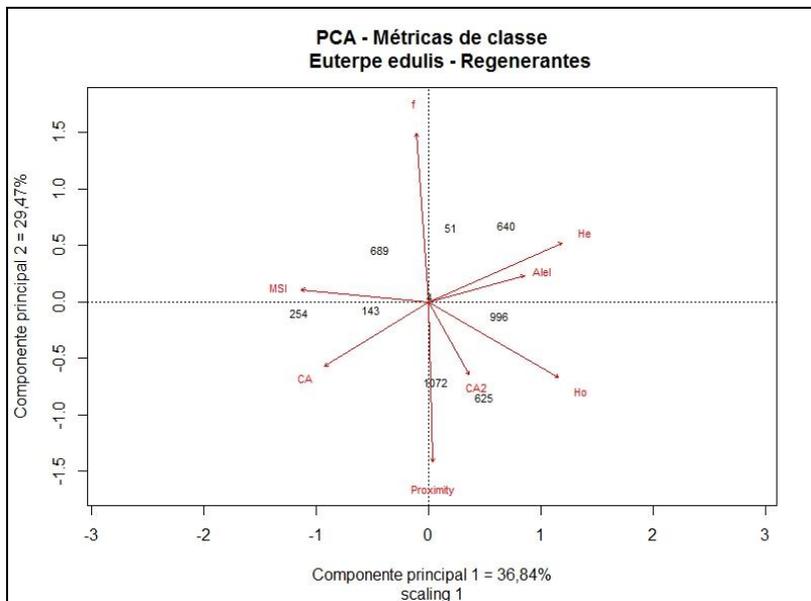


Figura 18. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*. Legendas na Tabela 4.

O eixo 3, que explicou 15,43% da variação, ordenou para o seu lado positivo as populações que apresentaram mais alelos e maiores áreas de reflorestamentos (CA2). Este resultado é particularmente influenciado pela UA 1072 – Garuva, que apresentou um dos menores números de alelos (25) e nenhum hectare com área de reflorestamento. No entanto, esta tendência precisa ser avaliada com cautela, pois apareceu num eixo pouco explicativo. Por exemplo, a UA 640 – Itajaí, que apresentou o maior número de alelos (31) está num *buffer* que possui apenas 2,5 ha de área com reflorestamentos.

Respondendo as questões apresentadas no item 5.2, para os indivíduos regenerantes de palmitero, pode-se afirmar que existem associações entre métricas de classe e índices de diversidade genética. A saber, as UA que apresentaram menores áreas de floresta e índices médios de forma, também apresentaram populações com mais alelos, \hat{H}_E e \hat{H}_O . Ademais, identificou-se uma tendência de maiores índices de fixação na medida em que a proximidade média entre as manchas de floresta foi menor, ou seja, manchas mais distanciadas ou sozinhas no *buffer*.

7.9.3 Canela preta indivíduos adultos

A partir das oito métricas de classe estimadas para cada *buffer* e após a retirada das métricas que apresentaram correlação de Pearson maior que $|0,75|$ restaram, na análise, CA, MSI, Proximity CA2 e CA4 . Todos os índices de diversidade genética foram mantidos. A Tabela 28 sumariza as correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo. Nesta parte da análise, apenas as variáveis que apresentam correlação com os eixos maior que $|0,6|$ foram aproveitadas para a discussão.

Tabela 28. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das 17 populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

Eixo 1 (29,93%)		Eixo 2 (21,73%)	
CA4	0,8	He	0,73
f	0,77	CA2	0,62
Ho	-0,69	CA	-0,72

O eixo 1 (29,93% da variação) ordenou para seu lado positivo UA com maiores áreas de agricultura (CA4) e com populações com maiores índices de fixação, já para seu lado negativo foram ordenadas as populações com menores \hat{H}_O . Assim, identifica-se uma tendência que mostra que as populações que estão em *buffers* com mais áreas de agricultura apresentam maiores \hat{f} e menores \hat{H}_O . Esta tendência não havia sido observada nas primeiras análises, nas quais se havia utilizado um maior número de métricas de classe e índices de diversidade (item 7.5.3).

Porém os resultados do eixo 1 parecem ter sido influenciados principalmente pela UA 378 – Atalanta, que apresenta o menor \hat{H}_O do conjunto (0,099), bem como o maior \hat{f} (0,475), este último cerca de 40% maior que o segundo maior \hat{f} (0,297 em 1027 - Joinville), e a maior área de agricultura (CA4 = 1849 ha). Entretanto UA com grandes CA4 também apresentaram altos \hat{H}_O , como é o caso de 119 – Grão Pará (CA4 = 1070 ha e $\hat{H}_O = 0,193$) e 421 – Ituporanga (CA4 = 1792 ha e $\hat{H}_O = 0,160$).

No eixo 2, que explicou 21,73% da variação, foram ordenadas para o lado positivo as UA com maiores \hat{H}_E e maiores áreas de reflorestamento, já para o lado negativo foram as UA com menores áreas de floresta. Este ordenamento sugere populações com maiores \hat{H}_E

em *buffers* com menores áreas totais de floresta e maiores áreas de reflorestamento. No entanto, há necessidade de se interpretar com cautela este resultado. Especialmente porque os *buffers* para canela preta tem CA variando desde 2013 ha (378 – Atalanta) até 4989 ha (1026 – Joinville), ou seja, são todos *buffers* com grandes extensões de floresta, especialmente se comparados aos dados de Steiner (2014), para FED, apresentados na Tabela 11. Para ilustrar, as duas UA com maior \bar{H}_E foram 1026 – Joinville (0,221) e 170 – SR de Lima (0,238), porém a primeira possui quase o dobro de CA que a segunda (4989 ha contra 2546 ha). Assim, seria mais sensato aprofundar esta discussão caso este padrão se repetisse em nível de mancha para os adultos, o que não é o caso (Tabela 25). A Figura que segue (Figura 19) mostra o arranjo gráfico das populações e variáveis de acordo com os dois primeiros eixos da PCA.

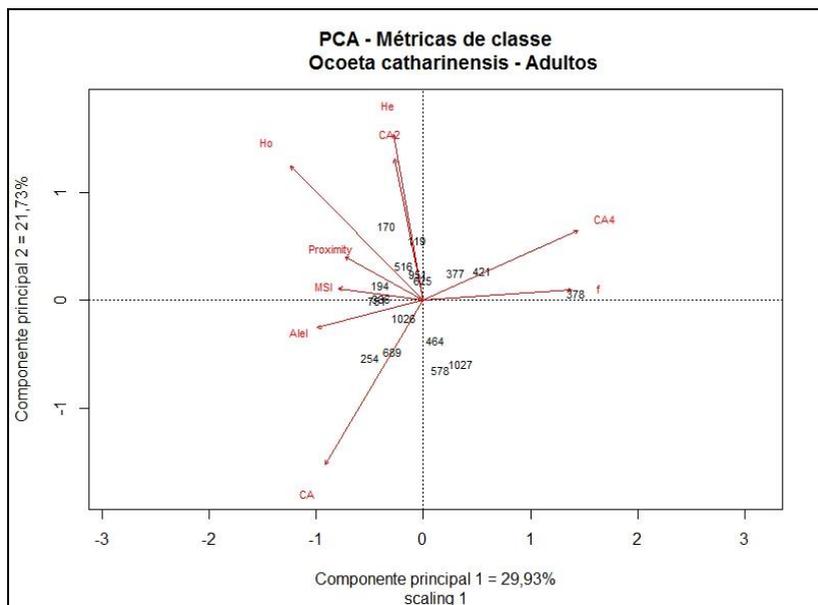


Figura 19. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as 17 populações de indivíduos adultos de *Ocoeta catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

7.9.4 Canela preta indivíduos regenerantes

A partir das oito métricas de classe estimadas para cada *buffer* e após a retirada das métricas que apresentaram correlação de Pearson maior que $|0,75|$ restaram, na análise, CA, MSI, Proximity e CA2. Todos os índices de diversidade genética foram mantidos. A Tabela 29 sumariza as correlações de cada métrica de classe ou índice de diversidade genética com seu próprio eixo. Nesta parte da análise, apenas as variáveis que apresentam correlação com os eixos maior que $|0,6|$ foram aproveitadas para a discussão.

Tabela 29. Proporção explicada e correlação das variáveis com seus eixos na Análise de Componentes Principais para métricas de classe das sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

Eixo 1 (46,28%)	
Ho	0,88
Alel	-0,9
f	-0,93
CA2	-0,94

Apenas o eixo 1 (46,28% da variação) apresentou associação com métricas de classe e índices de diversidade genética. Nele constata-se a tendência de populações com maior \hat{H}_O , menos alelos e menor \hat{f} em *buffers* com menores áreas de reflorestamento (CA2). Esta tendência já havia sido identificada nas análises anteriores (Tabela 21, item 7.5.4).

As UA que apresentaram maiores áreas totais de reflorestamentos, também apresentaram os menores valores de \hat{H}_O e dois dos maiores \hat{f} (377 – Agrolândia: $\hat{H}_O = 0,123$; $\hat{f} = 0,381$; 194 – SR de Lima: $\hat{H}_O = 0,134$; $\hat{f} = 0,186$). Conforme já discutido, em se tratando de indivíduos regenerantes, essa constatação pode ser importante, pois sugere que aspectos da paisagem (áreas de reflorestamento, no caso) podem estar influenciando sobre a dinâmica reprodutiva da canela preta. Especialmente quando se observa que as UA que mais apresentaram alelos foram as que apresentaram os maiores índices de fixação. Em outras palavras, existe diversidade potencial, mas os cruzamentos não são capazes de gerar progênies que expressem tal diversidade. Além disso, como a escala aqui utilizada é de classe, fatores como o fluxo gênico interno de cada um dos fragmentos também podem estar influenciando nos resultados obtidos. A Figura que segue (Figura 20) representa a distribuição das variáveis e populações através dos dois primeiros eixos da PCA.

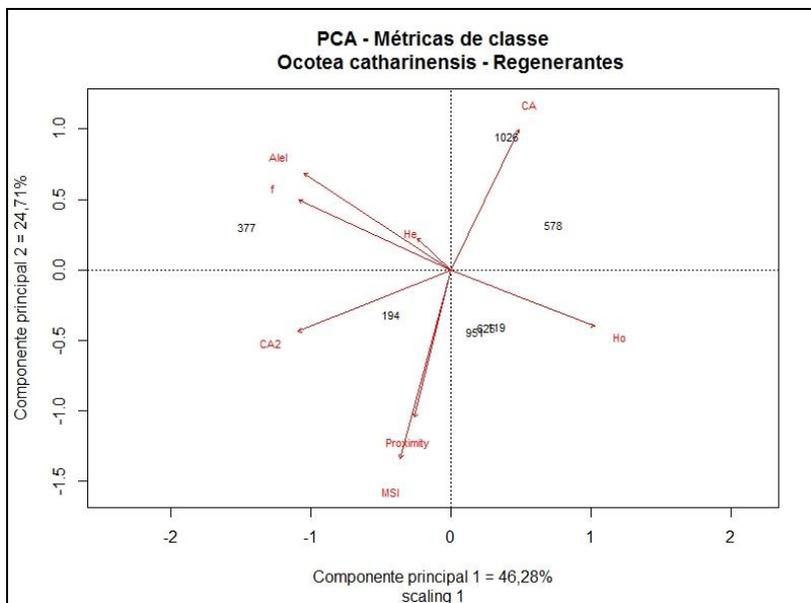


Figura 20. Representação gráfica dos dois primeiros eixos da Análise de Componentes Principais de classe para as sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*. Legendas na Tabela 4.

Respondendo as questões apresentadas no item 5.2, para os indivíduos regenerantes de canela preta, pode-se afirmar que existem associações entre métricas de classe e índices de diversidade genética. Assim, os *buffers* com maiores áreas de reflorestamento apresentaram populações com mais alelos, maiores \hat{f} e menores \hat{H}_O .

7.10 Análise de redundância – métricas de mancha

7.10.1 Palmeiro indivíduos adultos e regenerantes

Das oito métricas de mancha estimadas, três delas (Perimeter, Area_Nucleo e Frac_Dim) foram retiradas da análise, por apresentarem VIF superior a 10.

Da inércia total da RDA dos adultos, 41,44% foi condicionada pelas métricas de mancha, no entanto o r^2 ajustado foi de -0,52. Os testes de significância global, por eixo canônico e por variável explicativa não foram significativos. Assim conclui-se que as métricas de mancha não

explicam de forma consistente a variação encontrada, em termos de diversidade genética, para as populações de indivíduos adultos do palmitreiro. Os resultados da RDA para os indivíduos adultos de palmitreiro encontram-se no Anexo 7.

Entretanto, é importante ressaltar que esta análise trata de populações de indivíduos adultos, que são resultado de eventos reprodutivos pretéritos, ou seja, é possível que os reflexos da paisagem na diversidade genética do palmitreiro possam ser percebidos apenas nas gerações mais recentes da espécie.

No entanto, a RDA para os indivíduos regenerantes, a exemplo dos adultos, não apresentou significância, nem para o teste global, nem para os eixos canônicos ou para quaisquer das variáveis explicativas. Da inércia total da análise dos regenerantes, 54,20% foi condicionada pelas métricas de mancha e o r^2 ajustado foi de -0,22. Os resultados da RDA para os indivíduos regenerantes de palmitreiro encontram-se no Anexo 8.

Os indivíduos regenerantes resultam de eventos reprodutivos bastante recentes, então se poderia esperar que as métricas de mancha apresentassem uma maior influência sobre os níveis de diversidade destes, especialmente por haver uma redução significativa no \hat{f} de adultos para regenerantes. Por exemplo, uma hipótese plausível seria de que os fragmentos de menor área apresentassem índices de fixação maiores para os regenerantes, por restrições de tamanho efetivo e de cruzamentos aleatórios. No entanto essa hipótese não pôde ser comprovada, pois nos fragmentos de menor área o \hat{f} manteve-se semelhante ou diminuiu.

7.10.2 Canela preta indivíduos adultos e regenerantes

Para as RDA da canela preta quatro métricas de mancha foram retiradas (Perimeter, Paratio, Area_Nucleo e Frac_Dim), por apresentarem VIF superior a 10.

Para os adultos, da inércia total da RDA, 74,44% foi condicionada pelas métricas de mancha e o r^2 ajustado foi de 0,23. Apesar de $\frac{3}{4}$ da inércia haverem sido restringidos pelas métricas de manchas, não se obteve significância nos testes global, por eixo canônico e por variável explicativa. A exemplo do palmitreiro, as métricas de mancha não explicam a variação encontrada, em termos de diversidade genética, para as populações de indivíduos adultos de canela preta. Os resultados da RDA para os indivíduos adultos de canela preta encontram-se no Anexo 9.

A RDA para os indivíduos regenerantes apresentou 76,20% da inércia restringida pelas métricas de mancha, e um r^2 ajustado de 0,28. No entanto, igualmente aos adultos, não se obteve significância, nem para o teste global, nem para os eixos canônicos ou para quaisquer das variáveis explicativas. Assim, as métricas de mancha, não explicam a variação, em termos de diversidade genética, encontrada entre as populações de indivíduos regenerantes. Os resultados da RDA para os indivíduos regenerantes de canela preta encontram-se no Anexo 10.

Para as RDA de ambas as espécies observou-se, especialmente para canela preta, uma alta porcentagem da inércia total condicionada pelas métricas de mancha. No entanto, nenhuma das análises apresentou significância, impedindo conclusões e inferências robustas, pois não se pode descartar que as relações observadas sejam fruto do acaso. Contudo, o fato de que boa parte da inércia foi condicionada, mesmo sem significância, demonstra que a análise pode ser útil no sentido de identificar influências das métricas de mancha nos índices de diversidade genética. Assim, parece necessário que o número de UA seja maior em cada análise, o que possivelmente trará maior robustez às análises.

7.11 Unidades de conservação e diversidade genética

Os resultados obtidos para cada agrupamento das populações de palmeiteiro estão apresentados na Tabela 30. No caso de *E. edulis*, das 20 populações avaliadas, três se encontram em UCs, são elas 751 – Ilhota, 254 – Santo Amaro e 689 – Ibirama e as demais em áreas particulares.

As populações de áreas particulares (17) apresentaram em média 28 alelos, com um total de 33, sendo um exclusivo a esse agrupamento. No agrupamento das UCs (três), a média de alelos por população foi de 30, o número total de alelos foi 33, sendo um alelo exclusivo às UCs. As UCs avaliadas capturam quase que a totalidade (33 de 34) dos alelos identificados para o conjunto total de populações.

Tabela 30. Índices de diversidade genética em *Euterpe edulis* para três populações em UCs, 17 populações fora de UCs e 20 populações no total. (n) = número de populações; Ex. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$.

Agrupamento	média alelos	total alelos	Ex.	\hat{H}_E	\hat{H}_O	\hat{F}_{IS}	\hat{F}_{ST}
Particulares (17)	28	33	1	0,226	0,201	0,111*	0,065*
UCs (3)	30	33	1	0,245	0,213	0,126*	0,068*
Geral (20)	28	34	-	0,229	0,203	0,113*	0,063*

Em termos de heterozigoidades, não foram encontradas diferenças estatísticas significativas, para os valores estimados dentro e fora de UCs. Ou seja, em média, as três populações situadas em UCs conservam a mesma magnitude em termos de \hat{H}_O e \hat{H}_E do que as 17 populações situadas em áreas particulares. Os índices de fixação médios dentro das populações (\hat{F}_{IS}) foram significativos para ambos os agrupamentos, entretanto, bastante semelhantes e não muito distantes da média geral. Mesma situação observada para o \hat{F}_{ST} de cada agrupamento, demonstrando que as populações que compõe os agrupamentos são bastante semelhantes entre si.

Os resultados para os agrupamentos das populações de canela preta estão na Tabela 31. Dentre as 17 populações de *O. catharinensis* avaliadas, cinco estão localizadas em UCs, são elas: 951 – Corupá, 751 – Ilhota, 1026 – Joinville, 578 – Blumenau e 254 – Santo Amaro. As demais populações se encontram em áreas particulares.

As populações de áreas particulares (12) apresentaram em média 16 alelos, com um total de 19 e nenhum alelo exclusivo. No caso das UCs (5), a média de alelos por população foi de 17, o número total de alelos foi 20, sendo um alelo exclusivo às UCs. Todos os alelos identificados, para o conjunto total das populações, estão presentes nas UCs.

Tabela 31. Índices de diversidade genética em *Ocotea catharinensis* para cinco populações em UCs, 12 populações fora de UCs e 17 populações no total. (n) = número de populações; Ex. = alelos exclusivos. * $p < 0,05$.

Agrupamento	média alelos	total alelos	Ex.	\hat{H}_E	\hat{H}_O	\hat{F}_{IS}	\hat{F}_{ST}
Particulares (12)	16	19		0,183	0,155	0,149*	0,054*
UCs (5)	17	20	1	0,179	0,157	0,127	0,119*
 Geral (17)	17	20	-	0,182	0,155	0,142*	0,071*

A exemplo do palmitreiro, não foram encontradas diferenças significativas para \hat{H}_O e \hat{H}_E entre os agrupamentos. O \hat{F}_{IS} foi distinto entre os agrupamentos, sendo significativo para as populações de áreas particulares e não diferente de zero para as UCs, fato que evidencia um melhor estado de conservação das populações dessas últimas.

O \hat{F}_{ST} para as UCs foi o dobro do estimado para as populações de áreas particulares, demonstrando haver certa discrepância, em termos de diversidade genética, entre as populações de UCs. Em primeira

análise poderia parecer um resultado indesejado, entretanto o fato de as que as cinco populações serem mais divergentes que as particulares evidencia que tais divergências estão sendo conservadas pelas UCs.

A importância das UCs para a manutenção dos níveis de diversidade genética já foi verificada para outras espécies, como o xaxim (*Dicksonia sellowiana*) e a araucária (*Araucaria angustifolia*). No caso do xaxim, sete UCs, para um universo de 30 populações, retém 24 de 26 alelos identificados e apresentam \hat{H}_E não diferente do \hat{H}_E geral (Montagna *et al.*, 2012a). Para a araucária, oito UCs, dentre 31 populações, capturam 28 de 34 alelos identificados, apresentando \hat{H}_E 0,114, enquanto a média geral foi de 0,124 (Montagna *et al.*, 2012b).

Os resultados obtidos, para ambas as espécies, são bastante relevantes, pois demonstram uma grande efetividade das UCs na conservação da diversidade genética das mesmas. No entanto, os resultados são influenciados pelos baixos índices de divergência interpopulacional (0,063 – palmitreiro; 0,072 – canela preta) estimados para os conjuntos totais de populações. Em situações onde o \hat{F}_{ST} fosse maior, provavelmente seriam encontradas maiores discrepâncias entre os agrupamentos.

Por outro lado é pertinente salientar que não somente as UCs tem importância para a conservação da diversidade genética das espécies, mas também as áreas particulares, fato corroborado pela grande semelhança dos resultados entre os agrupamentos.

Ressalta-se a importância das UCs, não somente na conservação de diversidade genética, mas também, como locais de pesquisa e de experimentação para o aprimoramento de estratégias de conservação e uso de recursos genéticos.

7.12 Conservação das espécies no estado de Santa Catarina

As análises de diversidade genética e paisagem, para o palmitreiro, privilegiaram uma grande gama de situações, tanto para populações de indivíduos adultos, como para populações de indivíduos regenerantes. Fragmentos de tamanhos e formas distintas, com entornos utilizados de diferentes maneiras e com populações divergentes, em termos genéticos, foram estudados. Entretanto são poucas as relações entre métricas de paisagem e índices de diversidade genética do palmitreiro que podem ser úteis para a tomada de decisão em relação à conservação. De uma maneira geral, as métricas de mancha

apresentaram maiores correlações com índices de diversidade genética, tanto para adultos, como para regenerantes.

Como já abordado, em termos de diversidade genética, pode-se identificar um padrão de redução no índice de fixação das populações adultas para as regenerantes. Padrão este identificado em oito dos nove fragmentos que tiveram adultos e regenerantes avaliados. Entretanto, não existem associações consistentes da redução do \hat{f} com métricas de paisagem, sugerindo que, para a presente amostragem, o uso atual da paisagem não tem levado a uma redução ainda maior da diversidade genética do palmitreiro. Fato corroborado pela grande semelhança observada, em termos médios, entre os índices de diversidade das distintas coortes.

Tendo em vista o exposto, mais o fato de que o palmitreiro, que historicamente foi explorado para obtenção do palmito (creme), passou a ter seus frutos utilizados para a produção de açaí (Mac Fadden, 2005; Bourscheid *et al.*, 2011), uma modalidade de exploração que representa menores riscos à extinção da espécie, parece plausível sugerir estratégias que privilegiem a conservação pelo uso do palmitreiro como prioritárias.

Neste sentido, o estímulo do uso da espécie em sistemas agroflorestais, bem como a coleta sustentável de frutos para a produção de açaí, são alternativas interessantes para aproveitar, conservar e propagar a diversidade genética da espécie existente no Estado. Assim, desde reservas legais até quintais de agricultores podem se tornar áreas de produção de açaí, além de reservatórios de diversidade genética em uso e sob seleção para tal uso.

Estudos como os de Hanazaki *et al.* (2000 e 2010), Mac Fadden (2005) e Milanesi *et al.* (2013) demonstram haver diversos tipos de uso do palmitreiro, e portanto, conhecimento associado à espécie por parte de agricultores locais e quilombolas. Além do mais, especificamente o estudo de Milanesi *et al.* (2013), realizado na microrregião de Rio do Sul – SC, demonstra que os agricultores conhecem práticas de manejo de paisagens e do próprio palmitreiro, mantendo o mesmo nas paisagens ao longo do tempo. Assim, parece plausível que o arcabouço legal deveria privilegiar este tipo de manejo da espécie, e não limita-lo. Hoje o palmitreiro é considerado uma espécie sob risco de extinção (MMA, 2008) e, para tanto, seu uso e manejo sofrem sérias restrições.

Sob esse prisma, as Unidades de Conservação, que foram efetivas em capturar a maior parte da diversidade genética amostrada, tem papel fundamental em diversos aspectos, como na manutenção de “estoques”

de diversidade da espécie sob seleção natural, no auxílio à pesquisa e na extensão do conhecimento aos agricultores e técnicos.

As populações 1027 – Joinville (Microrregião Joinville), 751 – Ilhota (Microrregião Blumenau/Itajaí), 4 – Praia Grande (Microrregião Criciúma/Araranguá), 689 – Ibirama (Microrregião Rio do Sul), 118 – Orleans (Microrregião Tubarão) e 523 – Tijucas (Microrregião Florianópolis/Tijucas) são indicadas como prioritárias para criação de áreas de coleta de sementes, por apresentarem altos índices de diversidade genética e baixos índices de fixação.

Cabe a importante ressalva de que este estudo aborda apenas indicadores de diversidade genética do palmitreiro. Estudos que correlacionem dados de paisagem com características demográficas da espécie, como curvas de distribuição diamétrica, densidades, intensidades de regeneração, dentre outros, certamente poderão dar uma melhor dimensão de como a paisagem influencia a ecologia da espécie. Por exemplo, Mantovani (2004) e Puchalski (2006) encontraram para xaxim e araucária, respectivamente, variáveis ambientais que influenciam na estrutura demográfica das populações dessas espécies.

Conforme já discutido, foram encontrados altos níveis de diversidade genética para os indivíduos adultos de canela preta, fato positivo pensando na conservação da espécie. No entanto, há grandes diferenças entre a diversidade potencial e real da maioria das populações estudadas, evento que culminou em altos índices de fixação para a grande parte das populações.

Ademais, ao contrário do palmitreiro, as populações de indivíduos regenerantes de canela preta não apresentaram reduções expressivas nos índices de fixação, pelo contrário, em termos médios o \hat{f} apresentou um aumento nos regenerantes em comparação às populações de indivíduos adultos. Reitera-se que este é um resultado bastante preocupante, demonstrando uma perda de diversidade no sentido adulto-regenerante, evento que ao longo do tempo pode prejudicar severamente o potencial adaptativo das populações. A canela preta ocorre em densidades menores, conforme já mencionado, e cresce mais lentamente que o palmitreiro. Assim os efeitos de deriva genética podem ser potencializados.

Desta maneira, de acordo com os índices de diversidade genética encontrados, e com suas poucas relações com indicadores de paisagem, pode-se sugerir que, em certa medida, todo e qualquer fragmento é importante para a conservação da diversidade genética da canela preta, especialmente por haverem sido amostrados bons níveis de diversidade

em todos os tipos de fragmentos estudados. O monitoramento continuado da diversidade genética das coortes regenerantes também pode prover informações valiosas para a conservação da espécie, especialmente sobre as flutuações nos índices de diversidade ao longo do tempo, e na identificação de tendências de flutuação.

Ao contrário do palmitreiro, o principal uso da canela preta é madeireiro, fato que culmina com o corte das plantas para possibilitar a exploração. Assim, tendo em vista o lento crescimento da espécie e seu o impacto na economicidade de um sistema de exploração de madeira, e a tendência de aumento no \hat{f} das coortes regenerantes, o uso da espécie em remanescentes florestais fica limitado. O referido uso da espécie é dependente de estudos que avaliem intensidade de regeneração, recrutamento, curvas de crescimento, produção e consumo de frutos pela fauna, impacto do corte seletivo nos índices de diversidade, todos já disponíveis para o palmitreiro.

Assim, estímulos financeiros, como o pagamento por serviços ecossistêmicos podem ser bastante efetivos para possibilitar que agricultores familiares conservem fragmentos de Floresta Ombrófila Densa. O incentivo à criação de Reservas Particulares de Patrimônio Natural é uma alternativa muito interessante para fomentar a conservação de fragmentos da FOD. A população 951 – Corupá, por exemplo, localiza-se em uma RPPN. Também a utilização da espécie em programas de restauração de áreas degradadas pode ser uma alternativa para a expansão das populações.

As populações 1026 – Joinville (Microrregião Joinville), 516 – Apiúna (Microrregião Blumenau/Itajaí), 689 – Ibirama (Microrregião Rio do Sul), 170 – SR de Lima (Microrregião Tubarão), 254 – Santo Amaro (Microrregião Florianópolis/Tijucas) e 421 – Ituporanga (Microrregião Ituporanga) são indicadas como prioritárias para área de coleta de sementes, por apresentarem altos índices de diversidade genética e índices de fixação baixos ou moderados.

Ficou clara uma grande dificuldade na realização do fluxo gênico interno a cada população, fato que culminou em altos índices de fixação nos regenerantes. Assim, estudos sobre a biologia reprodutiva da espécie e estrutura genética espacial são de grande importância para desvendar os mecanismos de distribuição dos genótipos na paisagem e, assim, melhor balizar as estratégias de conservação para a espécie. Além disso, o estudo da fauna presente em cada fragmento também pode dar uma melhor dimensão sobre as limitações de fluxo gênico interno das populações, evidenciadas pelos índices de fixação estimados.

8 CONSIDERAÇÕES FINAIS

As populações de palmitero e canela preta apresentaram altos índices de diversidade genética, bem como índices de fixação. Os níveis de diversidade se mantiveram semelhantes na coorte regenerante de ambas as espécies, entretanto houve uma redução expressiva nos índices de fixação para o palmitero, evento não observado para a canela preta. A divergência interpopulacional entre as populações de ambas as espécies e coortes pode ser considerada baixa e é muito pouco influenciada pela distância geográfica.

As paisagens e manchas avaliadas na Floresta Ombrófila Densa apresentaram grande heterogeneidade, no entanto, em comparação com a Floresta Estacional Decidual, exibiram maiores áreas da classe floresta, menor número de manchas de floresta e menores áreas das classes reflorestamento, pastagem e agricultura.

As relações entre os índices de diversidade genética e os indicadores de paisagem foram poucas, não sendo suficientes para apontar fragmentos ou situações “ideais” para a conservação da diversidade genética das espécies estudadas. Por outro lado, as Unidades de Conservação avaliadas mostraram-se eficientes em capturar a maior parte da variação encontrada para o conjunto das populações de indivíduos adultos de ambas as espécies.

Para estudos futuros, se faz necessária um maior aprofundamento sobre as características das métricas empregadas, visando uma revisão sobre quais podem ser mais efetivas para responder as questões e hipótese formuladas. As restrições nas métricas de classe, realizadas nas análises do item 7.9, proveram PCA mais claros e que possibilitaram interpretações coerentes. Ademais, parece fundamental agregar às análises informações sobre o histórico de uso e exploração das áreas.

Levando-se em consideração o que se conhece sobre a biologia reprodutiva, demografia e os dados sobre diversidade genética obtidos para as duas espécies pelo presente estudo, sugerem-se estratégias que privilegiem a conservação pelo uso para o palmitero como prioritárias. O estímulo à conservação de fragmentos por parte de agricultores, bem como à criação de RPPN e a utilização da espécie em programas de restauração florestal são ações indicadas como prioritárias para a conservação da canela preta.

As duas espécies, estruturantes dos ambientes de Floresta Ombrófila Densa, mostraram resultados semelhantes para algumas questões e divergentes para outras, reforçando o seu potencial efetivo

como modelo de estudos para de conservação da diversidade de recursos genéticos da Mata Atlântica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALFENAS, A.C. (Ed.). 1998. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins**: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos. Viçosa: Editora Universidade Federal de Viçosa.

AMOS, N.; BENNETT, A.; MAC NALLY, R.; NEWELL, G.; PAVLOVA, A.; RADFORD, J.; THOMSON, J.; WHITE, M.; SUNNUCKS, P. 2012. Predicting landscape-genetic consequences of habitat loss, fragmentation and mobility for multiple species of woodland birds, **Public Library of Science** v.7, issue 2, pp. 1-12.

BERG, E. E.; HAMRICK, J. L. 1997. Quantification of genetic diversity at allozyme loci. **Canadian Journal Forest Research**, Ottawa, v. 27, n. 3, p. 415-424.

BITTENCOURT, R. 2007. **Caracterização da estrutura genética interna e aspectos da autoecologia de uma população natural de imbuia (*Ocotea porosa*—Lauraceae)**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

BOURSHEID, K.; SIMINSKI, A.; FANTINI, A.C. & MAC FADDEN, J. 2011. ***Euterpe edulis*** – Palmito - juçara. In: CORADIN, L.; REIS, A.; SIMINSKI, A. 2011. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial**: plantas para o futuro – Região Sul. Brasília: MMA. 934p.

BROTTO, M.L. 2010. Estudo taxonômico do gênero *Ocotea* Aubl. (Lauraceae) na Floresta Ombrófila Densa no estado do Paraná, Brasil. 101 p. **Dissertação de Mestrado**. Pós-Graduação em Botânica. Universidade Federal do Paraná.

CARVALHO, P.E.R. 1994. **Espécies florestais brasileiras**: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira. Colombo: EMBRAPA-CNPQ.

CHUNG, M.Y.; NASON, J.D.; EPPERSON, B.K.; CHUNG, M.G. 2003. Temporal aspects of the fine-scale genetic structure in a population of *Cinnamomum insularimontanum* (Lauraceae). **Heredity** 90:98–106.

- CONTE, R.; NODARI, R.O.; VENCOVSKY R.; REIS, M.S. 2003. Genetic diversity and recruitment of the tropical palm, *Euterpe edulis* Mart., in a natural population from the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity**, v. 91, p. 401–406.
- CONTE, R.; REIS M.S.; MANTOVANI, A.; VENCOVSKY, R. 2008. Genetic structure and mating system of *Euterpe edulis* Mart. populations: a comparative analysis using microsatellite and allozyme markers. **J Hered.** 99(5):476–482.
- CORNUET, J.M. & LUIKART, G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. **Genetics** 144:2001-2014.
- DANIELI-SILVA, A. & VARASSIN, I.G. 2013. Breeding system and thrips (Thysanoptera) pollination in the endangered tree *Ocotea porosa* (Lauraceae): implications for conservation. **Plant Species Biology**, 28: 31–40.
- ELLSTRAND, N.C. & ELAM D.R. 1993. Population genetic consequences of small population size: Implications for plant conservation. **Annu. Rev. Ecol. Syst.** 24 p. 217–242.
- FANTINI, A.C. & GURIES, R.P. 2007. Forest structure and productivity of palmitheiro (*Euterpe edulis* Martius) in the Brazilian Mata Atlântica. **Forest Ecology and Management** 242, 185-194.
- FANTINI, A.C.; REIS, M.S.; SGROTT, E.Z.; REIS, A.; PORTILHO, W.G.; RIBEIRO, R.J. 1993. Demografia de *Euterpe edulis* no vale do rio Ribeira de Iguape-SP. In: 1º Congresso Florestal Panamericano e 7º Congresso Florestal Brasileiro, Curitiba, Brasil, **Anais**.
- GAIOTTO, F. A.; GRATTAPAGLIA, D.; VENCOVSKY, R. 2003. Genetic structure, mating system, and long-distance gene flow in heart of palm (*Euterpe edulis* Mart.) **Journal of Heredity**, v.94, n.5, p. 399-106.
- GALETTI, M. & ALEIXO, A. 1998. Effects of palm heart harvesting on avian frugivores in the Atlantic rain forest of Brazil. **Journal of applied ecology**, v. 35, p. 286-293.

GALETTI, M.; MARTUSCELLI, P.; OLMOS, F.; ALEIXO, A. 1997. Ecology and conservation of the jacutinga (*Pipile jacutinga*) in the Atlantic forest of Brazil. **Biol. Conserv.** 82:31–39.

GALETTI, M.; ZIPPARRO, V.B.; MORELLATO, L.P.C. 1999. Fruiting phenology and frugivory on the palm *Euterpe edulis* in a lowland Atlantic Forest of Brazil. **Ecotropica**, v. 5, n. 1, p. 115-122.

GEOAMBIENTE SENSORIAMENTO REMOTO. 2008. Mapeamento temático geral do Estado de Santa Catarina. Relatório Técnico do Projeto de Proteção da Mata Atlântica em Santa Catarina (PPMA/SC). GEO-RLT-C0715-33608-01.

GHAZOUL, J. 2005. Pollen and seed dispersal among dispersed plants. **Biol. Rev.**, 80, 413–443.

GIBSON, J.P. & WHEELWRIGHT, N.T. 1995. Genetic structure in a population of a tropical tree *Ocotea tenera* (Lauraceae): influence of avian seed dispersal. **Oecologia** 103:49–54

GONZALES, E.; HAMRICK, J.L.; SMOUSE, P.E.; TRAPNELL, D.W.; PEAKALL, R. 2010. The impact of landscape disturbance on spatial genetic structure in the Guanacaste tree, *Enterolobium cyclocarpum* (Fabaceae). **Journal of Heredity**, 101, 133–143.

GOUDET, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3).

GRIVET, D.; SORK, V.L.; WESTFALL, R.D.; DAVIS, F.W. 2008. Conserving the evolutionary potential of California valley oak (*Quercus lobata* Née): a multivariate genetic approach to conservation planning. **Mol Ecol** 17(1):139–156.

HAMRICK, J.L.; GODT, M.J.W. 1989. Allozyme diversity in plant species. In: SOLTIS, D.E.; SOLTIS, P.S. (Ed.) **Isozymes in plant biology**. Portland: Discorides Press, p.43-63.

HANAZAKI, N.; MAZZEO, R.; DUARTE, A.R.; SOUZA, V.C.; RODRIGUES, R.R. 2010. Ecologic salience and agreement on the identification of tree species from Brazilian Atlantic Forest. **Biota Neotropica** 10(1):1-8.

HANAZAKI, N.; TAMASHIRO, J.Y.; LEITÃO-FILHO, H.F.; BEGOSSI, A. 2000. Diversity of plant uses in two Caçara communities from the Atlantic Forest coast, Brazil. **Biodiversity and Conservation** 9:597–615.

HEIBERGER, R.M. 2013. **HH**: Statistical Analysis and Data Display: HEIBERGER AND HOLLAND. R package version 2.3-42. <http://CRAN.R-project.org/package=HH>

HENDERSON, A. 2000. The genus *Euterpe edulis* in Brazil. In: REIS, A. & REIS, M.S. *Euterpe edulis* Martius – **Biologia, conservação e manejo** . p. 1-22.

HOLDEREGGER, R. & WAGNER, H.H. 2008. Landscape genetics. **BioScience**, 58, 199–207.

IBAMA. 1992. Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e Recursos Renováveis. Espécies Ameaçadas de Extinção: Portaria nº 37-N. Brasília.

INOUE, M.T.; RODERJAN, C.V.; KUNIYOSHI, S.Y. 1984. **Projeto Madeira do Paraná**. Curitiba: FUPEF, 260p.

JUMP, A.S. & PEÑUELAS, J. 2006. Genetic effects of chronic habitat fragmentation in a wind-pollinated tree. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, USA, 103, 8096–8100.

KAGEYAMA, P.; GANDARA, F.B.; SOUZA, L.M.I. 1998. Conseqüências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série Técnica IPEF** 12(32): 65-70.

KEYGHOBADI, N.; ROLAND, J.; STROBECK, C. 1999. Influence of landscape on population genetic structure of the alpine butterfly *Parnassius smintheus* (Papilionidae). **Molecular Ecology** 8:1481–1495.

KLEIN, R.M. 1979. **Mapa fitogeográfico do Estado de Santa Catarina**. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues. 24p.

KLEIN, R.M. 1980. Ecologia da flora e vegetação do Vale do Itajaí. **Sellowia**, 30 e 31.

LANG, S.; BLASCHKE, T. 2009. **Análise da paisagem com SIG**. Tradução Hermann Kux. São Paulo: Oficina de Textos, 424 p.

LANG, S.; TIEDE, D. 2003. V-LATE Extension für ArcGIS – vektorbasiertes Tool zur quantitativen Landschaftsstrukturanalyse. **ESRI Anwenderkonferenz**. 2003 Innsbruck. CD-ROM.

LEWIS, P.O & ZAYKIN, D. 2002. **Genetic Data Analysis (GDA)**: Computer program for the analysis of allelic data. Versão 1.0.

LEGENDRE, P & LEGENDRE, L.F.J. 2012. **Numerical ecology**. Oxford: Elsevier.

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

MAC FADDEN, J. 2005. A produção do açaí a partir dos frutos do palmitheiro (*Euterpe edulis* Martius) na Mata Atlântica. **Dissertação de mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas. Universidade Federal de Santa Catarina. 100p.

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

MANTOVANI, A. & MORELLATO, P. 2000. Fenologia da floração, frutificação, mudança foliar e aspectos da biologia floral. In: REIS, A. & REIS, M.S. *Euterpe edulis* Martius – **Biologia, conservação e manejo**. p. 23-38.

MANTOVANI, M. 2004. Caracterização de populações naturais de xaxim (*Dicksonia sellowiana* (Presl.) Hooker), em diferentes condições edafo-climáticas no estado de Santa Catarina. 2004. **Tese de Doutorado**. Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais.

MILANESI, L.S.; PERONI, N & REIS, M.S. 2013. Use of the palm *Euterpe edulis* martius in landscape units managed by migrants of German origin in Southern Brazil. **Journal of ethnobiology and ethnomedicine**, 9(1):1-11.

MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. 2008. **Instrução Normativa nº 06**. Disponível em:

<http://www.mma.gov.br/estruturas/ascom_boletins/_arquivos/83_19092008034949.pdf> Acesso em: 22 de junho de 2012.

MONTAGNA, T. 2011. Diversidade e estrutura genética em 17 populações de *Ocotea catharinensis* Mez (canela-preta) do estado de Santa Catarina: subsídios para a conservação *in situ* da espécie. 58 p. **Relatório de Conclusão de Curso**. Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina.

MONTAGNA, T.; FERREIRA, D.K.; STEINER, F.; FERNANDES, C.D.; BITTENCOURT, R.; SILVA, J.Z.; MANTOVANI, A.; REIS, M.S. 2012a. A importância das unidades de conservação na manutenção da diversidade genética de xaxim (*Dicksonia sellowiana*) no estado de Santa Catarina. **Biodiversidade brasileira**, 2(2): 26-32.

MONTAGNA, T.; FERREIRA, D.K.; STEINER, F.; LOCH, F.A.S.S.; BITTENCOURT, R.; SILVA, J.Z.; MANTOVANI, A.; REIS, M.S. 2012b. A importância das unidades de conservação na manutenção da diversidade genética de araucária (*Araucaria angustifolia*) no estado de Santa Catarina. **Biodiversidade brasileira**. 2(2): 18-25.

MORAES, P.L.R. & DERBYSHIRES, M.T.V.C. 2002. Estrutura genética de populações naturais de *Cryptocarya aschersoniana* Mez. (Lauraceae) através de marcadores isoenzimáticos. **Biota Neotropica** 2:1-19

MORAES, P.L.R. & PAOLI, A.A. 1995. Dispersão e germinação de sementes de *Cryptocarya moschata* Nees & Martius ex Nees, *Ocotea catharinensis* Mez. e *Endlicheria paniculata* (Sprengel) Mac- bride (Lauraceae). **Arq. Biol. Technol.** 38:1119-1129.

MOSCA, E.; ECKERT, A.J.; DI PIERRO, E.A.; ROCCHINI, D.; LA PORTA, N.; BELLETTI, P.; NEALE, D.B. 2012. The geographical and environmental determinants of genetic diversity for four alpine conifers of the European Alps. **Mol Ecol** 21:5530-5545.

MURPHY, M.A.; EVANS, J.S.; STORFER, A. 2010. Quantifying *Bufo boreas* connectivity in Yellowstone National Park with landscape genetics. **Ecology**, 91, 252–261.

NAZARENO, A.G. & CARVALHO, D. 2009. What the reasons for no inbreeding and high genetic diversity of the neotropical fig tree *Ficus arpausa*? **Conserv. Genet.** 10:1789-1793.

NEEL, M.C. & ELLSTRAND, N.C. 2003. Conservation of genetic diversity in the endangered plant *Eriogonum ovalifolium* var. *vineum* (Polygonaceae). **Conservation Genetics** 4:337,352.

NEI, M. 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. **Ann. Hum. Genet.** 41:225-233.

NEI, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics** 89:583-590.

OKSANEN, J.; GUILLAUME, B.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MINCHIN, P.; O'HARA, R.B.; SIMPSON, G.L.; SOLYMOS, P.; HENRY, M.H. & WAGNER, H. 2013. **vegan**: Community Ecology Package. R package version 2.0-8. <http://CRAN.R-project.org/package=vegan>

OLIVEIRA, L.O. & MARTINS, E.R. 2002. A quantitative assessment of genetic erosion in ipecac (*Psychotria ipecacuanha*). **Genetic Resources and Crop Evolution** 49:607-617.

PAQUETTE, S.R. 2012. **PopGenKit**: Useful functions for (batch) file conversion and data resampling in microsatellite datasets. R package version 1.0. <http://CRAN.R-project.org/package=PopGenKit>

PRIMACK, R.B. 2004. **A primer of conservation biology**. 3 ed. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, U.S

PUCHALSKI, A.; MANTOVANI, M.; REIS, M.S. 2006. Variação em populações naturais de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze associada a condições edafo-climáticas. **Scientia Forestalis**, 70:137-148.

R Development Core Team. 2013. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

REIS, A. 1995. Dispersão de sementes de *Euterpe edulis* Martius (Palmae) em uma Floresta Ombrófila Densa Montana da Encosta Atlântica em Blumenau, SC. 154f. **Tese de doutorado**, Universidade Estadual de Campinas.

REIS, A. & REIS, M. S. (Orgs.) 2000. *Euterpe edulis* Martius - (Palmitreiro): Biologia, Conservação e Manejo. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, v. 1. 335p.

REIS, A. & KAGEYAMA, P.Y. 2000. Dispersão de sementes do palmitreiro (*Euterpe edulis* Martius – Palmae). In: REIS, A. & REIS, M.S. ***Euterpe edulis* Martius (Palmitreiro) – Biologia, conservação e manejo**. p. 324-335.

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

REIS, M.S. 1996b. Distribuição e Dinâmica da Variabilidade Genética em Populações naturais de Palmitreiro (*Euterpe edulis* Martius). 210p. **Tese de doutorado**, ESALQ/USP, Piracicaba, SP.

REIS, M.S.; FANTINI, A.C.; NODARI, R.O.; GUERRA, M.P.; REIS, A.; MANTOVANI, A. 2000b. Management and conservation of natural populations in Atlantic rain forest: the case study of palm heart (*Euterpe edulis* Martius). **Biotropica** 32: 894–902.

REIS, M.S.; GUERRA, M.P.; NODARI, R.O.; REIS, A.; RIBEIRO, R.J. 2000a. Distribuição geográfica e situação atual das populações na área de ocorrência de *Euterpe edulis* Martius. In: REIS, A. & REIS, M.S. ***Euterpe edulis* Martius – Biologia, conservação e manejo**. p. 324-335.

REIS, M.S.; GUIMARÃES, E.; OLIVEIRA, G.P. 1993. Estudos preliminares da biologia reprodutiva do palmitreiro (*Euterpe edulis*) em mata residual do Estado de São Paulo. In: **7º Congresso Florestal Brasileiro**. Anais. Curitiba. p. 358-360.

REIS, M.S.; MANTOVANI, A.; SILVA, J.Z.; MARIOT, A.; BITTENCOURT, R.; NAZARENO, A.G.; FERREIRA, D.K.; STEINER, F.; MONTAGNA, T.; LOCH, F.A.A.S.; FERNANDES, C.D.; ALTRAK, G.; FIGUEREDO, L.G.U. Distribuição da diversidade genética e conservação das espécies arbóreas em remanescentes florestais de Santa Catarina. In: VIBRANS, A.C.; SEVEGNANI, L.; GASPER, A.L.; LINGNER, D.V. **Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina** – Diversidade e conservação dos Remanescentes Florestais. Blumenau: Editora da FURB. 2012. 344 p

REITZ, R. 1974. **Palmeiras**. (Flora Ilustrada Catarinense-PALM). Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues. p. 189.

REITZ, R.; KLEIN, R.M.; REIS, A. 1978. Projeto Madeira de Santa Catarina. **Sellowia**, Itajaí, n.28-30, p.3-320.

REITZ, R.; KLEIN, R.M.; REIS, A. 1983. Projeto Madeira do Rio Grande do Sul. **Sellowia**, Itajaí, v. 34/35, n. 34/35, p. 5-483, Anais Botânicos do Herbário Barbosa Rodrigues.

RUSCHEL, A.R.; BERNARD, F.; NODARI, R.O.; MOERSCHBACHER, B.M. 2009. The genetic status of *Sorocea bonplandii* in the highly fragmented forest in southern Brazil. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 82, p. 151-161.

SEOANE, C.E.S.; KAGEYAMA, P.Y.; RIBEIRO, A.; MATIAS, R.; REIS, M.S.; BAWA, K.; SEBBENN, A.M. 2005. Efeitos da fragmentação florestal sobre a imigração de sementes e a estrutura genética temporal de populações de *Euterpe edulis* Mart. **Revista do Instituto Florestal**, 17(1), 23-43.

SILVA, J.Z. & REIS, M.S. 2010. Effects of Different Simulated Management Intensities on The Genetic Diversity of a Heart-of-palm Tree Natural Population (*Euterpe edulis* Martius). **Silvae Genetica**, v. 59, n. 5, p. 201-210.

SILVA, J.Z. 2004. Efeito de diferentes intensidades de manejo simuladas sobre diversidade genética de uma população natural de palmitreiro (*Euterpe edulis* Martius). **Dissertação de mestrado**. 90 p.

Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais.
Universidade Federal de Santa Catarina.

SILVA, J.Z. 2011. Fundamentos da produção e consumo de frutos em populações naturais de *Euterpe edulis* Martius. **Tese de Doutorado**. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina.

SILVA, J.Z.; MONTAGNA, T.; REIS, M.S. (*em preparação*). Dinâmica da regeneração natural em diferentes estádios sucessionais e potencialidades para extração de frutos em populações de *Euterpe edulis*.

SNEATH, P.H.A. & SOKAL, R.R. 1973. **Numerical taxonomy – The principles and practice of numerical classification**. W. H. Freeman, San Francisco. 573 pp.

SPEAR, S.F.; PETERSON, C.R.; MATOCQ, M.D.; STORFER, A. 2005. Landscape genetics of the blotched tiger salamander. **Molecular Ecology**, 14,2553–2564.

STEINER, F. 2014. Diversidade genética e análise da paisagem de espécies arbóreas da floresta estacional decidual. **Dissertação de mestrado**. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina.

STORFER, A.; MURPHY, M.A.; EVANS, J.S.; GOLDBERG, C.S.; ROBINSON, S.; SPEAR, S.F.; DEZZANI, R.; DELMELLE, E.; VIERLING, L.; WAITS, L.P. 2007. Putting the landscape in landscape genetics. **Heredity** 98: 128–142.

STORFER, A.; MURPHY, M.A.; SPEAR, S.F.; HOLDEREGGER, R.; WAITS, L.P. 2010. Landscape genetics: Where are we now? **Molecular Ecology**, 19,3496–3514.

SUZUKI, R & SHIMODAIRA, H. 2011. **pvclust**: Hierarchical Clustering with P-Values via Multiscale Bootstrap Resampling. R package version 1.2-2. <http://CRAN.R-project.org/package=pvclust>

TARAZI, R. 2006. Caracterização da estrutura genética e conservação de populações naturais de canela-preta (*Ocotea catharinensis* Mez) no

estado de Santa Catarina. Florianópolis. 114 f. **Dissertação (Mestrado)** - Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais.

TARAZI, R.; MANTOVANI, A.; REIS, M.S. 2010. Fine-scale spatial genetic structure and allozymic diversity in natural populations of *Ocotea catharinensis* Mez. (Lauraceae). **Conserv. Genet.** 11:965–976.

TRASK, J.S.; GEORGE, D.; HOUGHTON, P.; KANTHASWAMY, S.; SMITH, D.G. 2013. Population and landscape genetics of an introduced species (*M. fascicularis*) on the island of Mauritius. **PLoS one**, 8(1), e53001.

VAN DEN WOLLENBERG, A.L. 1977. Redundancy analysis an alternative for canonical correlation analysis. **Psychometrika**, 42(2):207-219.

VELOSO, H.P. & KLEIN, R.M. 1957. As comunidades e associações vegetais da mata pluvial atlântica do sul do Brasil. I. As associações do município de Brusque, SC. **Sellowia**, v.8, p. 81-235.

VELOSO, H.P. & KLEIN, R.M. 1959. As comunidades e associações vegetais da mata pluvial atlântica do sul do Brasil. II. Dinamismo e fidelidade das espécies em associações do município de Brusque, SC. **Sellowia**, v.10, p. 9-124.

VIBRANS, A.C.; GASPER, A.L.; MÜLLER, J.J.V.; REIS, M.S. Introdução. In: VIBRANS, A.C.; SEVEGNANI, L.; GASPER, A.L.; LINGNER, D.V. **Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina – Diversidade e conservação dos Remanescentes Florestais**. Blumenau: Editora da FURB. 2012. 344 p.

VIBRANS, A.C.; MCROBERTS, R.E.; LINGNER, D.V.; NICOLETTI, A.L.; MOSER, P. 2012. Extensão original e atual da cobertura florestal de Santa Catarina. In: VIBRANS, A.C.; SEVEGNANI, L.; GASPER, A.L.; LINGNER, D.V.; (editores). **Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina – Diversidade e Conservação dos Remanescentes Florestais**. Blumenau: Editora da FURB.

VIBRANS, A.C.; SEVEGNANI, L.; LINGNER, D.V.; DE GASPER, A.L.; SABBAGH, S. 2010. Inventário Florístico Florestal de Santa

Catarina (IFFSC): aspectos metodológicos e operacionais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, 30(64):291-302.

WATTS, P.C.; ROUQUETTE, J.R.; SACCHERI, I.J.; KEMP, S.J.; THOMPSON, D.J. 2004. Molecular and ecological evidence for small-scale isolation by distance in an endangered damselfly, *Coenagrion mercuriale*. **Molecular Ecology**, 13(10), 2931-2945.

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

WRIGHT, S. 1951. The genetical structure of populations. **Annals of Eugenics**, 15: 395-420.

ANEXOS

Anexo 1. Frequências alélicas para 13 locos alozímicos em 20 populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis* do estado de Santa Catarina.

Loco	Al.	População																	Total			
		4	30	51	58	118	143	170	254	352	464	470	516	523	625	640	689	751		996	1027	1072
6PG2	N	53	35	47	42	50	46	51	48	50	45	53	57	48	50	41	54	52	51	40	53	
	1	0,047	0	0,043	0,036	0,08	0,12	0,02	0,042	0,09	0,467	0,047	0,053	0,063	0,02	0,024	0,343	0,096	0,059	0	0,057	0,087
	2	0,726	0,457	0,543	0,405	0,35	0,37	0,333	0,521	0,59	0,178	0,717	0,579	0,656	0,57	0,805	0,204	0,673	0,422	0,375	0,377	0,494
	3	0,113	0,129	0,17	0,119	0,13	0,196	0,578	0,083	0,2	0,244	0,057	0,202	0,073	0,15	0,146	0,204	0,183	0,039	0,075	0,113	0,162
	4	0,113	0,414	0,245	0,44	0,41	0,315	0,069	0,354	0,12	0,111	0,179	0,167	0,208	0,25	0,024	0,231	0,048	0,461	0,525	0,443	0,251
5	0	0	0	0	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0,01	0	0,019	0	0,02	0,025	0,009	0,006	
DIA1	N	53	50	52	53	52	53	48	51	57	53	59	51	56	53	53	53	52	53	53		
	1	0,019	0,02	0	0,009	0	0	0	0	0	0	0	0	0,018	0	0,226	0,075	0	0,142	0,047	0,028	
	2	0,019	0,02	0,087	0,047	0,154	0,048	0,009	0	0	0,061	0	0,144	0	0,036	0	0,028	0,019	0,154	0,019	0,019	0,044
	3	0,962	0,96	0,913	0,943	0,846	0,923	0,991	1	1	0,939	1	0,856	1	0,946	1	0,745	0,906	0,846	0,84	0,934	0,927
DIA2	N	53	52	52	53	53	52	53	48	51	57	53	59	51	56	53	54	53	52	53	53	
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
G6PD	N	53	52	52	53	53	52	53	48	51	57	53	59	51	56	53	54	53	52	53	53	
	1	0,83	1	0,913	1	0,981	0,981	0,981	0,917	0,98	0,991	0,972	0,983	0,961	0,964	0,972	0,935	0,953	1	1	0,962	0,964
	2	0,17	0	0,087	0	0,019	0,019	0,019	0,083	0,02	0,009	0,028	0,017	0,039	0,036	0,028	0,065	0,047	0	0	0,038	0,036
IDH1	N	53	52	52	53	53	52	53	48	51	57	53	59	51	56	53	54	53	52	53	53	
	1	0	0	0	0	0	0	0	0,031	0	0	0	0	0	0	0,009	0	0	0	0	0,002	
	2	1	1	1	1	1	1	1	0,969	1	1	1	1	1	1	0,991	1	1	1	1	0,998	
MDH1	N	53	44	52	51	53	52	52	47	51	56	53	60	50	56	53	54	52	51	52	53	
	1	0,236	0,216	0,077	0,069	0,066	0,115	0,077	0,096	0,157	0,036	0,085	0,083	0,06	0,134	0,094	0,102	0,058	0,118	0,144	0,311	0,116
	2	0,047	0,091	0,029	0,049	0,132	0,096	0,029	0,17	0,02	0,009	0,028	0,042	0,06	0,25	0,094	0,046	0,067	0,029	0,058	0,019	0,068
	3	0,623	0,659	0,894	0,794	0,764	0,731	0,779	0,702	0,824	0,804	0,887	0,767	0,81	0,527	0,802	0,778	0,644	0,804	0,779	0,66	0,752
4	0,094	0,034	0	0,088	0,038	0,058	0,115	0,032	0	0,152	0	0,108	0,07	0,089	0,009	0,074	0,231	0,049	0,019	0,009	0,065	
MDH2	N	53	52	52	53	53	52	53	48	51	57	53	60	51	56	53	54	53	52	53	53	
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
NADH	N	53	52	52	53	53	52	53	48	51	57	53	60	51	56	53	54	53	52	53	53	
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
PGI1	N	53	43	52	48	53	51	52	48	50	57	53	59	51	55	51	54	53	52	53	53	
	1	0,575	0,779	0,442	0,667	0,462	0,598	0,587	0,656	0,4	0,421	0,311	0,364	0,51	0,427	0,147	0,361	0,509	0,567	0,585	0,491	0,488
	2	0,425	0,221	0,558	0,333	0,528	0,392	0,413	0,344	0,58	0,57	0,67	0,602	0,48	0,545	0,755	0,593	0,491	0,413	0,415	0,509	0,497
3	0	0	0	0	0,009	0,01	0	0	0,02	0,009	0,019	0,034	0,01	0,027	0,098	0,046	0	0,019	0	0	0,015	

Anexo 2. Frequências alélicas para 13 locos alozímicos em nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis* do estado de Santa Catarina.

Loco	AL	População									Total
		4	51	143	254	625	640	689	996	1072	
6PG2	N	48	50	52	39	49	40	52	49	50	
	1	0,094	0,04	0,077	0,077	0,02	0,075	0,558	0,02	0,07	0,119
	2	0,417	0,6	0,51	0,615	0,52	0,35	0,115	0,592	0,48	0,464
	3	0,323	0,09	0,192	0,051	0,041	0,363	0,067	0,071	0,06	0,136
	4	0,167	0,27	0,221	0,256	0,316	0,163	0,24	0,306	0,39	0,261
	5	0	0	0	0	0,102	0,05	0,019	0,01	0	0,02
DIA1	N	51	50	52	52	51	52	49	50		
	1	0	0,02	0,029	0	0,019	0,108	0,154	0,163	0,05	0,06
	2	0	0	0	0	0,01	0	0	0	0	0,001
	3	1	0,98	0,971	1	0,971	0,892	0,846	0,837	0,95	0,939
DIA2	N	51	50	52	52	51	52	51	51		
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
G6PD	N	51	50	50	37	52	51	52	50	51	
	1	0,912	0,74	0,99	1	0,952	0,971	0,913	0,93	0,99	0,931
IDH1	N	51	50	52	52	52	52	51	51		
	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
MDHI	N	51	50	50	34	51	51	52	51	51	
	1	0,157	0,07	0,12	0,132	0,245	0,108	0,067	0,108	0,255	0,141
	2	0,01	0	0	0,029	0,059	0,049	0,048	0,029	0	0,025
	3	0,794	0,91	0,88	0,838	0,657	0,775	0,885	0,863	0,745	0,815
MDH2	N	51	50	52	35	52	51	52	51	51	
	1	1	1	1	1	1	0,931	1	1	1	0,992
NADH	N	51	50	52	52	52	52	52	51	51	
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
PGI1	N	51	50	52	42	52	51	52	51	51	
	1	0,422	0,53	0,683	0,702	0,548	0,284	0,279	0,569	0,412	0,488
	2	0,578	0,47	0,288	0,298	0,433	0,657	0,673	0,382	0,588	0,489
PGMI	N	51	50	50	31	52	51	52	51	51	
	1	0,02	0	0	0	0,087	0,01	0,01	0	0	0,015
	2	0,598	0,7	0,61	0,452	0,452	0,657	0,481	0,608	0,647	0,583
	3	0,147	0,12	0,21	0,242	0,048	0,108	0,106	0,137	0,127	0,133
PRX1	N	51	49	52	50	52	50	52	51	51	
	1	0,01	0,143	0,048	0,03	0,01	0,03	0,029	0,01	0,01	0,035
	2	0,873	0,765	0,923	0,94	0,875	0,72	0,779	0,804	0,843	0,836
PRX4	N	51	50	52	52	52	52	51	51		
	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	2	1	1	1	1	1	1	0,99	1	1	0,999
SKDH	N	47	48	51	52	52	43	52	45	50	
	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	2	0,862	0,646	0,873	0,904	0,933	0,86	0,885	0,6	0,71	0,811
	3	0,138	0,354	0,127	0,096	0,067	0,14	0,115	0,4	0,29	0,189

Anexo 5. Métricas de classe palmeiro estimadas para 20 unidades amostrais de *Euterpe edulis* no estado de Santa Catarina.

UA	NumP	CA	MPS	PSSD	ED	TE	MPE	MSI	MPAR	MPFD	DIVISION	SPLIT	MESH	Proximity	NCA	TCCA	CAI
4	25	2478,1	99,1	448,1	28,2	141777	5671,1	1,9	287,6	1,3	14,2	1,2	21252286	2141,4	16	65350,6	0,3
30	22	1396,2	63,5	172,1	16,5	82898,8	3768,1	1,6	230,2	1,3	62	2,6	5302003	382,4	20	2406548	17,2
51	58	932,4	16,1	19,5	29,7	149354,7	2575,1	1,8	218,1	1,3	95,7	23,5	397397,2	83,5	102	2860495	30,7
58	11	3294	299,5	930,3	35,3	177106,9	16100,6	2,1	248,1	1,3	3,2	1	31895162	6569,4	6	54052,9	0,2
118	31	2092	67,5	205,4	43,7	219533	7081,7	2,2	216,6	1,3	66,9	3	6928403	1476,2	41	572849,3	2,7
143	25	2073,9	83	228,5	45,9	230731,4	9229,3	2,6	3484,3	1,4	65,7	2,9	7121829	995,4	61	1854026	8,9
170	17	2546,5	149,8	279	41,2	206979,2	12175,2	2,4	160,7	1,3	73,7	3,8	6694328	7386,8	57	15786878	62
254	2	4388,2	2194,1	2188,1	18,6	93651	46825,5	2,6	105,9	1,3	0,3	1	43763144	4991,7	14	39240845	89,4
352	11	3571,4	324,7	986,6	28,4	143000,5	13000	1,9	304,4	1,3	7	1,1	33224446	7227,5	21	28832657	80,7
464	12	3038,7	253,2	808,5	41,2	206934,5	17244,5	2,2	211,4	1,3	6,7	1,1	28348151	15621,7	9	54386,2	0,2
470	9	3211,7	356,9	998,8	29,7	149129,1	16569,9	2,1	369,5	1,3	1,8	1	31526403	6371,5	34	25002125	77,9
516	16	2841,7	177,6	645	39,4	197859,2	12366,2	2	199,1	1,3	11,3	1,1	25199491	6270,9	12	254033,3	0,9
523	9	3493	388,1	727,1	27	135498,3	15055,4	2,3	153,9	1,3	49,9	2	17503649	2478,1	34	28493060	81,6
625	24	2527	105,3	351,5	34,9	175297,7	7304,1	2	447,7	1,3	49,4	2	12788561	10588,9	23	515044,1	2
640	21	863	41,1	86	14	70588	3361,3	1,6	370,2	1,3	74,4	3,9	2209427	111,6	33	5549142	64,3
689	1	4679,2	4679,2	0	14,4	72367,7	72367,7	3	15,5	1,3	0	1	46791634	0	1	50426,2	2,3
751	4	4034,7	1008,7	1734,3	27,8	139567,8	34891,9	2,5	151,4	1,3	1,1	1	39907052	15371,7	16	33619339	83,3
996	21	2206,4	105,1	292,7	29	145506,6	6928,9	1,8	173,8	1,3	58,3	2,4	9207247	1359,5	50	15399015	69,8
1027	18	3694,7	205,3	813,9	27	135718	7539,9	1,7	224,8	1,3	7,1	1,1	34327215	10241,6	30	30586110	82,8
1072	14	3787,5	270,5	791,8	20,1	101216,4	7229,7	1,8	328,9	1,3	31,7	1,5	25876754	8936,9	27	33155084	87,5
Média	17,6	2857,5	544,4	635,4	29,6	148735,8	15864,3	2,1	395,1	1,3	34	2,9	21513229	5430,3	30,4	13217573	42,2
S	12,2	1040,9	1061,9	550,7	9,4	47183,5	16660,9	0,3	715,3	0	31,2	4,8	14187289	4786,2	22,9	14167395	36,9

UA	NumP2	CA2	MPS2	PSSD2	ED2	TE2	MPE2	MSI2	MPAR2	MPFD2	DIVISION	SPLIT2	MESH2	Proximity2
4	9	63,2	7	4,7	2,4	12190,2	1354,5	1,5	231	1,3	84	6,3	101102,7	1,7
30	6	61,4	10,2	3,4	2,2	11052,5	1842,1	1,6	193,9	1,3	81,5	5,4	113446,4	3,2
51	15	119,3	8	4,3	4,4	21859,6	1457,3	1,5	206,3	1,3	91,4	11,7	102447,9	3
58	34	385,4	11,3	12,6	11,4	57231	1683,3	1,5	191,1	1,3	93,4	15,2	254187,6	20,4
118	58	740,5	12,8	14,9	21,6	108611,6	1872,6	1,6	207,4	1,3	95,9	24,5	302004,7	20,7
143	35	272,1	7,8	7,7	10,2	51452,8	1470,1	1,5	258	1,3	94,4	17,8	153287,8	7,6
170	40	562,6	14,1	18,2	14,4	72525,8	1813,1	1,5	183,9	1,3	93,3	14,9	377116,3	8,6
254	1	4,3	4,3	0	0,2	949,9	949,9	1,3	221,1	1,3	0	1	42963,6	0
352	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
464	24	206,6	8,6	10,6	8,1	40594,8	1691,5	1,7	357	1,3	89,6	9,6	215444,7	12
470	7	116,8	16,7	11	3,3	16777	2396,7	1,7	178,1	1,3	79,5	4,9	239765,6	0,6
516	30	838,8	28	99,8	14,3	71671,4	2389	1,5	199,9	1,3	54,2	2,2	3841644	68
523	15	133,1	8,9	6,4	4,1	20814,4	1387,6	1,3	176,3	1,3	89,9	9,9	134527,2	4,7
625	28	383,7	13,7	18,4	9,5	47860	1709,3	1,4	205,3	1,3	90	10	383423,3	7,4
640	1	2,6	2,6	0	0,1	745,8	745,8	1,3	290,2	1,3	0	1	25701,6	0
689	13	96,9	7,5	3,9	3,4	17145	1318,8	1,4	208,3	1,3	90,2	10,2	95199,9	7,6
751	24	246,1	10,3	12,5	6,8	34084,9	1420,2	1,3	193,7	1,3	89,7	9,7	254153,3	16,3
996	6	226	37,7	29,8	4,7	23601,3	3933,6	1,9	140,2	1,3	72,9	3,7	611841,8	157,5
1027	3	24,5	8,2	4,5	0,8	3964	1321,3	1,3	168,8	1,3	56,7	2,3	106136,8	2,9
1072	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Média	17,5	224,2	10,9	13,1	6,1	30656,6	1537,8	1,3	190,5	1,2	67,3	8	367719,7	17,1
S	15,7	239,9	8,6	21,2	5,8	28940,7	819,6	0,5	78,1	0,4	35,4	6,4	810548,6	35,5

UA	NumP3	CA3	MPS3	PSSD3	ED3	TE3	MPE3	MSI3	MPAR3	MPFD3	DIVISION	SPLIT3	MESH3	Proximity3
4	58	1200,5	20,7	35,4	36,3	182224,6	3141,8	1,9	223	1,3	93,2	14,8	812731,6	254,8
30	17	163,2	9,6	9	5,6	27949,1	1644,1	1,6	333,1	1,3	89	9,1	180071,3	15,1
51	26	2279,5	87,7	292,9	50,4	253020,1	9731,5	2,3	213,6	1,3	53,2	2,1	10661689	106208,8
58	41	1182,5	28,8	87,1	29,4	147765,3	3604	1,8	268,8	1,3	75,3	4,1	2916195	437
118	54	1865,1	34,5	58	42,6	214189,3	3966,5	1,9	323	1,3	92,9	14,2	1318467	594,6
143	57	1588,7	27,9	78,2	42	211137,8	3704,2	1,8	205,1	1,3	84,4	6,4	2473747	463,5
170	47	1749,5	37,2	69,7	38,1	191379,5	4071,9	1,8	214,2	1,3	90,4	10,4	1677600	198,7
254	28	452,6	16,2	22,2	13,2	66578,5	2377,8	1,7	396,8	1,3	89,7	9,7	466112,9	25,8
352	47	1221,4	26	75,2	29	145908,9	3104,4	1,8	284	1,3	80	5	2438333	137,8
464	57	1187,4	20,8	25,5	34,1	171487	3008,5	1,9	272,9	1,3	95,6	22,8	520519,2	119,7
470	45	1054,1	23,4	40,8	29,8	149833,2	3329,6	2	1120,2	1,3	91,1	11,2	943433,2	771,2
516	48	1065,8	22,2	46	28,7	143947,3	2998,9	1,7	206,6	1,3	89	9,1	1173589	30
523	23	1173,4	51	75,1	24,7	124371	5407,4	2	254,4	1,3	86,2	7,3	1616744	259,9
625	40	1685	42,1	86,5	35,2	176516,7	4412,9	1,9	314,2	1,3	87	7,7	2199119	633,4
640	38	1485,2	39,1	106,9	31,3	157533,6	4145,6	1,9	191,9	1,3	77,7	4,5	3313452	332,5
689	16	177,4	11,1	10,3	7,5	37752,2	2359,5	1,9	241,5	1,3	88,4	8,6	205940,2	56
751	42	647	15,4	14,6	21,1	105933	2522,2	1,8	192,4	1,3	95,5	22,1	292540,6	52,9
996	31	705,3	22,8	44,1	16,9	85040	2743,2	1,7	248,8	1,3	84,7	6,5	1082959	81,1
1027	28	778,3	27,8	50	19	95363,8	3405,8	1,8	231,9	1,3	84,9	6,6	1178468	165,7
1072	18	215	11,9	13,7	7,2	36263,7	2014,7	1,6	212,9	1,3	87,2	7,8	276148,2	27,9
Média	38,1	1093,8	28,8	62,1	27,1	136209,7	3584,7	1,8	297,5	1,3	85,8	9,5	1787393	5543,3
S	13,5	573,2	17,2	60	12,3	61600,8	1654,2	0,1	195,9	0	9,1	5,3	2230933	23095,3

UA	NumP4	CA4	MPS4	PSSD4	ED4	TE4	MPE4	MSI4	MPAR4	MPFD4	DIVISION	SPLIT4	MESH4	Proximity4
4	15	1077,4	71,8	230,6	17,8	89369,9	5958	1,8	197	1,3	24,6	1,3	8124143	459,1
30	9	3291,4	365,7	719	21,6	108263,1	12029,2	2	116,7	1,3	45,9	1,9	17793219	8895,6
51	59	1291,7	21,9	61,9	29,7	148993,5	2525,3	1,6	211,6	1,3	84,7	6,6	1970852	169,3
58	8	78,9	9,9	9,7	3,2	16022,7	2002,8	1,8	276,2	1,3	75,4	4,1	194529,5	9,2
118	27	303,5	11,2	17	10,2	51248,2	1898,1	1,7	264,6	1,3	87,9	8,2	368133,3	17,3
143	86	1070,3	12,4	15,2	35,1	176440,9	2051,6	1,7	252	1,3	97,1	34,5	310327,2	79,2
170	19	93,5	4,9	3,1	3,7	18644,2	981,3	1,3	324,7	1,3	92,6	13,6	68909,1	1,9
254	7	122,6	17,5	19,1	2,8	14086,5	2012,4	1,4	156,5	1,3	68,8	3,2	382902,1	24,8
352	2	36,6	18,3	17,6	1,1	5764,9	2882,5	1,9	326,1	1,3	3,8	1	352198,6	1,2
464	39	553,6	14,2	21,3	16	80329	2059,7	1,6	363,2	1,3	91,7	12	460116,3	69,4
470	12	118,3	9,9	10,4	3,7	18382,3	1531,9	1,5	197,5	1,3	82,4	5,7	208566,9	0,7
516	27	272,1	10,1	8,3	9,3	46752,2	1731,6	1,5	227,5	1,3	93,8	16,1	169033,2	26,3
523	5	226,8	45,4	56,8	5,3	26754,2	5350,8	2,3	264,4	1,3	48,6	2	1164801	18,9
625	31	353,7	11,4	12,3	10,6	53351,8	1721	1,6	648,8	1,3	93	14,3	247037,4	70,4
640	16	1287	80,4	104,2	14,3	71793,5	4487,1	1,6	205,4	1,3	65,8	2,9	4578536	729,1
689	3	17,7	5,9	5	0,7	3686,3	1228,8	1,5	324,6	1,3	43,2	1,8	100576,4	2,2
751	11	76	6,9	6,3	2,9	14332,5	1303	1,5	417,3	1,3	83,4	6	126113,6	1,2
996	8	1789,1	223,6	409,9	18,5	92914,8	11614,3	2	121,1	1,3	45,5	1,8	9747630	78,4
1027	13	364,1	28	44,3	7,1	35766,2	2751,2	1,6	249,7	1,3	73,1	3,7	979932,7	5,1
1072	15	570,5	38	62,5	9,9	49966	3331,1	1,6	167,3	1,3	75,4	4,1	1406198	626,9
Média	20,6	649,7	50,4	91,7	11,2	56143,1	3472,6	1,7	265,6	1,3	68,8	7,2	2437688	564,3
S	20,2	786,8	86,9	172,6	9,3	46787,1	3071	0,2	116,7	0	25	7,7	4409239	1922,9

Anexo 6. Métricas de classe palmitreiro estimadas para 17 unidades amostrais de *Ocotea catharineisis* no estado de Santa Catarina.

UA	NumP	CA	MPS	PSSD	ED	TE	MPE	MSI	MPAR	MPFD	DIVISION	SPLIT	MESH	Proximity	NCA	TCCA	CAI
119	25	2073,9	83	228,5	45,9	230731,4	9229,3	2,6	3484,3	1,4	65,7	2,9	7121829	995,4	78	4253657	20,5
170	17	2546,5	149,8	279	41,2	206979,2	12175,2	2,4	160,7	1,3	73,7	3,8	6694328	7386,8	57	15786878	62
194	5	3567,1	713,4	1412,9	30	150817,5	30163,5	2,6	194,3	1,3	1,6	1	35115378	8423,1	18	28502387	79,9
254	2	4388,2	2194,1	2188,1	18,6	93651	46825,5	2,6	105,9	1,3	0,3	1	43763144	4991,7	14	39240845	89,4
377	15	2681,2	178,7	628,9	41,9	210354,2	14023,6	2,2	254,3	1,3	10,8	1,1	23914726	5425,5	13	200899,7	0,8
378	51	2013,3	39,5	151,6	44,5	223621,4	4384,7	2	211	1,3	69,1	3,2	6218382	517,7	48	762564	3,8
386	6	3963,4	660,6	1467,7	31,8	159935,8	26656	2,3	206,7	1,3	1,1	1	39215828	12969,6	7	36917,3	0,1
421	34	2126,3	62,5	307,1	39,9	200597,1	5899,9	1,7	218,8	1,3	26,2	1,4	15701331	666,3	23	251166	1,2
464	12	3038,7	253,2	808,5	41,2	206934,5	17244,5	2,2	211,4	1,3	6,7	1,1	28348151	0	9	54386,2	0,2
516	16	2841,7	177,6	645	39,4	197859,2	12366,2	2	199,1	1,3	11,3	1,1	25199491	6270,9	12	254033,3	0,9
578	1	4762,3	4762,3	0	9,6	48348,6	48348,6	2	10,2	1,2	0	1	47622687	0	1	53326,6	50,2
625	24	2527	105,3	351,5	34,9	175297,7	7304,1	2	447,7	1,3	49,4	2	12788561	10588,9	23	515044,1	2
689	1	4679,2	4679,2	0	14,4	72367,7	72367,7	3	15,5	1,3	0	1	46791634	0	1	50426,2	2,3
751	4	4034,7	1008,7	1734,3	27,8	139567,8	34891,9	2,5	151,4	1,3	1,1	1	39907052	15371,7	16	33619339	83,3
951	5	3318,9	663,8	1291,6	19,3	97036,4	19407,3	2,2	129,5	1,3	4,3	1	31771940	8981,2	5	209822,5	0,6
1026	1	4990	4990	0	6	30190,3	30190,3	1,2	6,1	1,2	0	1	49899762	0	1	48398180	97
1027	18	3694,7	205,3	813,9	27	135718	7539,9	1,7	224,8	1,3	7,1	1,1	34327215	10241,6	29	30586365	82,8
Média	13,9	3367,5	1231	724	30,2	151765,2	23471,7	2,2	366,6	1,3	19,3	1,5	29082438	5460,6	20,9	11928014	33,9
S	13,3	957,1	1734,5	650,8	12,3	61650,2	18104,6	0,4	786,1	0	26,2	0,9	14532647	4947,7	20,8	16467560	38,2

UA	NumP2	CA2	MPS2	PSSD2	ED2	TE2	MPE2	MSI2	MPAR2	MPFD2	DIVISION	SPLIT2	MESH2	Proximity2
119	35	272,1	7,8	7,7	10,2	51452,8	1470,1	1,5	258	1,3	94,4	17,8	153287,8	7,6
170	40	562,6	14,1	18,2	14,4	72525,8	1813,1	1,5	183,9	1,3	93,3	14,9	377116,3	8,6
194	35	732,1	20,9	23,8	17,8	89292,6	2551,2	1,6	179,8	1,3	93,4	15,2	480513,6	5,9
254	1	4,3	4,3	0	0,2	949,9	949,9	1,3	221,1	1,3	0	1	42963,6	0
377	17	956,6	56,3	124,1	16,6	83495,9	4911,5	1,8	182,6	1,3	65,5	2,9	3301751	75,4
378	17	103,8	6,1	3,9	4,3	21828,3	1284	1,5	233,4	1,3	91,8	12,1	85556,5	4,8
386	25	335,3	13,4	14,7	9,4	47315,5	1892,6	1,6	237,9	1,3	91,2	11,4	294640,1	14,2
421	13	238,7	18,4	23,7	4,9	24573,2	1890,2	1,4	247,1	1,3	79,5	4,9	488675,5	5,6
464	24	206,6	8,6	10,6	8,1	40594,8	1691,5	1,7	357	1,3	89,6	9,6	215444,7	12
516	30	838,8	28	99,8	14,3	71671,4	2389	1,5	199,9	1,3	54,2	2,2	3841644	68
578	2	5,8	2,9	2,6	0,4	1970	985	1,8	699,6	1,4	8	1,1	53176	0
625	28	383,7	13,7	18,4	9,5	47860	1709,3	1,4	205,3	1,3	90	10	383423,3	7,4
689	13	96,9	7,5	3,9	3,4	17145	1318,8	1,4	208,3	1,3	90,2	10,2	95199,9	7,6
751	24	246,1	10,3	12,5	6,8	34084,9	1420,2	1,3	193,7	1,3	89,7	9,7	254153,3	16,3
951	3	1172,5	390,8	546,1	10,9	54962,7	18320,9	2,4	185,2	1,3	1,6	1	11538055	1,5
1026	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	40	1,7	214199,9	0
1027	3	24,5	8,2	4,5	0,8	3964	1321,3	1,3	168,8	1,3	56,7	2,3	106136,8	2,9
Média	18,2	363,5	35,9	53,8	7,8	39040,4	2701,1	1,5	233	1,2	66,4	7,5	1289761	17,1
S	12,8	352,6	89,6	127,6	5,7	28525,5	4024,7	0,5	134,3	0,3	33,3	5,5	2781935	23,9

UA	NumP3	CA3	MPS3	PSSD3	ED3	TE3	MPE3	MSI3	MPAR3	MPFD3	DIVISION	SPLIT3	MESH3	Proximity3
119	57	1588,7	27,9	78,2	42	211137,8	3704,2	1,8	205,1	1,3	84,4	6,4	2473747	463,5
170	47	1749,5	37,2	69,7	38,1	191379,5	4071,9	1,8	214,2	1,3	90,4	10,4	1677600	198,7
194	41	697,6	17	20,1	18,9	94802,9	2312,3	1,6	266,9	1,3	94,2	17,1	407656,1	64,8
254	28	452,6	16,2	22,2	13,2	66578,5	2377,8	1,7	396,8	1,3	89,7	9,7	466112,9	25,8
377	42	1023	24,4	36,2	28,2	141413,4	3367	1,8	297,2	1,3	92,4	13,1	780524	135,9
378	48	975,6	20,3	25,4	30,6	153723,7	3202,6	2	245,2	1,3	94,7	18,7	520961,6	95,5
386	42	502,2	12	16,7	19,5	97861,3	2330	1,9	253,3	1,3	93	14,2	353178,5	88,7
421	65	843,6	13	14,1	27,3	137085,8	2109	1,7	82500,6	1,3	96,6	29,7	283962,8	50,5
464	57	1187,4	20,8	25,5	34,1	171487	3008,5	1,9	272,9	1,3	95,6	22,8	520519,2	119,7
516	48	1065,8	22,2	46	28,7	143947,3	2998,9	1,7	206,6	1,3	89	9,1	1173589	30
578	6	226,1	37,7	75,4	4,6	23013,3	3835,5	1,7	988,6	1,4	16,5	1,2	1887432	5,6
625	40	1685	42,1	86,5	35,2	176516,7	4412,9	1,9	314,2	1,3	87	7,7	2199119	633,4
689	16	177,4	11,1	10,3	7,5	37752,2	2359,5	1,9	241,5	1,3	88,4	8,6	205940,2	56
751	42	647	15,4	14,6	21,1	105933	2522,2	1,8	192,4	1,3	95,5	22,1	292540,6	52,9
951	5	42,4	8,5	4,8	1,6	8237,7	1647,5	1,6	236,4	1,3	73,7	3,8	111589,5	0,1
1026	3	35,7	11,9	10,6	1,2	5932,4	1977,5	1,6	206	1,3	12,3	15,3	203561,5	13
1027	28	778,3	27,8	50	19	95363,8	3405,8	1,8	231,9	1,3	84,9	6,6	1178468	165,7
Média	36,2	804,6	21,5	35,7	21,8	109539,2	2920,2	1,8	5133,5	1,3	81,1	12,7	866853	129,4
S	18,4	527,4	9,8	26,1	12,4	62452	774,1	0,1	19342,6	0	24,9	7,3	737494,1	164,9

UA	NumP4	CA4	MPS4	PSSD4	ED4	TE4	MPE4	MSI4	MPAR4	MPFD4	DIVISION	SPLIT4	MESH4	Proximity4
119	86	1070,3	12,4	15,2	35,1	176440,9	2051,6	1,7	252	1,3	97,1	34,5	310327,2	79,2
170	19	93,5	4,9	3,1	3,7	18644,2	981,3	1,3	324,7	1,3	92,6	13,6	68909,1	1,9
194	7	27,8	4	1	1,4	7233,7	1033,4	1,5	265,6	1,3	84,9	6,6	42029,2	0,4
254	7	122,6	17,5	19,1	2,8	14086,5	2012,4	1,4	156,5	1,3	68,8	3,2	382902,1	24,8
377	23	343,9	15	18,3	10,6	53222,2	2314	1,7	500,6	1,3	89,2	9,2	373175,7	15,3
378	60	1850	30,8	62	44,7	224574,8	3742,9	1,8	236,6	1,3	91,6	11,9	1554076	567,8
386	16	109,7	6,9	6,5	4,1	20416,1	1276	1,4	301,7	1,3	88,1	8,4	130988	16,1
421	35	1792,8	51,2	160,6	31,5	158082,8	4516,7	1,9	199,1	1,3	69,1	3,2	5544383	423,3
464	39	553,6	14,2	21,3	16	80329	2059,7	1,6	363,2	1,3	91,7	12	460116,3	69,4
516	27	272,1	10,1	8,3	9,3	46752,2	1731,6	1,5	227,5	1,3	93,8	16,1	169033,2	26,3
578	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
625	31	353,7	11,4	12,3	10,6	53351,8	1721	1,6	648,8	1,3	93	14,3	247037,4	70,4
689	3	17,7	5,9	5	0,7	3686,3	1228,8	1,5	324,6	1,3	43,2	1,8	100576,4	2,2
751	11	76	6,9	6,3	2,9	14332,5	1303	1,5	417,3	1,3	83,4	6	126113,6	1,2
951	4	468,9	117,2	97,2	6,2	30963,6	7740,9	1,9	82,8	1,3	57,8	2,4	1978703	38,6
1026	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1027	13	364,1	28	44,3	7,1	35766,2	2751,2	1,6	249,7	1,3	73,1	3,7	979932,7	5,1
Média	22,4	442,2	19,8	28,3	11	55169,6	2145	1,4	267,7	1,2	71,6	8,6	733429,5	78,9
S	22,3	567,6	27,4	41,4	13	65350,9	1788,3	0,5	160,2	0,4	29,7	8,2	1319969	156,3

Anexo 7. Sumário da RDA para as nove populações de indivíduos adultos de *Euterpe edulis*.

Inércia					
	Inertia	Proportion			
Total	8	1			
Constrained	3,316	0,4144			
Unconstrained	4,684	0,5856			
Representatividade dos eixos					
	RDA1	RDA2	RDA3	RDA4	RDA5
Eigenvalue	2,0066	0,9194	0,24346	0,14273	0,003257
Proportion Explained	0,2508	0,1149	0,03043	0,01784	0,00041
Cumulative Proportion	0,2508	0,3658	0,39619	0,41403	0,41444
Teste Global					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Model	5	3,3155	0,4247	999	0,957
Residual	3	4,6845			
Teste por Eixo					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
RDA1	1	2,0066	1,2851	999	0,335
RDA2	1	0,9194	0,5888	999	0,603
RDA3	1	0,2435	0,1559	999	0,908
RDA4	1	0,1427	0,0914	999	0,983
RDA5	1	0,0033	0,0021	999	1
Residual	3	4,6845			
Teste por variável explicativa					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Area	1	0,8967	0,5743	999	0,661
Shape_Idx	1	0,3228	0,2067	999	0,931
NNDist	1	0,896	0,5738	999	0,67
PXfg	1	0,6901	0,4419	999	0,752
Paratio	1	0,5099	0,3266	999	0,836
Residual	3	4,6845			

Anexo 8. Sumário da RDA para as nove populações de indivíduos regenerantes de *Euterpe edulis*.

Inércia					
	Inertia	Proportion			
Total	8	1			
Constrained	4,336	0,542			
Unconstrained	3,664	0,458			
Representatividade dos eixos					
	RDA1	RDA2	RDA3	RDA4	RDA5
Eigenvalue	1,9854	1,3407	0,63456	0,27421	0,10143
Proportion Explained	0,2482	0,1676	0,07932	0,03428	0,01268
Cumulative Proportion	0,2482	0,4158	0,49509	0,52937	0,54205
Teste Global					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Model	5	4,3364	0,7102	999	0,752
Residual	3	3,6636			
Teste por Eixo					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
RDA1	1	1,9854	1,6258	999	0,256
RDA2	1	1,3407	1,0979	999	0,417
RDA3	1	0,6346	0,5196	999	0,624
RDA4	1	0,2742	0,2245	999	0,881
RDA5	1	0,1014	0,0831	999	0,966
Residual	3	3,6636			
Teste por variável explicativa					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Area	1	0,9401	0,7698	999	0,576
Shape_Idx	1	0,8212	0,6725	999	0,634
NNDist	1	1,0793	0,8838	999	0,507
PXfg	1	0,7197	0,5894	999	0,679
Paratio	1	0,776	0,6355	999	0,662
Residual	3	3,6636			

Anexo 9. Sumário da RDA para as sete populações de indivíduos adultos de *Ocotea catharinensis*.

Inércia					
	Inertia	Proportion			
Total	8	1			
Constrained	5,955	0,7444			
Unconstrained	2,045	0,2556			
Representatividade dos eixos					
	RDA1	RDA2	RDA3	RDA4	
Eigenvalue	3,728	1,3605	0,6776	0,1891	
Proportion Explained	0,466	0,1701	0,0847	0,02364	
Cumulative Proportion	0,466	0,636	0,7207	0,74437	
Teste Global					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Model	4	5,9549	1,4559	999	0,381
Residual	2	2,0451			
Teste por Eixo					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
RDA1	1	3,7278	3,6456	999	0,168
RDA2	1	1,3605	1,3305	999	0,368
RDA3	1	0,6776	0,6627	999	0,603
RDA4	1	0,1891	0,1849	999	0,873
Residual	2	2,0451			
Teste por variável explicativa					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Area	1	1,3109	1,282	999	0,366
Shape_Idx	1	1,6136	1,578	999	0,271
NNDist	1	1,5992	1,564	999	0,279
PXfg	1	1,4313	1,3997	999	0,323
Residual	2	2,045			

Anexo 10. Sumário da RDA para as sete populações de indivíduos regenerantes de *Ocotea catharinensis*.

Inércia					
	Inertia	Proportion			
Total	8	1			
Constrained	6,096	0,762			
Unconstrained	1,904	0,238			
Representatividade dos eixos					
	RDA1	RDA2	RDA3	RDA4	
Eigenvalue	3,8225	2,0548	0,21173	0,007377	
Proportion Explained	0,4778	0,2569	0,02647	0,00092	
Cumulative Proportion	0,4778	0,7347	0,76113	0,76205	
Teste Global					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Model	4	6,0964	1,6013	999	0,298
Residual	2	1,9036			
Teste por Eixo					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
RDA1	1	3,8225	4,0161	999	0,149
RDA2	1	2,0548	2,1588	999	0,199
RDA3	1	0,2117	0,2224	999	0,869
RDA4	1	0,0074	0,0078	999	0,995
Residual	2	1,9036			
Teste por variável explicativa					
	Df	Var	F	N,Perm	Pr(>F)
Area	1	1,2311	1,2934	999	0,38
Shape_Idx	1	3,3234	3,4916	999	0,079
NNDist	1	0,4131	0,434	999	0,717
PXfg	1	1,1289	1,186	999	0,423
Residual	2	1,9036			