

PESQUISAS

BOTÂNICA, N° 74

Ano 2020

LEGUMINOSAS ARBÓREAS EM FLORESTA ESTACIONAL SEMIDECIDUAL DE TABULEIROS COSTEIROS DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO, BRASIL

Elenice Aparecida Fortes, Marcelo Trindade Nascimento & Haroldo Cavalcante de Lima

FLORA DO RIO DE JANEIRO: MYRCIA SECT. EUGENIOPSIS (MYRTACEAE)

Thiago Fernandes, Matheus F. Santos & Adriana Q. Lobão

FITOGEOGRAFIA DAS ESPÉCIES DE ALTERNANTHERA FORSSK. (AMARANTHACEAE) NO RIO GRANDE DO SUL

Maria Salete Marchioretto & Giulia Frias dos Santos

ESTRUTURA ARBÓREA DE UM FRAGMENTO DE FLORESTA ESTACIONAL DECIDUAL NA REGIÃO FISIOGRAFICA MISSÕES, RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Suzana dos S. de Souza, Rodrigo F. Ramos, Nestor Bremm, Patrícia B. Garcia, Neli Grzybowski, Tiago S. Ferrera, Tatiane Chassot & Mardiore Pinheiro

CHARACTERIZING URBAN FOREST REMNANTS IN GUARULHOS COUNTY/SP

Rosana Cornelsen Duarte, Fernanda Dall'ara Azevedo, Patricia Bulbovas & Edna Ferreira Rosini

FENOLOGIA DE *Ilex paraguariensis* A.ST.-HIL. DE OCORRÊNCIA NATURAL NO SUL DO BRASIL

Jaçanan Eloisa de Freitas Milani, Geisfa Percio do Prado, Edmilson Bianchini, Thiago Wendling Gonçalves de Oliveira & Manuela Gazzoni dos Passos

ASPECTOS DA BIOLOGIA FLORAL DE *Verbesina macrophylla* (CASS.) S.F.BLAKE (HELIANTHEAE CASS.: ASTERACEAE)

Itajilanda do Nascimento Santana & Gracineide Selma Santos de Almeida

NÍVEIS DE HERCOGAMIA FLORAL EM *Amasonia obovata* GLEASON (LAMIACEAE) EM TRÊS POPULAÇÕES NATURAIS OCORRENTES NO ESTADO DE MATO GROSSO

Jeison Lisboa Santos

Vasconcellea quercifolia A.St.-Hil. (CARICACEAE) GERMINATION UNDER GIBBERELLIC ACID INFLUENCE

Carla Roberta Orlandi, Julia Gastmann, Mara Cíntia Winhelmann, Zabelita Fardin Foharini, Fernanda Bruxel, Claudimar Sidnei Fior & Elisete Maria de Freitas

ECOLOGICAL AND REPRODUCTIVE ASPECTS OF *Syngonanthus caulescens* RUHLAND (ERIOCAULACEAE) IN SÃO FRANCISCO DE ASSIS, RIO GRANDE DO SUL STATE, BRAZIL

Andressa Palharini Machado, Mara Lisiane Tissot-Squalli, Agatha do Canto Shubeita, Maicon da Silva Schreiber & Juliana Fachinetto

IMPORTÂNCIA DA CONSERVAÇÃO IN SITU DE *Copaifera langsdorffii* DESF. EM REMANESCENTES DE CERRADO, COM BASE EM PARÂMETROS DE ESTRUTURA E DIVERSIDADE GENÉTICA

Renata Gabriela Villegas de Castro e Souza, Lia Maris Orth Ritter Antiqueira & Paulo Yoshio Kageyama

SINOPSE DO GÊNERO DICRANELLA (MÜLL. HAL.) SCHIMP. (DICRANELLACEAE, BRYOPHYTA) PARA O BRASIL COM LECTOTIPIFICAÇÕES E CITAÇÕES DE NOVAS OCORRÊNCIAS

Dimas Marchi do Carmo & Denilson Fernandes Peralta

BRIÓFITAS DO PARQUE ESTADUAL DO FORNO GRANDE, ESPÍRITO SANTO - MATA ATLÂNTICA, BRASIL

Allan Laid Alkimim Faria, Daiane Valente Valente, Amanda Leal da Silva, Marcos João da Cunha, Eduardo Toledo de Amorim & Denilson Fernandes Peralta

BRIOFLORES ASSOCIADA A ARROIO RURAL NO MUNICÍPIO DE MORRO REDONDO, RIO GRANDE DO SUL, BRASIL, COM NOVAS OCORRÊNCIAS PARA O PAMPA

Elisa Teixeira Aires, Marinês Garcia & Juçara Bordin

BRIÓFITAS DE UM FRAGMENTO DE FLORESTA OMBRÓFILA DENSE, FAZENDA PATIOBA, ALAGOINHAS, BAHIA, BRASIL

Milena Evangelista & Gracineide Selma Santos de Almeida

FIRST REPORT OF *Entocybe haastii* (ENTOLOMATACEAE, AGARICOMYCETES) FROM BRAZIL

Fernando Augusto Bertazzo da Silva, Lilian Pedroso Maggio & Jair Putzke

OBSERVAÇÃO DE PLANTAS NA NATUREZA - UMA NOVA OPORTUNIDADE DE TURISMO ECOLÓGICO

Francielle Paulina de Araújo, Pamela Boelter Herrmann, Juçara Bordin & Felipe Gonzatti

PARÁBOLA FITOANTRÓPICA DAS MUDANÇAS TAXONÔMICAS

Josafá Carlos de Siqueira SJ.

COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE LIQUÊNICA NA ÁREA DA NASCENTE DO RIO DOS SINOS, CARAÁ, RS, BRASIL

Márcia Isabel Käffer, Vanessa Piasa, Daniela Dalke Weber, Jessica Fonseca de Araújo & Suzana Maria de Azevedo Martins

FITOPLÂNCTON DO PARQUE AQUÍCOLA PONTE PENSA, RESERVATÓRIO DE ILHA SOLTEIRA, SP

Edna Ferreira Rosini & Andréa Tucci

INSTITUTO ANCHIETANO DE PESQUISAS - UNISINOS

Av. Unisinos, 950 - Bloco B05 108 - Bairro Cristo Rei
93022-000 - São Leopoldo, RS – Brasil - Caixa Postal 275
www.anchietano.unisinos.br anchietano@unisinos.br

PESQUISAS

PUBLICAÇÕES DE PERMUTA INTERNACIONAL

Editor: Pedro Ignácio Schmitz, S.J.

Editor Assistente: Maria Salete Marchioretto

Comissão Editorial

Josafá Carlos de Siqueira, S.J.
Pedro Ignácio Schmitz, S.J.
Carlos Alberto Jahn, S.J.
Maria Salete Marchioretto
Marcus Vinícius Beber

Conselho Editorial

Luis Fernando Medeiros Rodrigues, S.J.
Maria Gabriela Martin Ávila
Ana Luiza Vietti Bitencourt
Jairo Henrique Rogge
Paulo Günter Windisch

Conselho Científico de Botânica

Andrea Pereira Luiz Ponzo (UFJF)
Augusto Santiago (UFPE)
Denilson Fernandes Peralta (IB-SP)
Jorge Luiz Waechter (UFRGS)
Jairo Lizandro Schmitt (FEEVALE)
Liliana Essi (UFSM)

Mara Rejane Ritter (UFRGS)
Maria de Lourdes A. de Oliveira (FZP-RS)
Pia Parolin (MAX-PLANK INSTITUTE)
Rafaela Campostrini Forzza (JB-RJ)
Regina Helena P. Andreato (USU-RJ)
Rogério Ribeiro de Oliveira (PUC-RJ)

PESQUISAS publica trabalhos de investigação científica e documentos inéditos em línguas de uso corrente na ciência.

Os autores são os únicos responsáveis pelas opiniões emitidas nos trabalhos assinados.

A publicação de colaborações espontâneas depende da Comissão Editorial.

Pesquisas aparece em 2 secções independentes: Antropologia e Botânica.

PESQUISAS publishes original scientific contributions in current western languages.

The author is response for his (her) undersigned contribution.

Publication of contributions not specially requested depends upon the redactorial staff.

Pesquisas is divided into 2 independent series: Anthropology and Botany.

Pesquisas / Instituto Anchietano de Pesquisas. - (2020). São Leopoldo :
Unisinos, 2020

440 p. (Botânica, nº 74)

ISSN: 2525-7412

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca da
Universidade do Vale do Rio dos Sinos

IMPORTÂNCIA DA CONSERVAÇÃO *IN SITU* DE *Copaifera langsdorffii* Desf. EM REMANESCENTES DE CERRADO, COM BASE EM PARÂMETROS DE ESTRUTURA E DIVERSIDADE GENÉTICA

Renata Gabriela Villegas de Castro e Souza¹

Lia Maris Orth Ritter Antikeira²

Paulo Yoshio Kageyama³

Recebido 26.02.2020; aceito 16.03.2020.

ABSTRACT

This study compares the genetic diversity and gene flow of *Copaifera langsdorffii* Desf. (Caesalpinoideae) in Cerrado areas of São Paulo, Brazil, using literature data and analysis at eight microsatellite loci. Data from 400 individuals in four populations were analyzed, two in Conservation Units (CUs) and two in Rural Private Properties (RPPs). Our hypothesis was that small isolated fragments within RPPs worked as genetic connectors among CUs, acting as springboards to maintain gene flow between areas. All four populations showed high genetic diversity. However, the RPPs had a larger number of exclusive alleles, effective alleles, larger effective sample size and lower inbreeding values, indicating that they urgently need management plans to conserve these unique alleles that can allow adaptive advantages for Cerrado populations. All populations presented weak but significant genetic spatial structure around a 15-20 m distance. The estimation of effective population size suggests that both CUs and RPPs have a minimum viable area for in situ conservation. The lowest gene flow occurs within CUs (0.824), revealing the importance of RPPs as ecological connectors or springboards. The reported results illustrate the conservation value of Cerrado fragments located on private properties, thus ensuring the maintenance of connectivity and gene flow between conservation areas.

Keywords: Copaiba. Conservation Units. Gene flow. Microsatellites.

RESUMO

Este estudo compara a diversidade genética e o fluxo gênico de *Copaifera langsdorffii* Desf. (Caesalpinoideae) em áreas de Cerrado, no Estado de São Paulo (SP), utilizando dados de literatura e análises realizadas com oito locos microssatélites. Foram analisados dados de 400 indivíduos em quatro populações, sendo duas em Unidades de Conservação (UC) e duas em Propriedades Particulares Rurais (PPR). A hipótese para o estudo foi de que os pequenos fragmentos isolados dentro das PPR funcionassem como conectores genéticos das UC, atuando como trampolins para manter o fluxo gênico entre as áreas. As quatro populações apresentaram elevada diversidade genética. Contudo, as PPR tiveram um número maior de alelos exclusivos, alelos efetivos, maior tamanho efetivo amostral e menores valores de endogamia, indicando que necessitam urgentemente de planos de manejo para conservar esses alelos exclusivos, os quais

1 Mestre em Ciências – Conservação de Ecossistemas Florestais pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. renatagvcs@yahoo.com.br

2 Doutora em Ciências - Conservação de Ecossistemas Florestais pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Docente da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. liaantikeira@utfpr.edu.br

3 *In memoriam*. Docente da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz

podem conferir vantagens adaptativas às populações do Cerrado. Todas as populações apresentaram fraca estrutura genética espacial, porém significativa por volta de 15-20 m de distância. A estimativa do tamanho efetivo das populações sugere que tanto as UC quanto as PPR têm área mínima viável para a conservação *in situ*. O menor valor de fluxo gênico observado foi entre as UC (0,824), revelando a importância dos fragmentos de PPR como conectores ou trampolins ecológicos. Os resultados obtidos ilustram a importância da conservação de fragmentos de Cerrado localizados nas propriedades particulares rurais, garantindo assim a manutenção da conectividade e do fluxo gênico entre as Unidades de Conservação.

Palavras-chave: Copaíba. Unidades de Conservação. Fluxo gênico. Microssatélites.

INTRODUÇÃO

O Cerrado brasileiro é um *hotspot* prioritário para conservação (Mittermeier al. 2005). Embora já tenha ocupado mais de 2 milhões de quilômetros quadrados do território brasileiro, devido à expansão das fronteiras agrícolas estima-se que atualmente mantenha menos de 50% de sua área original (Klink & Machado 2005; Brasil 2006, 2010; Machado et al. 2004). Desses remanescentes, menos de 4% encontram-se em Unidades de Conservação.

As Unidades de Conservação (UC) são áreas legalmente instituídas pelo poder público brasileiro, reguladas por legislação pertinente em categorias de proteção integral ou de uso sustentável em forma de parques, florestas, reservas biológicas, refúgios de vida silvestre, dentre outras denominações. Tratam-se de espaços territoriais, incluindo seus recursos ambientais, com características naturais relevantes, que têm a função de assegurar a representatividade de amostras significativas e ecologicamente viáveis das diferentes populações, habitats e ecossistemas do território nacional e das águas jurisdicionais, preservando o patrimônio biológico existente (Brasil 2006, 2010).

A fragmentação de habitats tem alterado a dinâmica populacional de muitas espécies vegetais do Cerrado (Durigan, 2003). O isolamento de populações em pequenos fragmentos reduz o número de indivíduos produtivos, a densidade populacional e pode afetar processos genéticos causando a restrição do fluxo gênico e consequentemente o aumento da endogamia (Young & Boyle, 2000). A endogamia pode conduzir à fixação de alelos deletérios e à redução da adaptabilidade das espécies (Collevatti et al. 1999; Young et al. 1996).

Estudos de estrutura e diversidade genética de populações são fundamentais para identificar as consequências da redução da diversidade genética em populações naturais e propor estratégias de conservação.

O fluxo gênico via pólen e sementes é um dos fatores mais importantes que influencia a estrutura genética de espécies arbóreas (Sork & Smouse, 2006). Estudos com microssatélites (marcadores altamente polimórficos) têm mostrado que o pólen pode mover-se a diversificadas distâncias entre plantas e que o fluxo de genes dentro de populações é muitas vezes alto (Bitencourt & Sebbenn 2007; Isagi et al. 2007; Carvalho et al. 2010; Gonela et al. 2013). Desta forma, fragmentos de Cerrado podem conter populações que atuem como importantes corredores de conexão de fluxo genético entre populações maiores, como por exemplo as de UC.

Copaifera langsdorffii Desf (Caesalpinioideae), conhecida popularmente com copaíba, é uma espécie arbórea tropical, hermafrodita, polinizada por abelhas *Apis mellifera*, *Trigona*, sp e outros insetos (Oliveira et al. 2002a; Carvalho, 2003). Seu sistema de reprodução é misto, porém Sebbenn et al. (2011) observaram a ocorrência de

autofecundação. Possui crescimento lento, alcançando até 40 m de altura, 100 cm de diâmetro e pode viver até 400 anos (Carvalho, 2003).

Esta espécie distribui-se amplamente pelo Brasil, principalmente na Amazônia, Cerrado e Mata Atlântica (Queiroz & Silva, 2013). No entanto, atualmente no estado de São Paulo, com exceção das UC, sua ocorrência se limita a pequenos fragmentos isolados por culturas agrícolas e pecuária intensiva (Carvalho et al. 2010).

Neste estudo, foi comparada a estrutura, diversidade genética e fluxo gênico de *C. langsdorffii* em fragmentos de Propriedades Particulares Rurais (PPR) e em UC, considerando-se as seguintes questões: (i) a diversidade genética em fragmentos de PPR assemelha-se à das UC (ii) o fluxo gênico entre os fragmentos é suficiente para contrapor os efeitos da deriva genética? (iii) as PPR podem atuar como conectores genéticos para as UC, mantendo os níveis de fluxo gênico adequados?

MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho analisou dados obtidos em quatro áreas, sendo duas em PPR localizadas nos municípios de Assis e Brotas e duas em UC (Estação Ecológica de Assis e Estação Experimental de Itirapina), localizadas nos municípios de Assis e Itirapina, SP (Tabela 1).

Tabela 1. Características das áreas de estudo em Assis, Brotas e Itirapina, SP.

Local	Latitude	Longitude	Área total	Área coleta*
AssisPPR	22° 33'19"	50°15'52"	83	3
AssisUC	22° 37'41"	50°21'27"	1.760	0,9
BrotasPPR	22° 22'18"	48°01'24"	400	1.6
ItirapinaUC	22°14' 35"	47°49'42"	170	2.3

Organização dos autores, 2019.

*em hectares.

A distância das áreas de estudo em Assis é de aproximadamente 13 km entre si, enquanto as áreas de Brotas e Itirapina estão distantes cerca de 24 km. Todos os locais possuem fisionomia de Cerrado *sensu strictu* e Cerradão, de acordo com a classificação de Ribeiro e Walter (1998).

Os dados das três áreas (AssisUC, Brotas e Itirapina) foram extraídos de Antikeira et al (2014), acrescidos de uma população que foi analisada recentemente para realizar a comparação entre as UC e PPR.

Para realizar as análises em AssisPPR, foram coletadas amostras foliares de 100 indivíduos de *C. langsdorffii* acima de 5 cm de diâmetro à altura do peito (DAP). A extração do DNA genômico total das amostras foi realizada seguindo o protocolo de Doyle e Doyle (1990) modificado por Ferreira e Grattapaglia (1998).

Após a quantificação de DNA, as amostras foram diluídas em água MiliQ a 3ng/μl. Foram utilizados oito pares de iniciadores SSR específicos para *C. langsdorffii* desenvolvidos por Ciampi et al. (2000).

Os fragmentos de DNA foram amplificados e segregados em gel desnaturante de poliacrilamida a 5%, em eletroforese de uma hora e trinta minutos em tampão TBE 1X em cuba vertical. Os fragmentos foram observados na forma de bandas, após coloração com nitrato de prata (Creste et al., 2001). O tamanho dos alelos foi determinado por comparação com um marcador de peso molecular padrão (10 pb "ladder" - Invitrogen®). Os fragmentos amplificados de diferentes tamanhos foram considerados alelos diferentes.

Os protocolos de coleta, preparação e extração de DNA seguiram os mesmos adotados por Antiqueira et al (2014) em seu estudo, visando padronizar as análises, assim como os softwares e análises de dados, conforme resumido a seguir.

A diversidade genética e parâmetros associados, foi estimada pelo software Spagedi (Hardy & Vekemans, 2002). A significância dos testes foi obtida através de 10.000 permutações sobre os locos ao nível de 5% de probabilidade, utilizando correção de Bonferroni. A comparação das médias dos parâmetros entre as populações estudadas foi calculada com um intervalo de confiança a 95% a partir do erro padrão utilizando o método Jackknife sobre locos.

O teste de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg foi verificado pelo teste exato de Fisher através do programa Cervus 3.0 (Kalinowski et al. 2007). Este software também foi utilizado para verificar a presença de clones e analisar a estrutura genética espacial das populações (Loiselle et al, 1995).

O tamanho efetivo populacional foi calculado por meio do software Bottleneck (Piry et al., 1999). A área mínima viável para conservação genética *in situ* foi estimada em função do tamanho efetivo de referência proposto por Lynch (1996). As divergências genéticas com a estatística F foram calculadas através do software FSTAT (Goudet, 2001). O fluxo gênico aparente entre populações foi estimado conforme Crow e Aoki (1984).

RESULTADOS

Após a obtenção de resultados laboratoriais da população AssisPPR, estes foram analisados e comparados com os dados de literatura obtidos por Antiqueira et al. (2014) e as análises foram realizadas para as quatro populações juntas, conforme relatado a seguir.

O número de alelos (A) foi moderadamente igual nas quatro populações analisadas. Por sua vez, o número efetivo de alelos (Ae) foi praticamente a metade de A em todas as populações. Isso indica que, apesar dos locos serem altamente polimórficos, há muitos alelos em baixa frequência.

Há presença de alelos exclusivos nas quatro populações de *C. langsdorffii*, sendo que as PPR apresentam maior número deles (8 em Assis e 21 em Brotas) em relação às UC (3 em Assis e 8 em Itirapina), conforme Tabela 2.

As estimativas médias de heterozigosidade esperada (He) foram superiores às estimativas de médias de heterozigosidade observada (Ho) nas quatro populações. A diversidade gênica (Ho) nas UC foi menor do que nas PPR. Porém, a estimativa média de He na UC de Assis foi menor do que a da PPR. Nas áreas de estudo de Brotas e Itirapina, as estimativas médias de He não diferiram significativamente.

Nenhuma das populações aderiu às proporções esperadas pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg na maioria dos locos analisados. As UC apresentaram, em média, índices de fixação mais altos e significativos (0,236 em Assis e 0,283 em Itirapina) do que as PPR (0,150 em Assis e 0,198 em Brotas) (Tabela 2).

Não foi detectada a presença de clones em nenhuma das populações, descartando a possibilidade de reprodução vegetativa entre os indivíduos.

Quanto ao tamanho efetivo populacional, não foram detectadas reduções recentes (Tabela 3). O Modelo de Passos de Mutação (SMM) e Modelo de Duas Fases (TPM) convergiram, praticamente, para inexistência de gargalos genéticos.

No modelo TPM, todas as populações apresentaram a mesma proporção de locos com excesso e déficit de heterozigosidade ($E/D = 4/4$). Porém no modelo SMM, a população da EEA, além de diferir na proporção de locos em excesso e déficit de

heterozigiosidade ($E/D = 1/7$), apresentou redução recente no tamanho populacional ($P1 = 0,027$).

As análises de estrutura genética espacial (Figura 1) indicaram a formação de estrutura familiar por volta de 15 m de distância na UC de Assis e na PPR de Brotas, onde os indivíduos tendem a ser mais aparentados entre si. Nas classes de distância acima de 15 m houve uma disposição aleatória dos genótipos (Figura 1 b; c). Na população da PPR, em Assis, foi detectada estrutura genética espacial até 20 m de distância e uma zona de panmixia nas classes de distância superiores (Figura 1 a). Já para a UC em Itirapina, a estrutura genética espacial foi significativa a uma distância de até aproximadamente 60 m (Figura 1 d).

Tabela 2. Descrição dos locos de SSR das populações de Assis, Brotas e Itirapina, SP. A= número alelos; Ae= número efetivo de alelos; Aex = número de alelos exclusivos; Ho= heterozigiosidade observada; He = heterozigiosidade esperada; HW= Equilíbrio de Hardy-Weinberg; ** = significativo a 0,05; *** = significativo a 0,01; NC= não calculado; NS= não significativo; f= índice de fixação; IC95%+- = intervalo de confiança a 95% de probabilidade usando 10.000 reamostragens “bootstrap” sobre locos.

Áreas de estudo em Assis SP

	PPR		UC		PPR		UC		PPR		UC		PPR		UC		PPR		UC	
Loco	A		Ae		A _{ex}		Ho		He		HW		f							
1	10	11	3,8	5,5	-	-	0,710	0,660	0,735	0,818	NS	NS	0,034	0,193						
2	12	14	5,7	9,9	-	-	0,670	0,745	0,825	0,899	NS	NC	0,189	0,171						
6	16	16	10	9,3	1	-	0,920	0,768	0,901	0,892	NC	NC	-0,02	0,140						
20	14	16	9,5	7,9	1	-	0,806	0,638	0,895	0,873	NC	**	0,099	0,269						
27	12	11	8	5,0	2	1	0,485	0,375	0,873	0,802	NC	***	0,446	0,533						
32	17	18	8,8	11	2	2	0,798	0,845	0,886	0,909	NS	NC	0,100	0,070						
34	17	12	10	5,2	2	-	0,816	0,786	0,901	0,807	NC	NS	0,095	0,026						
39	14	15	6,8	8,9	-	-	0,636	0,458	0,852	0,888	**	NC	0,254	0,484						
Média	14	14,2	7,9	7,8	1,6	1,5	0,730	0,659	0,859	0,861	-	-	0,150	0,236						
IC95%+-	0,903	0,310	0,273	0,280	-	-	0,016	0,02	0,007	0,006	-	-	0,019	0,024						

Áreas de estudo em Brotas e Itirapina SP

	PPR		UC		PPR		UC		PPR		UC		PPR		UC		PPR		UC	
Loco	A		Ae		A _{ex}		Ho		He		Hw		f							
1	14	12	8,3	7,3	2	1	0,790	0,800	0,880	0,863	NS	NS	0,102	0,073						
2	14	15	9	8,8	4	1	0,758	0,630	0,890	0,886	NC	NC	0,148	0,290						
6	16	11	9,5	7,5	-	-	0,719	0,455	0,895	0,864	NC	NC	0,196	0,475						
20	18	18	7,7	8,3	-	3	0,677	0,697	0,871	0,878	**	NC	0,222	0,207						
27	7	7	1,7	4,9	1	-	0,419	0,450	0,824	0,795	***	**	0,419	0,435						
32	18	20	9,2	10	4	2	0,757	0,531	0,891	0,898	NC	NC	0,150	0,410						
34	16	10	7,3	4,5	3	1	0,730	0,677	0,864	0,778	NS	NS	0,155	0,131						
39	23	13	15	6,5	7	-	0,744	0,639	0,935	0,844	NC	NS	0,204	0,244						
Média	15,7	14	8,5	7,2	-	-	0,699	0,610	0,881	0,852	-	-	0,198	0,283						
IC95%+-	0,545	0,903	0,443	0,295	3,7	2	0,013	0,018	0,003	0,006	-	-	0,012	0,018						

Fonte: Antikeira et al (2014) e dados dos autores

Tabela 3. Teste de Wilcoxon considerando Two-phase Model (TPM) e Stepwise Mutation Model (SMM) onde: E/D= locos em excesso/déficit de heterozigiosidade; P= probabilidade de ocorrência de bottleneck para cada população. ¹Probabilidade a 95% de confiança no teste unicaudal para excesso de heterozigiosidade; ** = significativo a 99%.

População	TPM		SMM	
	E/D	P ¹	E/D	P ¹
EEA	4/4	0,641	1/7	0,027 **
PPRA	4/4	1,000	3/5	0,195

EEI	4/4	0,945	3/5	0,195
PPRB	4/4	1,000	3/5	0,222

Fonte: Antikeira et al (2014) e dados dos autores

As populações estudadas possuem baixa representatividade genética. A diferença entre o tamanho efetivo (N_e) e o tamanho amostral (N) está relacionada ao valor do índice de fixação. Baseando-se no tamanho efetivo de referência ($N_{e(ref)} = 50, 500$ e 1000) e considerando o coeficiente de coancestria, de acordo com Sebbenn e Seoane (2005), a área mínima viável para conservação genética *in situ* das populações estudadas variou de 2,7 a 162 hectares (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas da área mínima viável para conservação genética *in situ* para as PPR de Assis e Brotas e UC de Assis e Itirapina. Onde: N = tamanho amostral; N_e =tamanho efetivo populacional; AMV50= área necessária para reter $N_{e(ref)} = 50$; AMV500= área necessária para reter $N_{e(ref)} = 500$; AMV1000= área necessária para reter $N_{e(ref)} = 1000$

	PPR	UC	PPR	UC	PPR	UC	PPR	UC	PPR	UC
	N		N_e		AMV ₅₀		AMV ₅₀₀		AMV ₁₀₀₀	
Assis/Assis	100	100	19,2	16,4	7,8	2,7	78	27,3	156	54,7
Brotas/Itirapina	100	100	18,4	14,3	3,8	8,1	38	81	76	162

Fonte: Antikeira et al (2014) e dados dos autores

Os valores de divergência genética estimados (θ_p , Gst' e Rst) apresentaram diferenças significativas entre as populações. Enquanto os valores de θ_p e Rst foram próximos, (indicando uma baixa diferenciação genética nas populações) a estatística Gst' obteve valores mais elevados.

As diferenças nos resultados obtidos para as três estimativas ocorrem devido ao modelo mutacional utilizado no cálculo. O índice θ_p se baseia no modelo de alelos infinitos e Rst utiliza o modelo de mutação aos passos. Já o modelo Gst' considera além das frequências alélicas no modelo de alelos infinitos, os diferentes tipos de alelos existentes nas populações. Este resultado evidenciou que aproximadamente 56-60% da divergência genética nas áreas de estudo encontra-se dentro das populações (Tabela 5).

O parâmetro N_m que indica o fluxo gênico aparente ou realizado resultou no valor de aproximadamente 0,987 para as áreas de Brotas e Itirapina e 1,000 para as áreas de Assis. O menor fluxo encontrado foi entre as UC (0,824).

Tabela 5. Divergência genética e fluxo gênico realizado entre as populações naturais de *C. langsdorffii* nas populações UC Assis, PPR Assis, UC Itirapina e PPR Brotas, SP. θ_p = índice de divergência genética entre populações; Rst = índice de divergência genética de Goodman (1997); Gst' = índice de divergência genética de Hedrick (2005); N_m = número de migrantes por geração; IC95% = intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Populações	θ_p (IC95%)	Rst (IC95%)	Gst' (IC95%)	N_m
UC Assis x PPR Assis	0,059 (+0,003)	0,059 (+0,013)	0,399 (+0,016)	1,000
UC Itirapina x PPR Brotas	0,060 (+0,003)	0,163 (+0,014)	0,432 (+0,024)	0,987
UC Assis x UC Itirapina	0,071 (+0,007)	0,107 (+0,029)	0,477 (+0,033)	0,824

Fonte: Antikeira et al (2014) e dados dos autores

DISCUSSÃO

Os valores de diversidade genética nas quatro populações foram elevados, indicando que tanto as populações localizadas nas UC quanto nas PPR apresentam um

grande potencial para a conservação genética *in situ* e podem ser utilizadas como fonte de material genético para a conservação *ex situ*.

Hamrick e Murawski (1991) compararam a diversidade genética em espécies arbóreas tropicais comuns e raras e verificaram a tendência de que espécies comuns apresentem maiores níveis de diversidade em relação às espécies raras. No caso de *C. langsdorffii*, sua ampla distribuição geográfica, a alta densidade populacional, o ciclo de vida longo e o sistema de reprodução com predominância de cruzamentos entre indivíduos diferentes, são características que explicam sua alta diversidade genética intrapopulacional (Leimu et al. 2006), verificada em outros estudos com a espécie (Ciampi & Grattapaglia, 2001; Oliveira et al. 2002b; Pinto et al. 2004; Martins et al. 2008; Carvalho et al. 2010; Sebbenn et al. 2010).

As áreas de PPR apresentaram tamanho efetivo amostral e alelos efetivos em número maior do que as UC. A presença de alelos exclusivos também foi maior nas PPR (29 alelos de um total de 42). Estes números evidenciam o comprometimento das populações com a perda de diversidade genética, através da deriva genética.

Tanto a riqueza alélica quanto a presença de alelos raros ou exclusivos em populações naturais de espécies arbóreas são importantes na tomada de decisões conservacionistas (Kalinowski, 2004), pois a porcentagem da perda de alelos é o melhor indicativo para evidenciar a perda de variabilidade genética em populações oriundas de fragmentação (Barret & Kohn, 1991). Em algumas populações, a presença de alelos exclusivos pode ser indicativo de fluxo gênico restrito, levando ao aumento da divergência genética (Seoane et al. 2000).

Desse modo, apesar de ter sido detectada uma alta diversidade genética nestas populações, a deriva genética pode estar atuando e as frequências genotípicas estejam se afastando dos valores da população original, podendo levar à perda alelos (Young et al. 1996).

A maioria dos locos SSR analisados, nas quatro populações, possui déficit de heterozigotos e não adere às proporções de Equilíbrio de Hardy-Weinberg. Esse déficit pode ser gerado por endogamia através da autofecundação e cruzamentos entre parentes, estruturação genética da população ou efeito *bottleneck*, porém não foram detectadas reduções recentes no tamanho efetivo populacional.

Os valores do índice de fixação foram mais altos e significativos nas UC do que nas PPR. De maneira geral os índices variaram de 0,150 (PPR Assis) à 0,283 (UC Itirapina) e se assemelham aos valores encontrados por Carvalho et al. (2010) em populações de *C. langsdorffii* em fragmentos florestais no estado de São Paulo (0,191 para adultos e 0,119 para regenerantes).

É importante ressaltar que pode estar ocorrendo a sobreposição de gerações, visto que a amostragem considerou todos os indivíduos acima de 5 cm de diâmetro à altura do peito (incluindo jovens e adultos). Um estudo de Tarazi (2009) em uma população de *C. langsdorffii* em Assis, encontrou índice de fixação significativamente menor nos adultos em comparação com jovens e progênies, devido aos cruzamentos entre aparentados, autofecundações e a seleção dos indivíduos heterozigóticos.

Outro estudo, conduzido por Martins et al. (2008) encontrou valores de índice de fixação variando de 0,183 a 0,387 em adultos e regenerantes de *C. langsdorffii* em fragmentos florestais no oeste do estado de São Paulo. Neste estudo, os autores sugerem que indivíduos da espécie sejam plantados em outras áreas da região para que sirvam como conectores ou trampolins ecológicos dos fragmentos.

As análises de coancestria demonstraram uma tendência de estruturação genética espacial baixa, porém significativa. A existência de estruturação por volta de 20 m de distância sugere que houve uma dispersão restrita de sementes.

Esse fato pode ser explicado pela dispersão de sementes através de aves de pequeno porte, que regurgitam as sementes próximas à planta-mãe restringindo o fluxo gênico entre árvores distantes. Além disso, há frutos que não são consumidos pela fauna e caem ao solo, ficando sob a copa da planta-mãe.

Hamrick et al. (1993) verificaram que em espécies arbóreas tropicais, os indivíduos mais próximos possuem uma maior proporção de alelos em comum do que os mais distantes, e que a estruturação familiar tende a desaparecer nos estágios mais avançados do ciclo de vida. Segundo Ng et al. (2004), espécies arbóreas tropicais podem apresentar diversos padrões de agregação espacial, onde indivíduos mais jovens tendem a apresentar estruturação genética espacial enquanto os indivíduos mais velhos possuem distribuição aleatória.

A estimativa do tamanho efetivo das populações foi menor que 50 indivíduos, sendo insuficiente para manter a endogamia estável em curto prazo, de até dez gerações (Frankel & Soulé, 1981). Contudo, as áreas amostradas representam apenas uma pequena fração do total de área de cada fragmento. Como *C. langsdorffii* encontra-se em alta densidade em todas as áreas amostradas, possivelmente o número de indivíduos existentes em cada local de estudo seria suficiente para alcançar um valor de $N_e = 500$.

O mesmo raciocínio vale para a estimativa de área mínima viável. Com exceção do fragmento da PPR em Assis, que comportaria AMV(500), as outras três áreas estudadas comportariam pelo menos AMV(1000), sendo indicadas para a conservação *in situ*, para a coleta de sementes (conservação *ex situ*) e recuperação ambiental.

O fluxo gênico encontrado foi maior nas áreas de Assis (1,000) mas obteve um valor próximo entre as áreas de Brotas e Itirapina (0,987). As Unidades de Conservação apresentaram o menor valor de fluxo (0,824). Govindajaru (1989) distinguiu três níveis de fluxo gênico: alto (acima de 1), intermediário (entre 0,25 e 0,99) e baixo (abaixo de 0,25). Neste sentido, todas as áreas apresentam fluxo intermediário, o que é considerado importante.

A estimativa do fluxo gênico aparente mostrou ser suficiente para contrapor os efeitos da deriva genética. No entanto, o menor valor encontrado foi entre as UC (0,824), revelando a importância dos fragmentos de propriedades particulares como conectores ou trampolins ecológicos. O índice de divergência genética R_{st} obteve valores intermediários, enquanto que o G_{st} indicou uma maior diferenciação genética entre populações. Este índice é o mais indicado para situações em que há grande número de alelos exclusivos, pois considera as frequências dos alelos, sua identidade e variação dentro das populações.

Embora as populações mais próximas tenham apresentado menor divergência entre si (cerca de 40% nas áreas de Assis e 43% nas áreas de Brotas e Itirapina), as populações mais distantes (UC Assis x UC Itirapina) não tiveram valores significativamente elevados (47%). Ou seja, a distância não parece influenciar na diferenciação das populações.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Atualmente, menos de 4% da área do Cerrado brasileiro está protegida pela legislação em Unidades de Conservação. O restante encontra-se em propriedades particulares rurais, onde há um ritmo acelerado de substituição das áreas nativas por cultivadas.

A conversão destas áreas de Cerrado para o agronegócio, muitas vezes vai contra a legislação, que prevê que 20% da área total das propriedades rurais sejam conservadas na forma de Reserva Legal, além de garantir corredores contínuos de fluxo gênico representados pelas áreas de proteção permanente (no caso as Unidades de Conservação).

Corroborando com as hipóteses propostas para este estudo, os resultados demonstraram que a diversidade genética em fragmentos de PPR é tão elevada ou maior que das UC e que estas PPR atuam como conectores genéticos para as UC, auxiliando a manter o fluxo gênico entre estas. Estes resultados ilustram a importância da conservação de fragmentos de Cerrado localizados nestas propriedades particulares rurais, garantindo assim a manutenção da conectividade entre as Unidades de Conservação.

Os índices de divergência genética demonstraram que as populações estudadas necessitam de estudos mais aprofundados, sugerindo-se inclusive testar a hipótese de que funcionem como Unidades Significativas Evolutivas (USE) e como Unidades Independentes para o Manejo (UIM). Desta maneira, pode-se monitorar os caracteres de cada reservatório gênico e preservar a conectividade dos fragmentos, garantindo a biodiversidade do Cerrado.

AGRADECIMENTOS

Ao nosso orientador (*in memoriam*), por ter nos guiado pelos caminhos científicos com sua humildade e sabedoria, agradecemos e dedicamos este manuscrito. À CAPES pela concessão de bolsa de mestrado à primeira autora. À FAPESP pela concessão de bolsa de doutorado e pós doutorado à segunda autora. Ao Instituto Florestal de São Paulo pela autorização e suporte para pesquisa nas Unidades de Conservação sob sua égide.

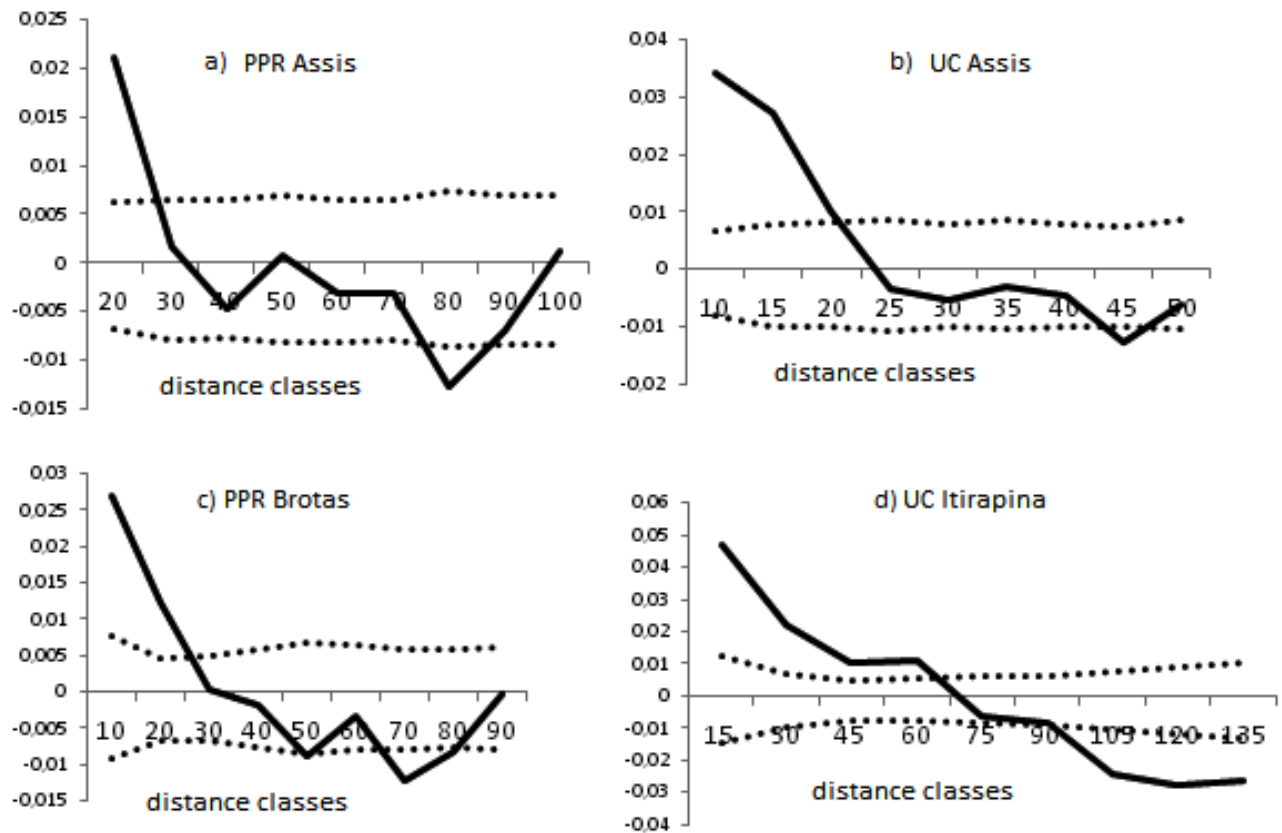
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANTIQUERA, L.M.O.R.; SOUZA, R.G.V.C.; BAJAY, M.M.; KAGEYAA, P.Y. 2014. Genetic structure and diversity of *Copaifera langsdorffii* Desf. In Cerrado fragments of the São Paulo State, Brazil. *Revista Árvore*, Viçosa, v.38, n.4, p.667-675.
- BARRET, S.C.H.; KOHN, J.1991.The genetic and evolutionary consequences of small population size in plant: implications for conservation. In: FALK, D.; HOLSINGER, K. (eds) *Genetics and conservation of rare plants*. University Press, Oxford, p 3-30.
- BITTENCOURT, J.V.; SEBBENN, A.M. 2007. Patterns of pollen and seed dispersal in a small, fragmented population of the wind-pollinated tree *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. *Heredity (Edinb)* 99 (6):580-591.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. 2006. *Programa Nacional de Conservação e Uso Sustentável do Bioma Cerrado*. Brasília, Disponível em: <https://www.mma.gov.br/estruturas/201/_arquivos/programa_cerrado_sustentavel_201.pdf>. Acesso em: 10 de janeiro de 2020.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. 2010. *Monitoramento do Bioma Cerrado 2009-2010*. Brasília, Disponível em: <https://www.mma.gov.br/estruturas/sbf_chm_rbbio/_arquivos/relatoriofinal_cerrado_2010_final_72_1.pdf>. Acesso em 10 de janeiro de 2020.
- CARVALHO, A.C.M.; FREITAS, M.L.M.; MORAES, S.M.B.; STRANGHETTI, V.; ALZATE-MARIN, A.L.; SEBBENN, A.M.2010. Diversidade genética, endogamia e fluxo gênico em pequena população fragmentada de *Copaifera langsdorffii*. *Revista Brasileira de Botânica* 33 (4):599-606.
- CIAMPI, A.Y.; BRONDANI, R.P.V.; GRATTAPAGLIA, D. 2000. Desenvolvimento de marcadores microssatélites para *Copaifera langsdorffii* Desf. (copaíba) Leguminosae – Caesalpinoideae e otimização de sis-

- temas fluorescentes de genotipagem multiloco. *Boletim de Pesquisa da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia* 16:1-40.
- CIAMPI, A.Y.; GRATTAPAGLIA, D. 2001. Variabilidade genética em populações de copaíba (*Copaifera langsdorffii* Desf. – Caesalpiniaceae) estimada com polimorfismos de AFLP, microssatélites e seqüenciamento de cpDNA. *Boletim de Pesquisa da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia* 12:1-32.
- COLLEVATTI, R.G.; BRONDANI, R.A.; GRATTAPAGLIA, D. 1999. Development and characterization of microsatellite markers for genetic analysis of a Brazilian endangered tree species *Caryocar brasiliense*. *Heredity*, Cary, v. 83, p. 748-756.
- CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. 2001. Detection of single sequence repeat polymorphism in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. *Plant Molecular Biology Reporter*, Athens, v. 19, n. 4, p. 299-306.
- DURIGAN, G. Bases e diretrizes para a restauração da vegetação de cerrado. In: KAGEYAMA, P.Y.; OLIVEIRA, R.E.; MORAES, L.F.O.; ENGEL, V.E.; GANDARA, F.B. (Ed.). 2003. *Restauração ecológica de sistemas naturais*. Botucatu: FEPAP, p. 187-204.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. 1990. Isolation of DNA from fresh tissue. *Focus* 12:13-15.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. 1998. *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética*. Brasília: EMBRAPA, CENARGEN, 220 p.
- FRANKEL, O.H.; SOULÉ, M.S. 1981. *Conservation and evolution*. Cambridge: Cambridge University Press, 327 p.
- GONELA, A.; SEBBENN, A.M.; SORIANI, H.H.; MESTRINER, M.A.; MARTINEZ, C.A.; ALZATE-MARIN, A.L. 2013. Genetic diversity and mating system of *Copaifera langsdorffii* (Leguminosae/Caesalpinioideae). *Genetics and Molecular Research* 12 (1):569-580.
- GOUDET, J. *FSTAT*, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). 2001. Disponível em: < <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm> >. Acesso em: 07 de agosto de 2019.
- GOVINDAJARU, R.D. 1989. Variation in gene flow levels among predominantly selfpollinated plants. *Journal of Evolutionary Biology* 2:173-181.
- HAMRICK, J.L.; MURAWSKI, E.D.A. 1991. Levels of allozyme diversity in populations of uncommon neotropical tree species. *Journal of Tropical Ecology*, London, v. 7, p. 395-399.
- HAMRICK, J.L.; MURAWSKI, D.A.; NASON J.D. 1993. The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations. *Plant Ecology*, Dordrecht, v. 107/108, n. 1, p. 281- 297.
- HARDY, O.J.; VEKEMANS, X. 2002. SPAGeDI: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*, Oxford, v. 2, p. 618-620.
- ISAGI Y.; SAITO, D.; KAWAGUCHI, H.; TATENO, R.; WATANABE, S. 2007. Effective pollen dispersal is enhanced by the genetic structure of an *Aesculus turbinata* populations. *Journal of Ecology* 96:983-990.
- KALINOWSKI, S.T. 2004. Counting alleles with rarefaction: private alleles and hierarchical sampling designs. *Conservation Genetics*, Arlington, v. 5, p.539-543.
- KALINOWSKI, S.T; TAPER, M.L; MARSHALL, T.C. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, Oxford, v. 16, p. 1099-1106.
- KLINK, C.A.; MACHADO, R. 2005 Conservation of the Brazilian Cerrado. *Conservation Biology*, Gainesville, v. 19, n. 3, p. 707-713.
- LEIMU, R.; MUTIKAINEN, P.; KORICHEVA, J.; FISHER, M. 2006. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? *Journal of Ecology*, Oxford, v. 94, p. 942–952.
- LOISELLE, B.A.; SORK, V.L.; NASON, J; GRAHAM, C. 1995. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany*, Columbus, v. 82, p. 1420-1425.

- MACHADO, R.B.; RAMOS NETO, M.B.; HARRIS M.B.; LOURIVAL, R.; AGUIAR, L.M.S. 2004. Análise de lacunas de proteção da biodiversidade no Cerrado. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE UNIDADES DE CONSERVAÇÃO. 4., 2004. *Anais...* Curitiba: Fundação O Boticário de Proteção à Natureza.
- MARTINS, K.; SANTOS, J.D.; GAIOTTO, F.A.; MORENO, M.A.; KAGEYAMA, P.Y. 2008. Estrutura genética populacional de *Copaifera langsdorffii* Desf. (Leguminosae - Caesalpinioideae) em fragmentos florestais do Pontal do Paranapanema, SP, Brasil. *Revista Brasileira de Botânica*, São Paulo, v. 31, p. 61-69.
- MITTERMEIER, R.A.; GIL, R.P.; HOFFMAN, M.; PILGRIM, J.; BROOKS, T.M.; MITTERMEIER, C.G.; LAMOREUX, J.; FONSECA, G.A.B. 2005. *Hotspots revisited: earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions*. Cemex, Boston.
- NG, K.K.S.; LEE, S.L.; KOH C.L. 2004. Spatial structure and genetic diversity of two tropical tree species with contrasting breeding systems and different ploidy levels. *Molecular Ecology*, Oxford, v. 13, n. 3, p. 657-669.
- OLIVEIRA, A.F.; CARVALHO, D.; ROSADO, S.C.S. 2002. Taxa de cruzamento e sistema reprodutivo de uma população natural de *Copaifera langsdorffii* Desf. na região de Lavras (MG) por meio de isoenzimas. *Revista Brasileira de Botânica*, São Paulo, v. 25, n. 3, p. 331-338.
- PINTO, S.I.C.; SOUZA, A.M.; CARVALHO, D. 2004. Variabilidade genética por isoenzimas em populações de *Copaifera langsdorffii* Desf. Em dois fragmentos de mata ciliar. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, n. 65, p. 40-48.
- PIRY, S.; LUIKART, G.; CORNEUT, J.J. BOTTLENECK: A computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *The Journal of Heredity*, Cary, v. 90, n. 4, p. 502-503, 1999.
- QUEIROZ, L.P.; SILVA, R.C.V.M. *Copaifera* in *Lista de Espécies da Flora do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. 2013. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB22896> Acesso em 10 de janeiro de 2020.
- RIBEIRO, J.F.; WALTER B.M.T. Fitofisionomias do bioma Cerrado. In: SANO, S.; ALMEIDA, S.P. (Ed.). 1998. *Cerrado: ambiente e flora*. Planaltina: EMPRAPA Cerrados, p.p 87-166
- SEBBENN, A.M.; CARVALHO, A.C.M.; FREITAS, M.L.M.; MORAES, S.M.B.; GAINO, A.P.S.C.; SILVA, J.M. da; JOLIVET, C.; MORAES, M.L.T. 2011. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. *Heredity*, London, v.106, p. 134-145.
- SEOANE, C.E.S.; KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M. 2000 Efeitos da fragmentação florestal na estrutura genética de populações e *Esenbeckia leiocarpa* Engl. (Guarantã). *Scientia Florestalis*, Piracicaba, v. 57, p. 123-139.
- SORK, V.L.; SMOUSE, P.E. 2006. Genetic analysis of landscape connectivity in tree populations. *Landscape Ecology* 21:821-836.
- YOUNG, A.; BOYLE, T. Forest fragmentation. In: YOUNG, A.; BOSHIER, D.; BOYLE, T. (Ed.). 2000. *Forest conservation genetics: principles and practice*. Collingwood: CSIRO, p. 123-132.
- YOUNG, A.; BOYLE, T., BROWN. 1996. T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology and Evolution*, Amsterdam, v. 11, n. 10, p. 413-418.

Figura 1. Correlograma do coeficiente de coancestria em nove classes de distâncias nas quatro populações de *C. langsdorffii*. Linhas tracejadas indicam o limite inferior e superior do intervalo de confiança do erro a 95% de probabilidade e a linha contínua representa a estimativa do coeficiente de coancestria, segundo Loiselle et al., (1995).



Fonte: Antikeira et al (2014) e dados dos autores