

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA
E BIOLOGIA MOLECULAR

FERNANDA FRAGA ROSA

**DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA E VARIABILIDADE
GENÉTICA QUANTITATIVA DE *Tabebuia aurea* (Silva M. Manso)
Benth. & Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) EM ESCALA DE
PAISAGEM**

Goiânia, 2026

Processo:

Documento:

23070.004592/2021-43

6343710



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES
E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

☐ Dissertação ☒ Tese ☐ Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

FERNANDA FRAGA ROSA

3. Título do trabalho

DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA E VARIABILIDADE GENÉTICA QUANTITATIVA DE *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) EM ESCALA DE PAISAGEM

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento ☒ SIM ☐ NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;- Publicação como capítulo de livro;

- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Rosane Garcia Collevatti Professor do Magistério Superior**, em 17/07/2026, às 11:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº de 13 de novembro de 202](#)



Documento assinado eletronicamente por **Fernanda Fraga Usuário**, em 17/07/2026, às 12:02, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº de 13 de novembro de 202](#)



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site ps://.br/sei/controlador_externo.acao=documento_conferir&id_or_ao_acesso_externo informando o código verificador **63** e o código **1**

Referência: Processo nº 23070.004592/2021-43

SEI nº 6343710

FERNANDA FRAGA ROSA

**DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA E VARIABILIDADE
GENÉTICA QUANTITATIVA DE *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth.
& Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) EM ESCALA DE PAISAGEM**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular – Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás como requisito para obtenção do Título de Doutora em Genética e Biologia Molecular.

Área de Concentração: Biologia Molecular e Genética.

Linha de Pesquisa: Genética de Populações e Evolução Molecular.

Orientadora: **Dra. Rosane Garcia Collevatti**

Coorientador: **Dr. Milton Cezar Ribeiro**

Goiânia, 2026

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

ROSA, FERNANDA

DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA E VARIABILIDADE GENÉTICA QUANTITATIVA DE *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) EM ESCALA DE PAISAGEM [manuscrito] / FERNANDA ROSA. - 2026.

XCIII, 93 f.:

Orientadora: Prof(a). Dra. Rosane Collevatti

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Goiânia, 2026.

Apêndice.

Bibliografia.

Inclui: mapas, tabelas, grafico, lista de figuras, lista de tabelas.

1. Métricas da Paisagem, Savana, Variação Adaptativa, Potencial Evolutivo, Diversidade Genética Neutra, Quantidade de Habitat..

I. Collevatti, Rosane , orient. II. Título.

CDU 575



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

ATA DA SESSÃO PÚBLICA DE DEFESA DE TESE DE Nº 019

1
2 Aos vinte e três dias do mês de maio do ano de dois mil e dezanove
3 (23/05/2019), às 08hs30min, no INCT - UFG, reuniram-se os componentes da
4 banca examinadora: Profa. Dra. Rosane Garcia Collevatti, Profa. Dra. Daniela
5 de Melo e Silva, Prof. Dr. Lázaro José Chaves, Profa. Dra. Carolina da Silva
6 Carvalho e o Prof. Dr. Hugo Freire, para, em sessão pública presidida pela
7 primeira examinadora citada, procederem à avaliação da defesa de tese
8 intitulada: **"DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA E VARIABILIDADE**
9 **GENÉTICA QUANTITATIVA DE *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth.**
10 **& Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) EM ESCALA DE PAISAGEM"**,
11 em nível de doutorado, área de concentração em **Genética e Biologia**
12 **Molecular**, de autoria de **Fernanda Fraga Rosa**, discente do Programa de
13 Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular da Universidade Federal de
14 Goiás. A sessão foi aberta pela presidente da banca, Profa. Dra. Rosane Garcia
15 Collevatti, que fez a apresentação formal dos membros da banca. A palavra, a
16 seguir, foi concedida à autora da tese que, em cerca de 40 minutos,
17 procedeu à apresentação de seu trabalho. Terminada a apresentação, cada
18 membro da banca arguiu a examinada, tendo-se adotado o sistema de diálogo
19 sequencial. Terminada a fase de arguição, procedeu-se a avaliação da tese.
20 Tendo-se em vista o que consta na Resolução nº 1294 de 06 de Junho de
21 2014 do Conselho de Ensino, Pesquisa, Extensão e Cultura (CEPEC), que
22 regulamenta o Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular,
23 a tese foi aprovada, considerando-se integralmente cumprido este requisito
24 para fins de obtenção do título de Doutor (a) em Genética e Biologia Molecular
25 pela Universidade Federal de Goiás. A conclusão do curso dar-se-á quando da
26 entrega da versão definitiva da tese na secretaria do programa, com as
27 devidas correções sugeridas pela banca examinadora, no prazo de trinta dias a

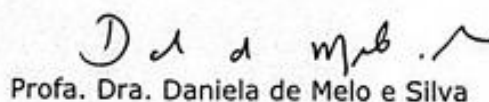


SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

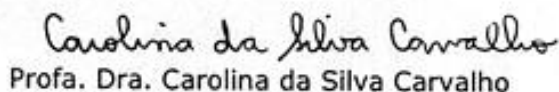
28 contar da data da defesa. Cumpridas as formalidades de pauta, às 12
29 horas e 10 minutos, encerrou-se a sessão de defesa e, para constar, a
30 presidente da Banca lavrou a presente ata que, após lida e aprovada, será
31 assinada pelos membros da banca examinadora em três vias de igual teor.

32
33 
34 Profa. Dra. Rosane Garcia Collevatti

35 **Presidente da Banca**
36 **UFG/GO**

37
38 
39 Profa. Dra. Daniela de Melo e Silva

40 **UFG/GO**

41
42 
43 Profa. Dra. Carolina da Silva Carvalho

44 **Instituto Tecnológico Vale**

45
46 
47 Prof. Dr. Lázaro José Chaves

48 **UFG/GO**

49
50 
51 Prof. Dr. Hugo Freire

52 **UFG/GO**

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho à todas as pessoas que, direta ou indiretamente o tornaram possível; e às poucas pessoas especiais na minha vida, principalmente àquelas que me fazem sorrir.

EPÍGRAFE

“Uma ordem natural é uma ordem estável. Não existe a menor chance de que a gravidade deixe de funcionar amanhã, mesmo que as pessoas deixem de acreditar nela. Por sua vez, uma ordem imaginada está sempre sob ameaça de colapso, porque depende de mitos, e os mitos desaparecem quando as pessoas deixam de acreditar neles”.

Yuval Noah Harari

(*Sapiens, uma breve história da humanidade*).

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos aqueles que de forma direta ou indireta contribuíram para a realização desta tese. Em especial:

Aos órgãos de fomento à pesquisa, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (**Capes**), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (**CNPq**), e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (**FAPEG**), pelo suporte financeiro, sem os quais não seria possível a realização deste trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em **Genética e Biologia Molecular**, da **Universidade Federal de Goiás (UFG)** pela oportunidade de formação e aperfeiçoamento. A todos os professores do PGBM e ao professor e coordenador do programa, Doutor **Clayton Luiz Borges**, pela atenção e compreensão às minhas limitações.

À minha orientadora, Professora Doutora **Rosane Garcia Collevatti**, toda minha gratidão pelos dez anos trabalhando juntas, por todas as oportunidades de aprendizado e de crescimento profissional. Por confiar na minha capacidade, quando até eu mesma não tinha certeza dela. Por me ensinar a parametrizar meus problemas e me ajudar a enfrentá-los.

Ao meu coorientador Professor Doutor **Milton Cezar Ribeiro** pelo acolhimento, pelo carinho, pelos ensinamentos sobre Ecologia de Paisagem e Estatística; e principalmente pelo exemplo de uma vida acadêmica produtiva, generosa e uma vivência familiar saudável e feliz.

À doutora **Juliana Silveira dos Santos** pelo auxílio fundamental nas análises de dados, por esclarecer minhas dúvidas sobre Ecologia de Paisagem e por todo carinho.

Às Professoras Doutoras **Mariana Pires de Campos Telles** e Doutora **Thannya Nascimento Soares**, por me acolherem há quase onze anos no **Laboratório de Genética e Biologia Molecular (LGBio)** por todas as oportunidades de aprendizado, de trabalho e por contribuírem com a minha formação moral e profissional.

À Secretaria de Estado do Meio Ambiente, Recursos Hídricos, Infraestrutura, Cidades e Assuntos Metropolitanos-**SECIMA**, ao Senhor **Caio César Neves Sousa**, da Superintendência de Proteção Ambiental e Unidades de Conservação-**SPAUC**, por autorizar o desenvolvimento do nosso trabalho de pesquisa, no Parque Estadual da Serra de Caldas, e a todos os funcionários desta unidade conservação que foram sempre solícitos e atenciosos.

Ao Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade – **ICMBio**, por autorizar o desenvolvimento do nosso trabalho de pesquisa, na Floresta Nacional de Silvânia-**FLONA**. E ao Senhor **Renato César de Miranda**, funcionário da FLONA de Silvânia, por todo apoio ao nosso trabalho.

Aos senhores proprietários das áreas rurais que permitiram nossa entrada em suas propriedades para desenvolvimento do nosso trabalho, em especial ao senhor **Maurício Fernandes**, de Vianópolis.

Aos Professores Doutores **Daniela Melo e Silva, Carolina da Silva Carvalho, Lázaro José Chaves, Hugo Freire, Natácia Evangelista Lima e Rejane Araújo Guimarães** pelo carinho e por aceitarem participar da banca examinadora de defesa de tese.

À Professora Doutora **Daniela Melo e Silva**, por todos os ensinamentos, por me supervisionar no estágio docência, por aceitar o convite de participar das bancas de qualificação e defesa de tese, pela atenção e carinho.

Aos Professores Doutores **Lázaro José Chaves e Carolina Ribeiro Diniz Boaventura Novaes** pelo auxílio e colaboração no desenvolvimento do experimento de teste de progênes, na casa de vegetação da **Escola de Agronomia da UFG**.

Aos professores do Laboratório de Processamento de Imagens e Geoprocessamento (Lapig), de SIG em QGIS e ARQGIS e em especial, à graduanda de Ciências Ambientais (UFG) **Lana Mara Teixeira** e bolsista do Lapig, pelo auxílio na elaboração dos mapas das paisagens, que utilizei na qualificação do doutorado.

À minha colega de trabalho e grande amiga, que o doutorado me deu presente, **Tatiana Souza do Amaral**, e ao seu marido **Marcelo Bruno Pessoa** pelo companheirismo, pelo auxílio nas coletas, no trabalho na casa de vegetação, no laboratório, nas análises de dados; e por dividirem as angústias e aventuras da pós-graduação, pelos churrascos e pelas conversas animadas das viagens de coleta.

Aos meus grandes amigos, confidentes e colegas de laboratório **Mariane Brom Sobreiro, Lucas Vieira, Rhewther Nunes e Ramila Braga**, meu carinho, admiração e gratidão por todo auxílio e atenção, que foram fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho e para minha permanência nessa jornada.

Aos meus colegas de orientação e de grupo de pesquisa (**Collevatti Lab.**) e queridos amigos **Maria Augusta, Tatiane Abreu Jardim, Elias Maxombe, Cibele Silva, Wárita Alves de Melo, Luciana Vitorino, Thamara Nascimento, Ribamar Júnior**, por todo auxílio que foi de grande importância para mim, por todos os ensinamentos, pelos desabafos e troca de experiência.

Aos meus colegas de **LGBio** e amigos de todas as horas, **Cíntia Pelegrinete Targueta de Azevedo Brito, Ueric José, Vanessa Bernardes, Lays Cruz e Elias Mota, Josimar Moraes de Souza, Kássia Marques, Thaís Guimarães de Castro e Ariany Rosa** por toda ajuda no

desenvolvimento do meu trabalho, pelas festas inesquecíveis, por dividirmos as coisas boas e difíceis da pós-graduação.

Aos meus pais, **Marlene e Luiz** e aos meus amados filhos **Luiz Gustavo e Mariana** pelo carinho, apoio e por entenderem a minha ausência nesses anos de estudo.

Ao meu ex-marido **Alair Gomes Camargo**, companheiro de jornada por 15 anos, obrigada por não me deixar esquecer da dureza da vida.

Aos meus queridos amigos da família Camargo, **Adelmo, Anadir, Denise, Fernando e Luiza** pelo apoio, cuidado e carinho de vocês comigo e com os meus filhos.

Às minhas preciosas amigas **Jullianna Pinto Moraes, Liliana Ballesteros-Mejia, Lilian Gianotti, Rita de Cássia Moran, Marcela Carrijo, Renata Fábrega, Lorena Lana Camelo Antunes e Carmen Elena Barragán Ruiz** pelos cafés com prosa, pelo carinho e dedicação que fizeram minha vida e meus dias mais leves.

SUMÁRIO

RESUMO	12
ABSTRACT	14
1. INTRODUÇÃO	16
2. MATERIAL E MÉTODOS	26
2.1 Seleção de paisagem	26
2.2 Desenho experimental	29
2.3. Variáveis quantitativas.....	30
2.4. Análise da variância e da diferenciação genética quantitativa	34
2.5 Análise do potencial evolutivo.....	35
2.6 Variáveis genéticas neutras.....	36
2.7 Métricas de paisagem	38
2.8 Análise de dados	40
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	43
3.1 Influência da Paisagem na Diversidade e Diferenciação Genética Neutra.....	44
3.2 Influência da Paisagem na Variação Adaptativa e Diferenciação Quantitativa	47
4. CONCLUSÕES	52
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	54
6. APÊNDICES.....	64
Apêndice A	64
Apêndice B	73
Apêndice C	79

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Localização das cinco paisagens amostradas no presente trabalho e os remanescentes de savana no estado de Goiás.	18
Figura 2. Fases de vida e estruturas reprodutivas de <i>Tabebuia aurea</i> . A, indivíduo juvenil; B, flores e polinizador; C, frutos e sementes; indivíduo adulto de em período de floração. Fonte: Tatiana Souza do Amaral.	21
Figura 3. Localização e mapeamento da área de estudo (A), classificação de uso da terra e descrição dos sítios amostrais (B). Imagem: Juliana Silveira dos Santos.	27
Figura 4. Experimento de análise de progênies em blocos casualizados, desenvolvido em casa de vegetação da Escola de Agronomia UFG. Avaliação dos caracteres quantitativos das plântulas de <i>Tabebuia aurea</i> . Foto: Tatiana Souza do Amaral.....	30
Figura 5. Medidas das variáveis das sementes. A, diâmetro longitudinal da semente (DLS); B, diâmetro transversal da semente (DTS); C, massa da semente (MS).....	31
Figura 6. Medida das variáveis relacionadas ao crescimento inicial das plântulas. A, altura de caule; B, diâmetro de caule.	32
Figura 7. Medidas das variáveis relacionadas às folhas. A, comprimento da folha (CF); B, largura da folha (LF); C, número de folhas (NF).....	33
Figura 8. Medidas relacionadas ao crescimento da plântula. A, crescimento da parte aérea (CPA) e crescimento da raiz (CR). Foto: Tatiana Souza do Amaral.	33
Figura 9. Medidas das variáveis relacionadas à biomassa das plântulas. A, massa verde da parte aérea (MVA); B, massa verde da raiz (MVR); C, massa seca da parte aérea (MSA) e massa seca da raiz (MSR).....	34
Figura 10. Descrição do modelo usado para realizar análises em escala de paisagem. A) Exemplo de como as métricas da paisagem foram calculadas no nível de nó (node level). B) Exemplo de como as métricas da paisagem foram realizadas no nível do link (link level), considerando diferentes escalas espaciais. Imagem: Juliana Silveira dos Santos.	38
Figura 11. Representação gráfica de seleção de modelos. (a) heterozigosidade esperada (H_e); (b) riqueza de alelos (AR) de <i>Tabebuia aurea</i> em função da quantidade de habitat; (c) Diferenciação genética neutra (F_{ST}) A regressão linear se ajusta e as áreas sombreadas com intervalos de confiança de 95%. Todos os ajustes foram significativos ** ou marginalmente significativos * (valor de $p < 0,05$).	45
Figura 12. Representação gráfica de seleção de modelos. (a) diâmetro longitudinal da semente (DLS) em função da quantidade de habitat; (b) número de folhas (NF) das plantulas em	

função do tamanho efetivo da população (N_e); (c) diferenciação genética quantitativa (Q_{ST}) da largura das folhas (NF) em função da quantidade de habitat. A regressão linear se ajusta e áreas sombreadas com intervalos de confiança de 95%. Todos os ajustes foram significativos ** ou marginalmente significativos * (valor de $p < 0,05$).48

Figura 13. Representação gráfica de seleção de modelos. Coeficiente de variação genética dos caracteres quantitativos de *T. aurea*. (a) número de folhas (NF) e (b) comprimento das raízes - abaixo do solo (CR) em função da quantidade de habitat; (c) diâmetro transversal das sementes (DTS) e (d) massa das raízes secas (MSR) em função da heterogeneidade composicional. A regressão linear se ajusta e áreas sombreadas com intervalos de confiança de 95%. Todos os ajustes foram significativos ** ou marginalmente significativos * (valor de $p < 0,05$).50

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Localidades das paisagens, porcentagem de cobertura de savana, coordenadas geográficas (UTM) dos sítios amostrais e as distâncias entre eles.	26
Tabela 2. Amostras de <i>Tabebuia aurea</i> coletadas e plântulas obtidas de cada sítio amostral.	29
Tabela 3. Caráteres quantitativos avaliados nas sementes e plântulas de <i>Tabebuia aurea</i> . 30	
Tabela 4. Modelos realizados para análise de influência da paisagem na diversidade genética neutra, no potencial evolutivo e na variação adaptativa de <i>T. aurea</i>	40
Tabela 5. Resultado da seleção de modelos AIC em nível de nó.	43

RESUMO

Rosa, F.F. **DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA E VARIABILIDADE GENÉTICA QUANTITATIVA DE *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) EM ESCALA DE PAISAGEM.** 2021. 90 f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) – Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2026.

Devido a velocidade de ocupação do Cerrado para a expansão agropecuária, o objetivo do nosso trabalho foi avaliar os efeitos das métricas da paisagem sobre a diversidade genética neutra, a variação adaptativa e o potencial evolutivo de *Tabebuia aurea*. Utilizamos uma abordagem em várias escalas geográficas e em dois níveis de análise para selecionar cinco paisagens, cada uma com dois sítios amostrais e localizadas na região Central e Sul do estado de Goiás. As três paisagens em áreas de reserva legal (ARL) de propriedades rurais, possuem os sítios amostrais em fragmentos de habitat diferentes; e as duas paisagens em unidades de conservação (UC) possuem sítios amostrais no mesmo fragmento de habitat. Para calcular os índices de diversidade genética neutra (H_e , AR , F_{ST}), utilizamos os genótipos obtidos de 10 loci microssatélites, de cerca de 60 indivíduos adultos de cada sítio amostral. Para calcular a variação adaptativa e o potencial evolutivo medimos o tamanho e a massa das sementes, depois as plantamos em experimento com blocos inteiramente casualizados em casa de vegetação. Medimos vários caracteres das plântulas, relacionados ao crescimento inicial e à biomassa. Em sítios com menor quantidade de hábitat, a diversidade genética neutra foi maior (H_e/AR) e diferenciação genética neutra (F_{ST}) foi menor em paisagens com menor quantidade de habitat. A distribuição agrupada e a floração simultânea de *T. aurea* podem fazer com que os polinizadores permaneçam na mesma planta ou em grupos de indivíduos próximos, pela grande quantidade de recurso disponível. Tais eventos podem promover a autofecundação e/ou dispersão de pólen a curtas distâncias, resultando na diminuição da diversidade genética dentro dos sítios amostrais e no aumento da diferenciação genética nas paisagens com a maior quantidade de habitat. Para a variação adaptativa de sementes e plântulas de *T. aurea*, o tamanho das sementes (DLS) foi maior em sítios com maior quantidade de habitat. As sementes são dispersas pelo vento e sementes maiores podem ser dispersas a curta distância, aumentando a diferenciação e diminuindo a diversidade genética. O potencial evolutivo (CVg%) do comprimento da raiz (CR) e do número de folhas (NF) aumentou com a menor quantidade de habitat. As plântulas de *T. aurea* apresentaram maior quantidade de folhas, aproveitam melhor a luz solar, e as plântulas com raízes maiores, conseguem alcançar a água em lençóis freáticos profundos. O potencial evolutivo (CVg%) do diâmetro transversal das sementes (DTS) diminuiu com a maior heterogeneidade composicional e

o potencial evolutivo (CVg%) da massa seca da raiz (MSR) aumentou com a maior heterogeneidade composicional. As sementes maiores podem ser dispersas pelo vento à menores distâncias, diminuindo a diversidade genética, mas podem germinar melhor, e as plântulas que acumulam maior biomassa nas raízes, permitem maior armazenamento de água durante a estiagem.

O potencial evolutivo apresentado por essas características quantitativas adaptativas, indica que as populações ainda possuem variação suficiente para responder à seleção e às mudanças ambientais. Paisagens com menor quantidade de habitat, podem ser mais estressantes para as espécies vegetais, devido à menor densidade de plantas, efeitos de borda e impactos negativos dos agroecossistemas. Nestas paisagens, raízes maiores podem fornecer maior capacidade de obter água, aumentando a sobrevivência e evitando a morte por causa do fogo. Apesar da recente expansão da agricultura no Brasil Central, as mudanças na paisagem estão afetando a variação neutra e adaptativa de *T. aurea*. Várias populações apresentaram baixa variação genética adaptativa para algumas características e, portanto, podem ter capacidade evolutiva limitada, o que pode comprometer a persistência a longo prazo da espécie. Por serem as áreas que apresentaram maior diversidade genética neutra, as reservas legais das propriedades rurais (ARL) devem ser mantidas em para a conservação da biodiversidade.

Palavras-chave: Métricas da paisagem, savana, variação adaptativa, potencial evolutivo, diversidade genética neutra, quantidade de habitat.

ABSTRACT

Rosa, F.F. **NEUTRAL GENETIC DIVERSITY AND QUANTITATIVE GENETIC VARIABILITY OF *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth. & Hook.f. ex S. Moore (Bignoniaceae) ON LANDSCAPE SCALE.** 2021. 90 f. Thesis (PhD in Genetics and Molecular Biology) - Institute of Biological Sciences, Federal University of Goiás, Goiânia, 2021.

Because of the rapid conversion of the Cerrado for agricultural expansion, this study evaluated the effects of landscape metrics on neutral genetic diversity, adaptive variation, and the evolutionary potential of *Tabebuia aurea*. We used a multi-scale geographic approach and two levels of analysis to select five landscapes, each with two sampling sites located in the central and southern regions of Goiás state. Three landscapes were located in legal reserve areas (ARL) on rural properties, with sampling sites in different habitat fragments; the other two landscapes were in located conservation units (UC), with sampling sites in the same habitat fragment. To estimate neutral genetic diversity indices (H_e , AR , and F_{ST}), we used genotypes from 10 microsatellite loci obtained from approximately 60 adult individuals at each sampling site. To assess adaptive variation and evolutionary potential, we measured seed size and mass and then planted the seeds in a greenhouse experiment with completely randomized blocks. We also measured several seedling traits related to initial growth and biomass. Neutral genetic diversity was higher (H_e and AR) at sites with less habitat, while neutral genetic differentiation (F_{ST}) was lower in landscapes with less habitat. The clustered distribution and synchronous flowering of *T. aurea* may cause pollinators to remain on the same plant or among nearby individuals because of the high availability of resources. These processes may promote self-fertilization and/or short-distance pollen dispersal, reducing genetic diversity within sampling sites and increasing genetic differentiation in landscapes with more habitat. Regarding adaptive variation in seeds and seedlings of *T. aurea*, seed size (DLS) was greater at sites with more habitat. Because seeds are wind-dispersed, larger seeds may disperse over shorter distances, increasing genetic differentiation and reducing genetic diversity. The evolutionary potential (CVg%) for root length (CR) and number of leaves (NF) increased as habitat amount decreased. Seedlings with more leaves can use sunlight more efficiently, while seedlings with longer roots can access water in deeper water tables. The evolutionary potential (CVg%) for transverse seed diameter (DTS) decreased with greater compositional heterogeneity, whereas the evolutionary potential (CVg%) for root dry mass (MSR) increased with greater compositional heterogeneity. Larger seeds may disperse shorter distances by wind, reducing genetic diversity, but they may also germinate more successfully; seedlings that allocate more biomass to roots may store more water

during the dry season. The evolutionary potential shown by these adaptive quantitative traits indicates that populations still have sufficient variation to respond to selection and environmental change. Landscapes with less habitat may be more stressful for plant species because of lower plant density, edge effects, and the negative impacts of agroecosystems. In these landscapes, longer roots may improve water uptake, increase survival, and reduce mortality caused by fire. Despite the recent expansion of agriculture in Central Brazil, landscape changes are already affecting the neutral and adaptive variation of *T. aurea*. Several populations showed low adaptive genetic variation for some traits and may therefore have limited evolutionary capacity, which could compromise the long-term persistence of the species. Because legal reserves on rural properties (ARL) showed the highest neutral genetic diversity, they should be maintained to support biodiversity conservation.

Keywords: Landscape metrics, savannah, adaptive variation, evolutionary potential, neutral genetic diversity, amount of habitat.

1. INTRODUÇÃO

A intensa ocupação do Cerrado nos últimos 60 anos para a expansão agropecuária, também intensificou os esforços científicos para estudar a diversidade e a complexidade de interações e processos que ocorrem nesse bioma (Machado *et al.* 2004). E a redução da diversidade biológica em função das intervenções antrópicas, requer o estabelecimento de propostas urgentes e eficientes para o gerenciamento e conservação da biodiversidade do Cerrado. As ações de conservação devem ser implementadas para reduzir a perda da biodiversidade, a perda de patrimônio genético e do potencial evolutivo, também para manter os remanescentes de Cerrado e favorecer o processo de regeneração. Estas ações devem apresentar uma abordagem de conservação genética, na escala de paisagem. (Faleiro & de Farias Neto, 2009).

A heterogeneidade de habitats do Cerrado é a causa preponderante da sua biodiversidade, que impulsiona sua conservação e os estudos sobre suas comunidades. Manter essa diversidade e sua permanência no decorrer dos anos depende da conservação de áreas ameaçadas pela fragmentação e ocupação humana (Collevatti *et al.*, 2013; Boaventura-Novaes, 2014). O Cerrado consiste em uma vegetação heterogênea com fitofisionomias que englobam formações florestais, savânicas e campestres. As áreas de savanas apresentam árvores e arbustos espalhados sobre um extrato graminoso, não há a formação de dossel contínuo, as árvores são baixas, inclinadas e tortuosas e com ramificações irregulares (Ribeiro; Walter, 2008). A existência de uma determinada espécie em um local depende da presença do habitat adequado, bem como da capacidade da espécie para chegar ao local. Uma vez estabelecida, a sua persistência depende do resultado das interações entre a espécie e mudanças no ambiente ao longo do tempo (Tilman, & Kareiva, 1997). Desta forma, a biodiversidade local deve ser influenciada tanto pelos tipos de habitat que estão presentes bem como pelos processos ecológicos (Dufour *et al.*, 2006).

O Cerrado é uma das mais diversas savanas tropicais do mundo, com uma paisagem dinâmica em mosaico que se estende pela parte central do Brasil. Também tem uma rica história social e cultural, é lar de uma enorme variedade de comunidades tradicionais e populações indígenas, e é uma região importante para o abastecimento de água e para produção de grãos em todo o Brasil (Reis *et al.*, 2017). Esta abordagem baseada em serviços ecossistêmicos (SE), que são os benefícios fornecidos pelos ecossistemas e apropriados pelos seres humanos, é bastante útil para lidar com as necessidades de conservação da biodiversidade do Cerrado (Resende 2018). O Cerrado é de extrema importância na regulação da disponibilidade de águas superficiais e subterrâneas, pois

oito das doze maiores bacias hidrográficas do Brasil tem suas nascentes no domínio do Cerrado e é também nessa região que se encontram as principais zonas de recarga de reservas subterrâneas. A regulação da vazão dos rios também implica direta sobre a garantia do fornecimento de energia hidrelétrica. A vegetação do Cerrado protege os solos contra a erosão hídrica e eólica, além de possuir várias espécies alimentícias e medicinais bastante utilizadas pela população local (Durigan, 2012; Ferreira *et al.*, 2009).

O Cerrado goiano é caracterizado pela intensa ocupação de seu território, com destaque para a produção de grãos e carnes (Mendes, 2008). As principais ameaças ao Cerrado são a expansão agrícola, a formação de pastagens e o desmatamento que avança sobre as áreas de reservas legais nas propriedades rurais do Estado, contrariando a legislação que prevê a manutenção dos remanescentes do Cerrado (Castro *et al.*, 2013).

Nas mesorregiões Central e Sul do estado de Goiás estão localizadas as paisagens amostradas neste estudo (Figura 1). Os municípios goianos com a menor porcentagem de cobertura vegetal nativa, e em geral estão relacionados com uma intensa produção agropecuária e, portanto, responsáveis por grande parte do Produto Interno Bruto (PIB) de Goiás. Por outro lado, no Norte e Leste Goiano concentram os municípios com maior proporção de remanescentes de Cerrado, apesar da presença de pecuária extensiva e atividades extrativistas (mineração e produção de carvão vegetal) (Ferreira *et al.*, 2007).

O Nordeste Goiano, apresenta terrenos mais inclinados, concentrando a maior proporção de vegetação remanescente em Goiás. Em consequência destes fatores físicos, os preços de terras na esta região costumam ser significativamente baixos. Contudo, não se deve aguardar pela conversão do restante dos remanescentes de Cerrado em Goiás, ou parte destes, em troca de um desenvolvimento pleno para a região. Ao contrário, deve-se estruturar planos de conservação, geração de renda e desenvolvimento social, visando o estabelecimento conjunto de valores ambientais e mercados de terras, sem abdicar ao uso dos recursos naturais (Ferreira *et al.*, 2009).

A Lei 12.651, de 25 de maio de 2012, o "Código Florestal", estabelece normas gerais sobre a Proteção da Vegetação Nativa, incluindo Áreas de Preservação Permanente (APP), de Área Reserva Legal (ARL) e de Uso Restrito. Também normatiza a exploração florestal, o suprimento de matéria-prima florestal, o controle da origem dos produtos florestais, o controle e prevenção dos incêndios florestais, a previsão de instrumentos econômicos e financeiros para atingir seus objetivos (Embrapa).

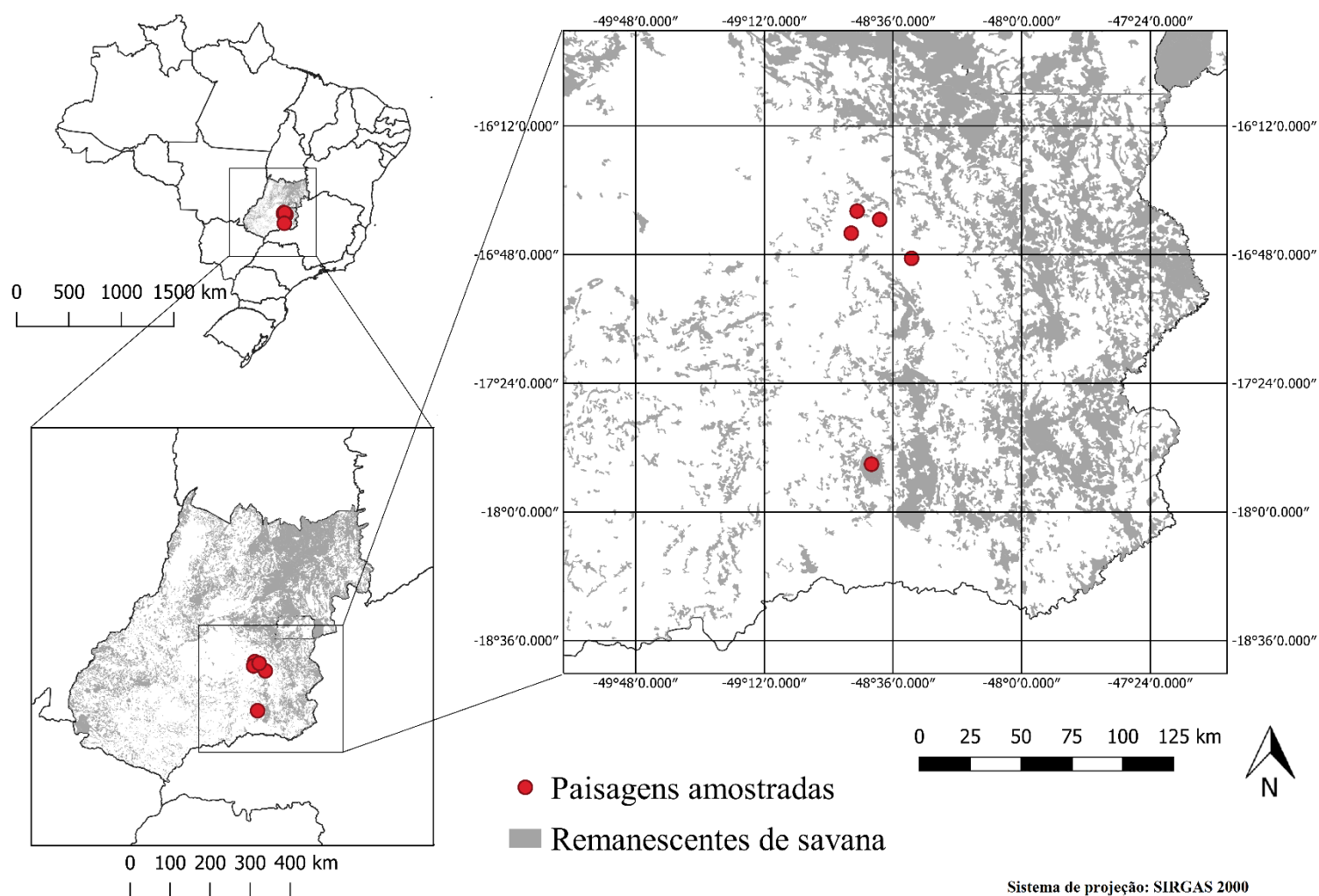


Figura 1. Localização das cinco paisagens amostradas no presente trabalho e os remanescentes de savana no estado de Goiás.
 Fonte: Tatiana Souza do Amaral.

De acordo com o Código Florestal, todo imóvel rural deve manter uma área com cobertura de vegetação nativa, a título de Reserva Legal. Trata-se de área localizada no interior de uma propriedade ou posse rural, com a função de assegurar o uso econômico de modo sustentável dos recursos naturais do imóvel rural, auxiliar a conservação e a reabilitação dos processos ecológicos e promover a conservação da biodiversidade, bem como o abrigo e a proteção de fauna silvestre e da flora nativa. O tamanho mínimo da reserva legal, relativo à área do imóvel depende de sua localização: na Amazônia, deve ser de 80%; no Cerrado deve ser de 35%; e nas demais regiões devem ser de 20% (Embrapa).

O Código Florestal Brasileiro permitiu que milhões de hectares de vegetação nativa no norte do Cerrado fossem desmatados. Também não considerou nenhum estudo que avaliasse os impactos na biodiversidade, nos recursos hídricos e nos serviços ecossistêmicos. (O Eco, 2018). O Cerrado contava com aproximadamente 48% de sua cobertura vegetal original em 2013, mas o Código Florestal permite que quase 90% do que ainda existe de vegetação nativa no bioma seja destruída. O estabelecimento de programas de restauração em propriedades privadas não seria suficiente para evitar a perda de biodiversidade, devido à dificuldade de recuperar áreas de cerrado. E mesmo que essas áreas sejam reflorestadas, manter o que ainda existe é um caminho melhor do que a restauração, pois poderia criar habitat para espécies ameaçadas, aumentar a segurança da água e o estoque de carbono (Vieira *et al.* 2018).

O Cerrado precisa ser entendido e respeitado como um sistema biogeográfico. Sistema este que possui conjunto de elementos intimamente interligados, e qualquer modificação em um desses elementos provoca alterações maiores no sistema como um todo (Barbosa, 2017). A rica flora do Cerrado, além da erosão genética natural, é alvo da destruição humana, vez que tanto para o cultivo da soja ou do algodão e a pecuária, além das áreas já utilizadas desde as décadas de 60 e 70, há o desmatamento diuturno e constante de novas áreas, constituindo a mais recente “fronteira agrícola” do desenvolvimento econômico (Bolson, 2018).

Para as plantas, os efeitos genéticos da fragmentação do habitat são mais complexos, provavelmente por seu hábito sésstil, pelas diferenças interespecíficas na longevidade, pelo tempo de geração e a abundância antes da fragmentação (Young *et al.*, 1996). A ampla variedade de sistemas reprodutivos, a possibilidade de fluxo gênico tanto pelo pólen como pela semente, o armazenamento de material genético nas sementes e suas interações com vetores de polinização e dispersão animal, também podem ser afetados pelos eventos de fragmentação (Young *et al.*, 1996).

Tabebuia aurea (Silva Manso) Benth. & Hook. f. ex. S. Moore, da família Bignoniaceae, é popularmente conhecida como caraíba, caraibeira, para-tudo, caroba-do-campo, ipê-amarelo-do-

cerrado. Uma espécie arbórea neotropical, com uma vida útil longa, amplamente distribuída nas savanas sazonais, savanas úmidas e pastagens do Brasil Central (Lorenzi, 2002; Collevatti *et al.*, 2014), *Tabebuia aurea* ocorre em alta densidade, é hermafrodita com sistema reprodutivo misto, polinizada por abelhas de grande porte e as sementes são dispersas pelo vento (Braga & Collevatti, 2011). É uma espécie lenhosa típica do Cerrado (Figura 2), tem valor econômico considerável, pois é utilizada como melífera, ornamental, medicinal, além da sua madeira ser empregada para vários fins (Almeida *et al.*, 1998).

Tabebuia aurea floresce de forma massiva e sincrônica, por aproximadamente um mês, durante a estação seca (julho a setembro). Possui flores amarelas, com corola tubular e antese diurna; é produtora de néctar e polinizada por abelhas, principalmente dos gêneros *Centris* e *Bombus*; a síndrome de dispersão de sementes é anemocórica (pelo vento) (Barros, 2001). A ampla distribuição de *Tabebuia aurea* pelo Cerrado é interessante por possibilitar comparações inter-regionais. É suscetível aos efeitos da fragmentação de habitat, pois sua densidade populacional é afetada por ações antrópicas na vegetação natural (Almeida, *et al.*, 1998).

Tabebuia aurea possui um conjunto de loci microssatélites, desenvolvidos e bem caracterizados (Braga *et al.*, 2007). Marcadores microssatélites são capazes de estimar os níveis de heterozigosidade e relacioná-los com parâmetros importantes na sobrevivência das espécies, analisar estruturas familiares e o efeito da reprodução sexuada na população. Podem estimar o tipo de distribuição espacial e temporal das populações em relação ao fluxo gênico e serve como guia de estratégia de conservação. Esses loci codominantes e multialélicos são bastante eficientes e serão úteis para avaliar a variabilidade genética nas populações naturais de *T. aurea*, nas análises da diversidade genética neutra e identificar os efeitos da fragmentação da paisagem. (Epperson, 1990; Sole-Cava, 2001; Collevatti *et al.*, 2001a; Collevatti *et al.*, 2001b)

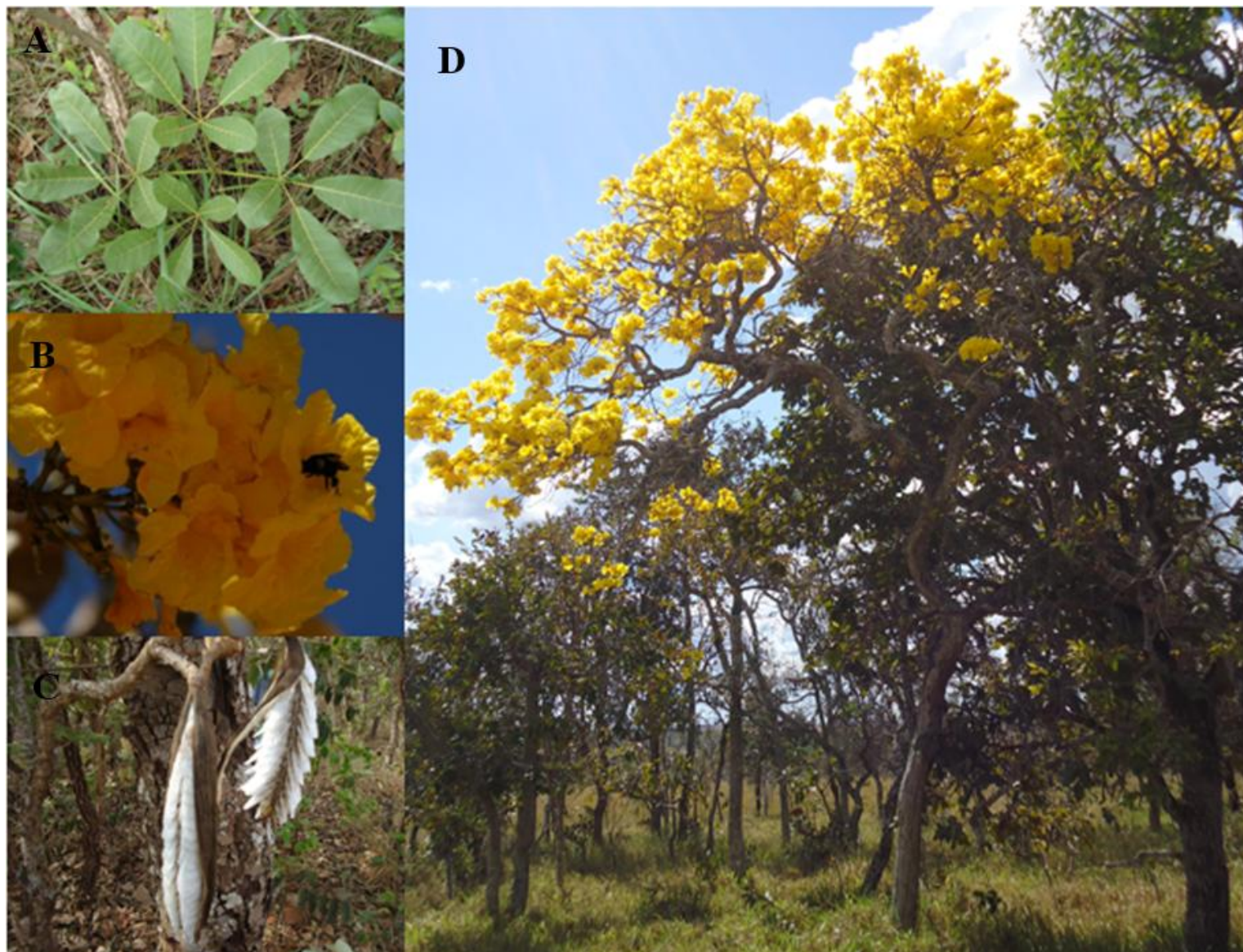


Figura 2. Fases de vida e estruturas reprodutivas de *Tabebuia aurea*. A, indivíduo juvenil; B, flores e polinizador; C, frutos e sementes; indivíduo adulto de em período de floração. Fonte: Tatiana Souza do Amaral.

As inovações tecnológicas em análises espaciais, juntamente com a maior disponibilidade de dados de marcadores genéticos hipervariáveis, resultaram em grandes avanços nos estudos da influência das alterações da paisagem sobre a diversidade e a estrutura genética. A genética da paisagem é uma área de pesquisa que quantifica explicitamente os efeitos da composição e configuração da paisagem no fluxo gênico e variação genética espacial (Storfer *et al.*, 2007). Esta é uma área multidisciplinar, que combina ferramentas de genética molecular, os princípios de genética de populações, a estatística espacial e a ecologia da paisagem. Esta abordagem está se expandindo rapidamente, em função da maior disponibilidade de marcadores moleculares, e permite o mapeamento espacial das frequências alélicas das populações para compreender melhor a biologia e evolução, em escalas espaciais finas (Manel *et al.*, 2003; Storfer *et al.*, 2010).

Todo o estudo em escala de paisagem é composto de várias paisagens que não se sobrepõem e possuem estruturas diferentes (Fahrig, 2003). A estrutura da paisagem implica em quantidade de elementos (composição) e suas disposições espaciais (configuração). A justaposição de diferentes elementos da paisagem e as medidas de fragmentação do habitat, independentemente da quantidade, são aspectos da configuração da paisagem (McGarigal & McComb, 1995). Esta área do conhecimento, tem como objetivo fornecer informações de como a paisagem e fatores ambientais que influenciam no fluxo gênico, na estrutura da população e na adaptação local (Guillot, *et al.*, 2005).

A genética da paisagem também explora a interação entre ambiente e variação genética adaptativa em populações naturais (Lowry 2010; Manel *et al.*, 2010). O estudo da diferenciação adaptativa local, entre populações em características quantitativas ecologicamente importantes, foi e ainda permanece, um dos temas centrais da pesquisa de biologia evolutiva. As adaptações locais, decorrentes da heterogeneidade espacial e temporal são consideradas responsáveis por grande parte da diversidade fenotípica vista na natureza (Merilä & Crnokrak, 2001).

A variação em caracteres que são de potencial valor adaptativo, deve ser estudada em experimentos de genética quantitativa, no qual os indivíduos tenham o parentesco conhecido e sejam cultivados sob condições ambientais constantes (Conner & Hartl 2004). O raciocínio por trás desta configuração é que as diferenças de indivíduos cultivados no mesmo ambiente devem ser devido a diferenças genéticas; e que os membros de uma família compartilhem alelos e são, portanto, mais semelhantes uns aos outros do que a membros de outras famílias. Quanto maior o grau de similaridade dos membros da família, maior é o componente do fenotípico mensurável da variação total. Portanto, os estudos de genética da paisagem também devem relacionar as características quantitativas do organismo aos aspectos da paisagem estudada (Holderegger *et al.*, 2006).

A variação genética adaptativa é encontrada nos genomas dos indivíduos, como resultado da seleção natural. Identificar os fatores ecológicos que influenciam os padrões adaptativos de diversidade genética levou ao desenvolvimento da genômica da paisagem, que se configura como uma ferramenta analítica flexível que relaciona os padrões de variação genética adaptativa às variáveis ambientais. A genômica da paisagem tem sido proposta como uma estrutura para o estudo adaptativo e neutro variação genética no nível da população em um contexto espacialmente explícito (Joost *et al.* 2007; Schoville *et al.* 2012). Foi desenvolvido um conjunto ferramentas de varredura de genoma, que visam detectar variações genéticas adaptativas através do rastreamento de muitos marcadores genéticos e identificar aqueles que estão vinculados aos loci sob seleção (Storz 2005).

Esses novos métodos facilitam a compreensão da adaptação genética e abordam pontos fundamentais como: as circunstâncias e a frequência que a adaptação genética ocorre em populações naturais; a importância da escala espacial e heterogeneidade de habitat na manutenção de variação genética adaptativa; como as recentes mudanças globais podem afetar a variação genética neutra e adaptativa; e se espécies se adaptam às mudanças globais em escala de tempo ecológica (Schoville *et al.* 2012). Como consequência, a genômica da paisagem pode adicionar outra dimensão às tomadas de decisão e previsão em ciência da conservação, particularmente por modelar possíveis respostas adaptativas das espécies às mudanças globais (Hoffmann & Willi 2008).

Selecionamos dois métodos de análise de dados que relacionam a paisagem com a variação genética quantitativa, com o potencial evolutivo e com a diversidade genética neutra. O método baseado em nós (*node level*), modela a distribuição espacial dos alelos nos sítios amostrais, a partir das características locais da paisagem. Esse método é utilizado para modelar a diversidade genética neutra e variação genética adaptativa, considerando a presença de autocorreção espacial. O método baseado em ligação (*link level*), modela a probabilidade de fluxo gênico entre dois fragmentos e relacionam dados de marcadores moleculares neutros com a heterogeneidade de paisagem. Estes métodos são adequados para modelar a variação genética neutra (Wagner & Fortin, 2012).

O tamanho efetivo populacional (N_e) é um importante parâmetro de representatividade genética, utilizado para avaliar a persistência e conservação de espécies, para planejar o manejo e para entender evolução das espécies (Vencovsky, 1986; Collevatti *et al.*, 2013). Este parâmetro é estimado a partir das frequências alélicas dos indivíduos adultos. A fragmentação do habitat provoca a diminuição do número de indivíduos e favorece a perda de diversidade genética. A população remanescente passa a ter um tamanho menor que o mínimo adequado (N_e mínimo) para que possa perpetuar e evoluir. Esta população pequena pode sofrer deriva genética, o que significa que as frequências de seus alelos se distanciam daquelas da população original, podendo até perder alelos.

A longo prazo, pode haver um aumento da endogamia, decorrente de autofecundação e de acasalamento entre indivíduos aparentados (Kageyama *et al.*, 1998). Para reduzir os efeitos da endogamia em uma população, o tamanho efetivo de 50 é suficiente para conservar muitos alelos de uma população e pode ser suficiente para evitar os danos da depressão por endogamia, mas não é suficiente para manter por longo tempo grande proporção da variação genética de uma população (Sebbenn 2002). Para esse propósito, Franklin (1980) sugeriu o tamanho efetivo de 500 e com esse tamanho efetivo, a entrada de variação pela mutação é comparável à perda devido à deriva genética. Esse princípio pode compensar, em alguns casos, a sobreposição de gerações e a exclusão de forças evolutivas prováveis de atuarem em populações naturais como seleção natural, deriva genética, mutação e suas combinações (Sebbenn 2002).

A heterogeneidade da paisagem é um dos principais propulsores da biodiversidade, pois influi de forma direta a diversidade e a distribuição dos organismos (Fahrig *et al.*, 2011). Influi também em variáveis como a riqueza de espécies, a abundância, a composição e as interações bióticas (Corrêa *et al.*, 2011). Paisagens mais heterogêneas contêm muitos tipos diferentes de cobertura do solo, que são distribuídos em um padrão complexo e intercalados uns com outros. Essas paisagens podem ocorrer de forma não-natural, principalmente pela substituição de habitats naturais por atividades antrópicas como áreas de cultivo e pastagem, ou ainda serem naturalmente formadas por manchas de diferentes tipos de habitats (Fahrig, 2003; Fahrig *et al.*, 2011). A intensificação agrícola e as mudanças no uso da terra representam as principais causas de declínio da biodiversidade em paisagens agrícolas. Manter a biodiversidade em paisagens agrícolas tornou-se uma importante questão social e econômica, preservando o funcionamento do ecossistema e o fornecimento de serviços ecossistêmicos (Duflo *et al.*, 2014).

A quantidade de habitat em uma paisagem, pode influenciar processos como a reprodução, a dispersão, a extinção local e interações de espécies operando em várias escalas espaciais e temporais. No entanto, Fahrig (2017) não encontrou evidências de um limite mínimo de quantidade de habitat, para que a biodiversidade seja afetada. Curiosamente, os efeitos positivos da fragmentação ocorreram em baixos níveis de quantidade de habitat (10–20%). do que em níveis altos de quantidade de habitat (60–80%). Mas, a perda de habitat reduz a abundância de espécies, o comprimento da cadeia trófica, altera as interações das espécies, e afetam negativamente o sucesso de reprodução e de dispersão (Fahrig, 2003).

Os estudos em escala de paisagem, reconhecem a multifuncionalidade da paisagem como componente fundamental, da dinâmica genética, ecológica e adaptativa das populações para a conservação e restauração ambiental (Bittencourt, 2007). Conhecer como a variabilidade genética

se distribui entre e dentro de populações de uma espécie, permite determinar a viabilidade evolutiva das populações ao longo das gerações e estimar área mínima viável para a conservação (Epperson, 1990).

Ainda são poucos os trabalhos que abordam a influência da paisagem na diversidade genética neutra em plantas do Cerrado, como Soares *et al.* (2008), de Campos Telles *et al.* (2014), Collevatti *et al.* (2010). Mas até agora nenhum trabalho havia abordado a influência da paisagem na variação adaptativa e no potencial evolutivo de uma espécie arbórea do Cerrado. Tivemos a satisfação e a responsabilidade de desenvolver este estudo pioneiro, que se justifica pela necessidade de conservação deste bioma. O nosso trabalho forneceu a base para a elaboração do seguinte artigo: “Multi-Scale Landscape Influences on Genetic Diversity and Adaptive Traits in a Neotropical Savanna Tree”.

O presente trabalho avalia os efeitos da paisagem sobre a diversidade genética neutra e sobre variação adaptativa quantitativa, que é bastante inovador por não existir outros trabalhos com essa abordagem. Este estudo se justifica pela necessidade de gerar conhecimento de como a paisagem influencia a biodiversidade e como esses conhecimentos podem fundamentar projetos de manejo e de conservação da vegetação nativa do Cerrado, pois as plantas, seus polinizadores e dispersores podem diminuir após a perda ou fragmentação do habitat. Nosso foi objetivo analisar a influência da paisagem na variação adaptativa, e na diversidade genética neutra de *Tabebuia aurea*. Para isso, buscamos responder as seguintes questões:

- 1- Quais as variáveis da paisagem influenciam e como elas interferem na variação adaptativa, no potencial evolutivo, na diversidade genética neutra de *Tabebuia aurea*?
- 2- As Unidades de Conservação e as Áreas de Reserva Legal apresentam diferenças quanto à diversidade genética neutra, à variação adaptativa e ao potencial evolutivo de *Tabebuia aurea*?

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Seleção de paisagem

Ao planejarmos este estudo em escala de paisagem, definimos alguns critérios importantes: As paisagens deveriam possuir dois sítios amostrais, que correspondessem a dois remanescentes de cerrado próximos um do outro e que possuísssem a espécie em estudo (*Tabebuia aurea*). Também deveriam ter pouca sobreposição ou não ter sobreposição para evitar autocorrelação espacial. O tamanho do *buffer*, que é a área ao redor dos sítios amostrais, onde medimos as variáveis preditivas, deveria corresponder a alguma característica ou requerimento da espécie, neste caso consideramos o alcance do polinizador de *Tabebuia aurea* (critério de distância máxima de dispersão de pólen observado em Braga & Collevatti 2011). As paisagens deveriam possuir diferentes porcentagens de cobertura de savana, para compensar o pequeno número de réplicas e para avaliarmos o efeito das diferentes quantidades de habitat. Por fim, deveriam possuir diferentes classes de habitat, uso e cobertura da terra para avaliarmos o efeito da heterogeneidade da paisagem.

O estudo foi realizado em municípios da Região Central e Região Sul do Estado de Goiás (Tabela1). Fizemos expedições de busca nessas regiões para encontrar paisagens que correspondessem a esses critérios de seleção. Utilizamos imagens do Google Earth, disponíveis no basemap do *software* Arcgis (www.esri.com), para identificar o uso e cobertura da terra correspondente a cada paisagem, para verificarmos a existência de dois remanescentes de cerrado até 2Km de distância e para calcularmos a porcentagem de cobertura de savana. Selecionamos cinco paisagens, sendo três paisagens fragmentadas, com dois sítios amostrais em diferentes fragmentos de savana e duas paisagens contínuas dentro das unidades de conservação, com os dois sítios amostrais dentro do mesmo fragmento de savana (Figura 3).

Tabela 1. Localidades das paisagens, porcentagem de cobertura de savana, coordenadas geográficas (UTM) dos sítios amostrais e as distâncias entre eles.

Paisagem	Sítio amostral	long	lat	Distância entre sítios amostrais	Cobertura de Savana	Localização
Pai01	P1F1	-48.7631	-16.6067	2.383 m	29%	Leopoldo de Bulhões
Pai01	P1F2	-48.7809	-16.5933			
Pai02	P2F3	-48.5154	-16.8290	1.494 m	23%	Vianópolis
Pai02	P2F4	-48.5127	-16.8166			
Pai03	P3F5	-48.6501	-16.6358	1.743 m	35%	Silvânia FLONA
Pai03	P3F6	-48.6660	-16.6414			
Pai04	P4F7	-48.7949	-16.7108	2.194 K	15%	Silvânia
Pai04	P4F8	-48.7970	-16.6919			
Pai05	P5F9	-48.6890	-17.7769	2.601 Km	100%	Caldas Novas PISCAN
Pai05	P5F10	-48.7147	-17.7763			

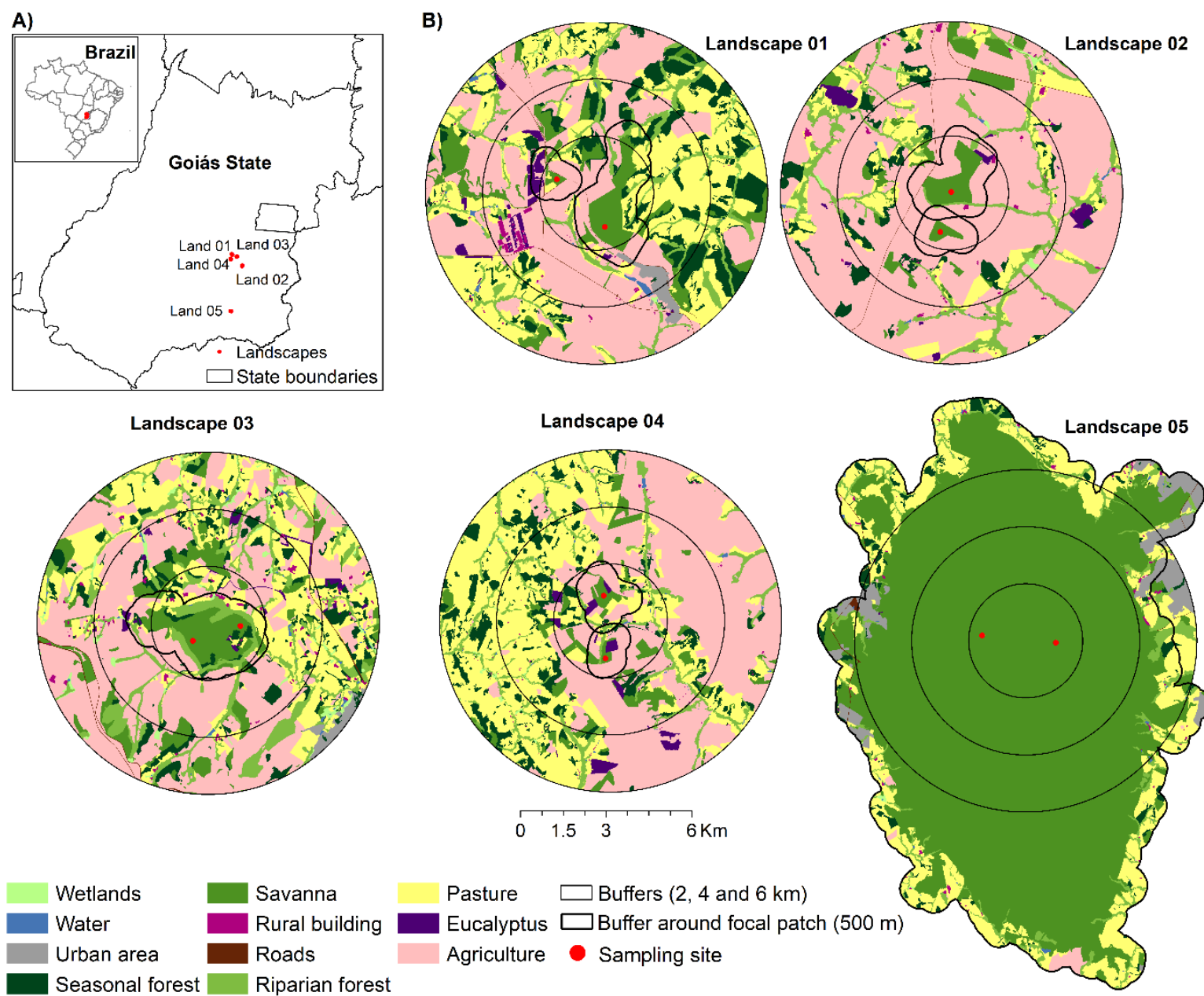


Figura 3. Localização e mapeamento da área de estudo (A), classificação de uso da terra e descrição dos sítios amostrais (B). Imagem: Juliana Silveira dos Santos.

A paisagem 1 está localizada no município de Leopoldo de Bulhões, na região da Estrada de Ferro, onde as principais atividades econômicas são a agricultura e a pecuária. Esta é uma paisagem fragmentada que apresenta 29% de quantidade de habitat. As matrizes predominantes são agricultura e pastagem e os remanescentes de savana são as reservas legais das propriedades rurais. O sítio de coleta P1F1 é a reserva de vegetação nativa de uma propriedade rural; está cercado pelos trilhos da ferrovia, por áreas agrícolas e pastagens. O sítio P1F2 possui mais espécies arbustivas e mais gramíneas, também abriga o aterro sanitário da cidade de Leopoldo de Bulhões e é recortado pelos trilhos da ferrovia.

A paisagem 2 está localizada no município de Vianópolis, na região da Estrada de Ferro, onde a atividade econômica predominante é a agricultura (produção de grãos). Esta é uma paisagem fragmentada que apresenta 23% de quantidade de habitat. A matriz predominante da paisagem é a agricultura e os remanescentes de savana são as reservas legais das propriedades rurais. O sítio P2F3 é a reserva de vegetação nativa da propriedade rural, possui muitas espécies arbóreas e não é utilizado como pastagem. O sítio P2F4 também é a reserva de vegetação nativa da propriedade rural, mas possui locais de extração de cascalho, áreas abertas com predomínio de gramíneas que são utilizadas eventualmente como pastagem. A autorização para entrada nestas propriedades rurais, nos foi concedida por seus próprios seus donos.

A paisagem 3 está localizada no município de Silvânia, dentro da Floresta Nacional de Silvânia (FLONA), que é uma Unidade de Conservação do Bioma Cerrado, criada em julho de 2001 com o objetivo de promover o manejo adequado dos recursos naturais, garantir a proteção dos recursos hídricos e fomentar o desenvolvimento da pesquisa científica básica e aplicada (Brasil, 2001). Apesar da savana corresponder a 35% de quantidade de habitat desta paisagem, a matriz predominante é a agricultura. Os sítios P3F5 e P3F6 encontram-se em área contínua de savana. Obtivemos a autorização para entrada e realização deste trabalho na FLONA, junto ao Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, ICMBio (Apêndice A.1).

A paisagem 4, está localizada no município de Silvânia, onde as principais atividades econômicas são a agricultura, a pecuária de corte e a plantação de eucalipto. Esta paisagem possui com 15% de quantidade de habitat e a matriz predominante da paisagem é a agricultura. Os sítios amostrais P4F7 e P4F8 estão localizados em diferentes fragmentos de savana e estes remanescentes de savana são as reservas legais das propriedades rurais, mas eventualmente são utilizados como pastagem.

A paisagem 5 está localizada no município de Caldas Novas, na região Sul do estado, dentro do Parque Estadual da Serra de Caldas, que é uma Unidade de Conservação do bioma Cerrado, foi

criado em 1970, para preservar as nascentes das águas termais dos municípios de Caldas Novas e Rio Quente. Esta paisagem contínua apresenta 100% de quantidade de habitat e possui uma grande variedade de espécies típicas de savana, com muitas espécies arbustivas e gramíneas. Os sítios P5F9 e P5F10 encontram-se em área contínua de savana. Obtivemos a autorização para entrada e realização deste trabalho no PESCAN, junto à Secretaria Estadual do Meio Ambiente, Recursos Hídricos, Infraestrutura, Cidades e Assuntos Metropolitanos, SECIMA (Apêndice A.2).

2.2 Desenho experimental

Para analisarmos a variação genética adaptativa e o potencial evolutivo de *T. aurea*, medimos vários caracteres de sementes e plântulas. Primeiramente, realizamos as expedições de coleta de sementes, que ocorreram em outubro de 2015. Em cada sítio amostral selecionamos cerca de 10 matrizes com frutos maduros e coletamos até 5 frutos de cada matriz (Tabela 2). As matrizes selecionadas estavam em diferentes partes do sítio amostral, para evitar a amostragem de indivíduos geneticamente aparentados. Após a coleta das sementes, no Laboratório de Genética e Biodiversidade da UFG, medimos os caracteres relacionados à forma e à biomassa das sementes. Os frutos de algumas matrizes estavam predados por insetos, por isso não medimos as sementes destes frutos.

Tabela 2. Amostras de *Tabebuia aurea* coletadas e plântulas obtidas de cada sítio amostral.

Sítios amostrais	Matrizes amostradas	Frutos coletados	Sementes plantadas	Sementes germinadas
P1F1	8	19	115	65
P1F2	5	9	87	59
P2F3	8	15	111	111
P2F4	5	14	74	55
P3F5	4	16	59	58
P3F6	4	7	45	37
P4F7	7	19	115	110
P4F8	10	19	160	154
P5F9	9	20	140	129
P5F10	10	20	160	137
TOTAL	70	158	1066	915

Após tomarmos as medidas das sementes, instalamos um experimento de análise de progênes, no dia 05 de novembro de 2015, em condições de telado, na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (EA/UFG), localizada no município de Goiânia, Goiás (Figura 4). Plantamos as sementes em sacos de polietileno, com 24Cm de altura e 18Cm de diâmetro, contendo uma mistura de terra, areia e substrato orgânico (proporção de 3:3:1). As sementes provenientes das

matrizes de cada um dos dez sítios amostrais, foram dispostas em delineamento de 5 blocos completos casualizados, cada um com cerca de 215 plântulas. Cada bloco foi formado por 43 parcelas e cada parcela foi formada por 5 irmãos maternos.



Figura 4. Experimento de análise de progênes em blocos casualizados, desenvolvido em casa de vegetação da Escola de Agronomia UFG. Avaliação dos caracteres quantitativos das plântulas de *Tabebuia aurea*. Foto: Tatiana Souza do Amaral.

As sementes foram irrigadas diariamente, quando não houve precipitação. Acompanhamos as sementes diariamente para estimar a porcentagem de germinação e do tempo de emergência. As medições das características quantitativas foram feitas em intervalos de 76, 116, 133, e 145 dias após o plantio das sementes, entre os meses de janeiro a abril de 2016.

2.3. Variáveis quantitativas

Medimos 20 caracteres quantitativos relacionados à forma, à biomassa e à germinação das sementes; e relacionados ao crescimento inicial e à biomassa das plântulas (Tabela 3).

Tabela 3. Caráteres quantitativos avaliados nas sementes e plântulas de *Tabebuia aurea*.

Variável quantitativa da semente	Código	Escala
Diâmetro longitudinal da semente	DLS	mm
Diâmetro transversal da semente	DTS	mm
Massa da semente	MS	g
Proporção de germinação	PG	%
Altura inicial (primeira medida)	ALTI	cm
Altura final (última medida)	ALTF	cm
Taxa de crescimento em altura	TCA	cm/mês
Diâmetro inicial (primeira medida)	DIAI	mm
Diâmetro final (última medida)	DIAF	mm
Taxa de crescimento em diâmetro	TCD	mm/mês
Tempo para emergência das plântulas	TEM	dias

Variável quantitativa da semente	Código	Escala
Variável quantitativa da plântula	Código	Escala
Comprimento da parte aérea	CPA	cm
Massa verde da parte aérea	MVA	g
Massa seca da parte aérea	MSA	g
Comprimento da raiz (subterrânea)	CR	g
Massa verde da raiz	MVR	g
Massa seca da raiz	MSR	g
Número de folhas	NF	unidade
Comprimento de folha	CF	mm
Largura de folha	LF	mm

Foram realizadas análises de variância para compreender a influência dos fatores ambientais no desenvolvimento inicial das plântulas de *Tabebuia aurea* em nível de nó (Apêndice B. Tabela 1) e em nível de link (Apêndice B. Tabela 2). Para nos certificarmos de que as variáveis medidas não expressariam informações redundantes, fizemos análise de correlação entre elas (Apêndice B. Tabela 3). As variáveis selecionadas tiveram menor correlação com outras variáveis (Apêndice B. Tabela 4) e que possuem maior sentido biológico para a espécie em ambiente de savana.

Medimos o diâmetro longitudinal (DLS) e o diâmetro transversal da semente (DTS) com um paquímetro digital, a massa das sementes (MS) em uma balança de precisão semi-analítica (Figura 5).

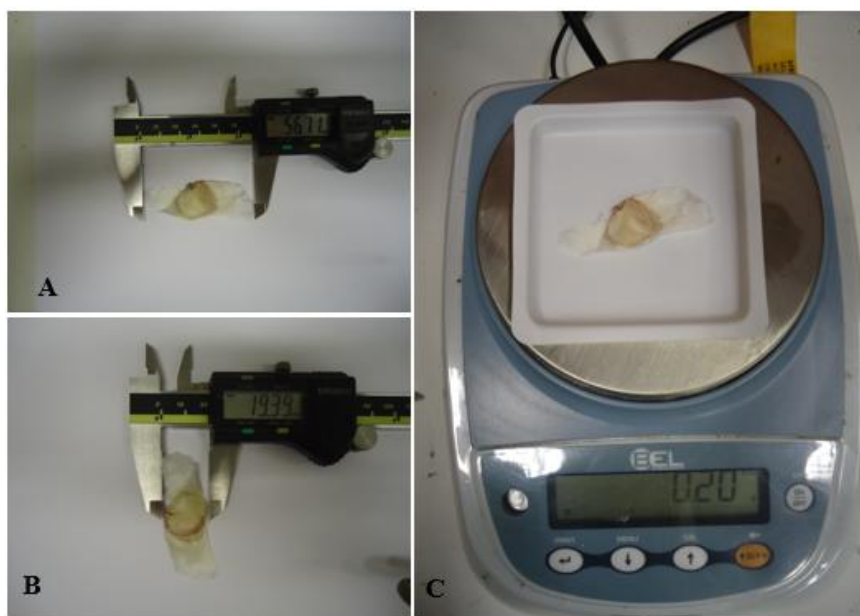


Figura 5. Medidas das variáveis das sementes. A, diâmetro longitudinal da semente (DLS); B, diâmetro transversal da semente (DTS); C, massa da semente (MS).

A altura inicial (ALTI) e altura final (ALTF) correspondem a primeira e a última medida da altura do caule, medidas com uma régua de poliestireno de 50 cm. O diâmetro inicial (DIAI) e o diâmetro final (DIAF) correspondem respectivamente, a primeira e a última medidas do diâmetro do caule e foram medidos com um paquímetro digital.

Para avaliarmos a taxa de crescimento em altura (TCA) e a taxa de crescimento em diâmetro (TCD), medimos a altura e diâmetro caule, relacionamos com tempo de vida até a data da medida, calculamos o quanto a plântula cresceu, em altura e diâmetro por mês, utilizando o coeficiente de regressão (Figura 6).



Figura 6. Medida das variáveis relacionadas ao crescimento inicial das plântulas. A, altura de caule; B, diâmetro de caule.

Depois da última medição das plântulas no viveiro, elas foram tiradas dos saquinhos para contar o número de folhas, medir o comprimento e largura de 3 folhas de cada plântula (Figura 7).

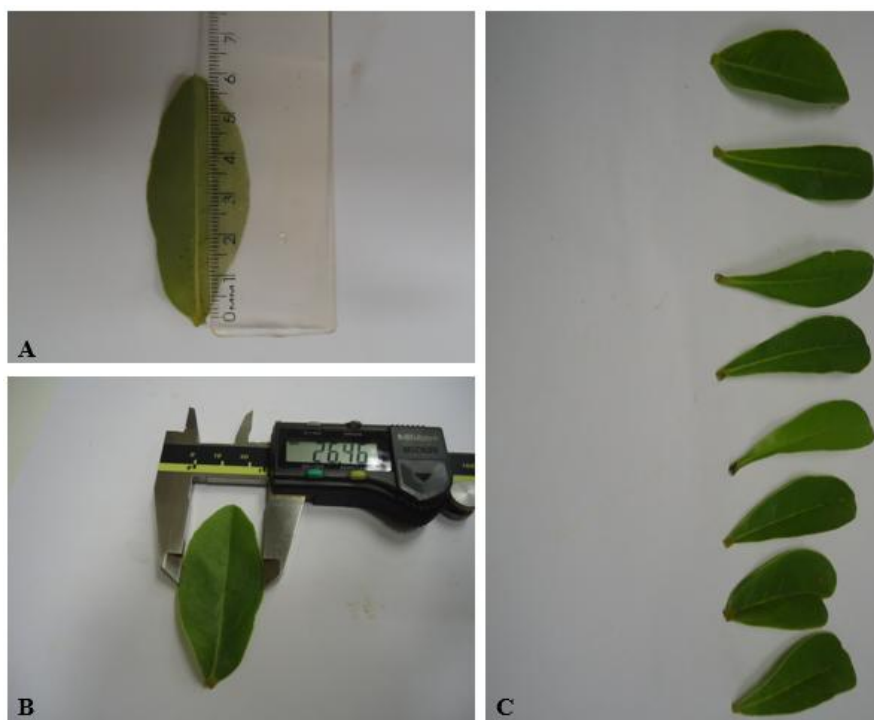


Figura 7. Medidas das variáveis relacionadas às folhas. A, comprimento da folha (CF); B, largura da folha (LF); C, número de folhas (NF).

Com as plântulas fora dos saquinhos, medimos o comprimento da parte aérea, que compreende caule e folhas (CPA), e o comprimento da raiz (CR) com uma régua de poliestireno de 15 cm (Figura 8).



Figura 8. Medidas relacionadas ao crescimento da plântula. A, crescimento da parte aérea (CPA) e crescimento da raiz (CR). Foto: Tatiana Souza do Amaral.

Em uma balança de precisão semi-analítica, pesamos a biomassa verde da raiz e da parte aérea (MVR e MVA). Após deixarmos as plântulas por três dias na estufa a 60°C, as pesamos para obter a biomassa seca da raiz e da parte aérea (MSR e MSA) (Figura 9).

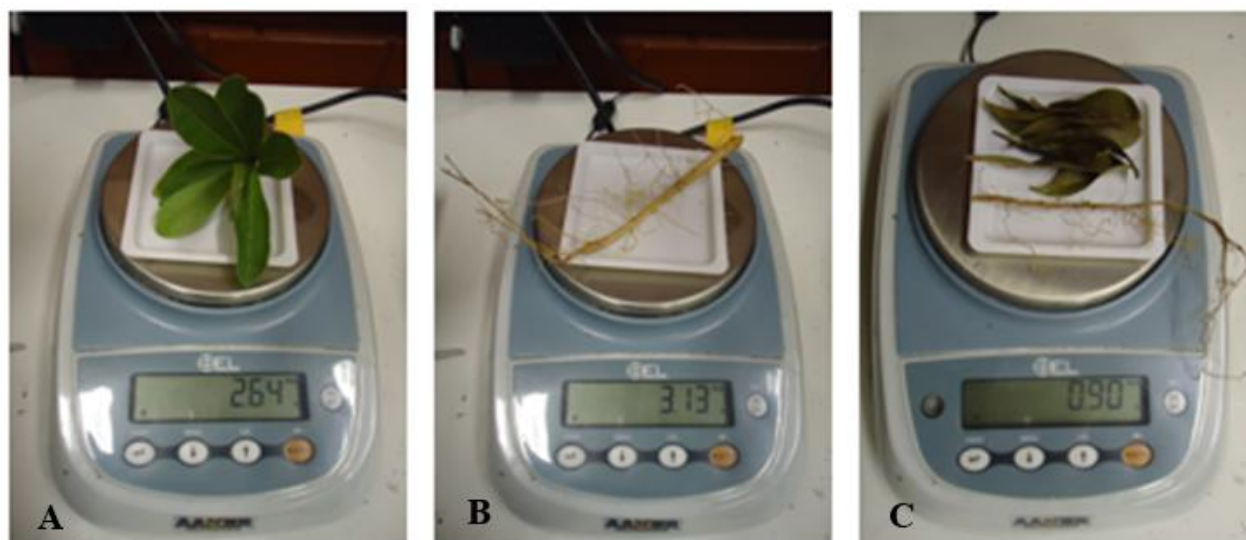


Figura 9. Medidas das variáveis relacionadas à biomassa das plântulas. A, massa verde da parte aérea (MVA); B, massa verde da raiz (MVR); C, massa seca da parte aérea (MSA) e massa seca da raiz (MSR).

2.4. Análise da variância e da diferenciação genética quantitativa

A variância genética quantitativa foi analisada considerando a variância dos caracteres dentro dos sítios, pois uma das condições para que ocorra seleção é a variação dos caracteres dentro da população (Ridley, 2006). A diferenciação genética quantitativa entre os pares de sítios dentro da mesma paisagem foi estimada pelos parâmetros Q_{ST} e P_{ST} . Para os caracteres cujas medidas foram obtidas no experimento (plântulas), nós calculamos o Q_{ST} , que é um estimador de diferenciação genética de caracteres fenotípicos quantitativos baseado na variância genética aditiva das populações (Spitze, 1993). Para estimar o Q_{ST} , os dados quantitativos devem ser obtidos com controle experimental, para evitar o máximo dos efeitos ambientais. O P_{ST} é um estimador análogo ao Q_{ST} (Leinonen *et al.*, 2008), utilizado para quantificar a diferenciação fenotípica entre e dentro das populações quando não temos o controle experimental dos dados para estimar o componente genético aditivo. Como este índice não separa os efeitos genéticos dos ambientais, a divergência encontrada pode ser consequência da plasticidade fenotípica. Portanto, estimamos o P_{ST} para as sementes coletadas no campo porque elas não foram obtidas por experimento em casa de vegetação.

Calculamos o Q_{ST} e o P_{ST} (Apêndice C, Scripts C1 e C2), utilizando os componentes de variância, obtidos a partir da análise de variância por modelo hierárquico (Apêndice B, Tabela 5),

considerando os efeitos dos sítios amostrais (S_i), progênies dentro dos sítios ($f_{j(i)}$) e dos resíduos ($e_{k(ij)}$).

O Q_{ST} foi calculado utilizando a fórmula (Spitze, 1993):

$$Q_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_S^2}{\hat{\sigma}_{Sub}^2 + \frac{2}{1 + F_{IS}} \hat{\sigma}_a^2}$$

Na qual:

Q_{ST} = divergência genética quantitativa

σ_S^2 = variância entre os sítios

F_{IS} = índice de fixação intrapopulacional

O P_{ST} foi estimado por meio da seguinte fórmula (Leinonen et al., 2006):

$$P_{ST} = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_S^2}$$

Na qual:

P_{ST} = divergência fenotípica

σ_s^2 = variância entre os sítios

2.5 Análise do potencial evolutivo

O potencial evolutivo é a capacidade de uma população de evoluir em resposta às mudanças ambientais. Uma das formas de avaliar o potencial evolutivo de populações naturais, considerando a sua variabilidade genética, é por meio do coeficiente de variação genética (CVg%) (Roff, 1997). O coeficiente de variação genética expressa a magnitude da variação genética, em relação à média de um caractere (Resende *et al.*, 1991). Para Sebbenn e colaboradores (1998), um coeficiente de variação genética acima de 7% é considerado alto. Avaliamos o potencial evolutivo, em nível de nó, calculando o coeficiente de variação genética dos caracteres quantitativos (*Apêndice B. Tabela 6*), para cada sítio amostral. Por meio deste parâmetro, estimamos a quantidade de variação genética para sabermos qual a capacidade de resposta da população à seleção em relação aos caracteres medidos. Também relacionamos o coeficiente de variação genética às métricas da paisagem.

Estimamos o coeficiente de variação genética para os caracteres avaliados a partir dos componentes da análise de variância aditiva por modelo hierárquico, como segue (Roff, 1997):

$$Y_{ijk} = \mu + S_i + f_{j(i)} + e_{k(ij)}$$

na qual:

Y_{ijk} = observação da variável Y na plântula k da progênie j do sítio i

μ = média geral das observações

S_i = efeito aleatório do sítio i

$f_{j(i)}$ = efeito aleatório da progênie j, dentro do sítio i

$e_{k(ij)}$ = erro experimental

No modelo foram considerados efeitos dos sítios amostrais (S_i), progênies dentro dos sítios ($f_{j(i)}$) e dos resíduos ($e_{k(ij)}$) (Tabela 1.3). Para cada caractere quantitativo foram estimados o componente de variância causada pela diferença entre progênies dentro dos sítios (σ_m^2), o componente de variância dentro dos sítios (σ_{AW}^2) e a diferença entre sítios (σ_s^2), segundo as equações:

$$\sigma_m^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{k_1}$$

$$\sigma_{AW}^2 = \frac{\sigma_m^2}{\theta_m^2}$$

$$\sigma_s^2 = \frac{Q_1 - k_2\sigma_m^2 - Q_3}{k_3}$$

O coeficiente de variação genética foi estimado somente para os caracteres medidos no experimento em casa de vegetação para evitar os efeitos ambientais. Estimamos o coeficiente de variação genética por meio da expressão:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_m^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

na qual:

CV_g = coeficiente de variação genética

σ_m^2 = variância entre progênies dentro dos pontos amostrais

$\bar{x}$ = média do caractere

2.6 Variáveis genéticas neutras

Para as análises da diversidade e diferenciação genética neutra, coletamos tecido foliar para a extração de DNA de aproximadamente 60 indivíduos adultos de *T. aurea* em cada sítio amostral. As expedições de coleta de folhas ocorreram entre os meses de janeiro a maio de 2015. Coletamos amostras e georreferenciamos cerca de 60 indivíduos adultos em diferentes partes de cada sítio amostral, para evitar a amostragem de indivíduos geneticamente aparentados. Para obtenção das variáveis genéticas neutras, utilizamos as dependências e equipamentos do Laboratório de Genética e Biodiversidade, do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás.

Extraímos o DNA genômico total das amostras de *Tabebuia aurea*, utilizando o protocolo de CTAB (Apêndice A.3), conforme Ferreira & Grattapaglia (1998), com algumas adaptações. Depois de extraído, o DNA foi quantificado em eletroforese em gel de agarose 1%, utilizando como

padrão o marcador de peso molecular λ DNA de 10, 20, 50, 100 e 200ng/ μ L e diluímos o DNA a uma concentração de 3ng/ μ L.

Os genótipos dos indivíduos adultos foram obtidos utilizando dez loci microssatélites, previamente desenvolvidos e otimizados para *Tabebuia aurea* por Braga *et al.* (2007). Os *primers forward* foram marcados com fluorescência (Apêndice A.4). Para as reações em cadeia da Taq polimerase (PCR), de volume total de 10 μ L, utilizamos 6,0 ng de DNA, 1 μ M ou 2 μ M de cada primer (*forward/reverse*), 1 unidade de Taq DNA polymerase (Phoneutria), 2,5 μ M de dNTP, 10 μ M de tampão (10 mM Tris-HCl, pH 8,3, 50 mM KCl, 1,5 mM MgCl₂), 0,25 μ g de BSA, 5 μ M de MgCl₂ e 2,7 μ L de água Milli-Q. As amplificações foram realizadas em termociclador Gene Amp PCR System 9700 e Veriti Thermal Cycler, ambos da Applied Biosystems, sobre as seguintes condições: 95°C por 5 min (1 ciclo), 94°C por 1 min, 56°C por 1 min (temperatura de anelamento de todos os primers), 72°C por 1 min (35 ciclos); e 72°C por 45 min (1 ciclo). A genotipagem foi feita em um sequenciador automático 3500 Genetic Analyser (Applied Biosystems, CA, USA). Para visualização e determinação dos genótipos utilizamos o *software* Genemapper 5 (Applied Biosystems, CA), utilizando sistemas multiplex de genotipagem, combinando os *primers* de diferentes fluorescências e de diferentes tamanhos de fragmento.

A diversidade genética neutra, em nível de nó, foi estimada utilizando o *software* FSTATS (Goudet, 1995), considerando os genótipos dos indivíduos adultos obtidos a partir de 10 loci microssatélites (Apêndice B, Tabela B7). A heterozigosidade esperada (H_e) é a proporção de loci heterozigóticos que se espera encontrar em uma população assumindo o equilíbrio de Hardy-Weinberg (Nei, 1978), utilizada para caracterizar a diversidade genética. A riqueza alélica (AR) é uma medida de diversidade genética, relacionada ao número de alelos em um loco (Mousadik & Petit 1996). O coeficiente de endocruzamento (f) é a probabilidade de que os dois alelos de um loco em um indivíduo endo cruzado sejam idênticos por descendência (Hartl, 2010). O tamanho efetivo populacional (N_e) é um importante parâmetro de representatividade genética estimado a partir das frequências alélicas dos indivíduos adultos que foi utilizado como uma variável da paisagem.

Estimamos a diferenciação genética neutra (Apêndice B, Tabela B8) entre os pares de sítios amostrais, aninhados nas paisagens usando o F_{ST} de Wright (Wright, 1951), obtido a partir de uma análise de variância das frequências alélicas (Weir e Cockerham, 1984). Também calculamos o G_{ST} Hedrick (2005) baseado no F_{ST} , mas leva em consideração a diversidade observada dentro da população e número de subpopulações, e o $Jost' D$ (Jost, 2008) que se baseia no número efetivo de alelos em vez da heterozigosidade esperada.

2.7 Métricas de paisagem

Realizamos um mapeamento baseado nas imagens do Google Earth, disponíveis no mapa base do Sistema de Informações Geográficas – ArcGis, para identificar a composição da cobertura do solo da área de estudo. O mapeamento foi realizado utilizando imagem digital e classificação manual na escala de 1: 5.000 m, com inspeção de campo. Identificamos toda a cobertura possível da terra em cada local de amostragem para caracterizar a heterogeneidade completa da paisagem. O mapeamento abrangeu 11 diferentes classes de cobertura do solo, como: i) cursos de água; ii) savana; iii) mata ciliar; iv) floresta sazonal; v) zonas úmidas; vi) pastagem, vii) agricultura (milho ou soja); viii) construção rural; ix) área urbana; x) estradas e ferrovias e xi) plantação de *Eucalyptus spp.*

Quantificamos as variáveis de paisagem no nível do nó e do link. O nível de nó considera cada sítio amostral como unidade de análise, e para calcular as métricas da paisagem no nível do nó, selecionamos os 10 fragmentos de savana e executamos *buffers* de 0,5 km em torno de cada fragmento focal (Figura 10A). Escolhemos essa distância mínima para evitar sobreposição entre os buffers no nível do nó. O nível de *link* considera o par de sítios dentro das paisagens, como unidades de análise. Para realizar a análise no nível do *link*, identificamos o ponto médio entre os sítios amostrais de cada uma das 5 paisagens e realizamos análises em várias escalas, gerando diferentes buffers de 2, 4 e 6 km de raio ao redor de cada ponto médio (Figura 10B). Os buffers de 6 km de raio correspondiam ao tamanho máximo para evitar sobreposição no nível do *link*.

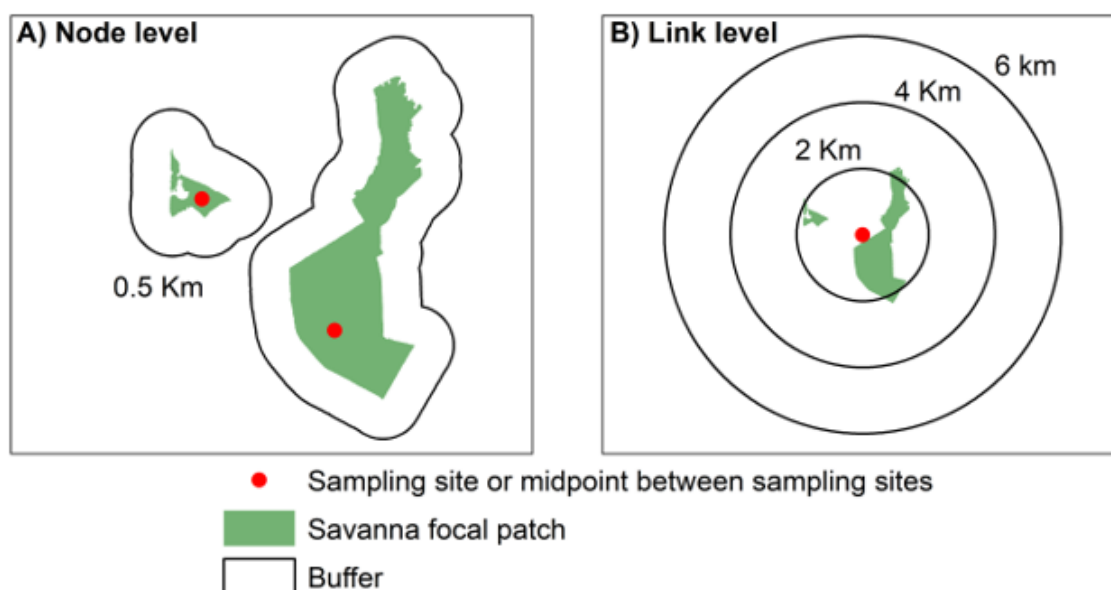


Figura 10. Descrição do modelo usado para realizar análises em escala de paisagem. A) Exemplo de como as métricas da paisagem foram calculadas no nível de nó (node level). B) Exemplo de como as métricas da paisagem foram realizadas no nível do link (link level), considerando diferentes escalas espaciais. Imagem: Juliana Silveira dos Santos.

Para medir a influência do padrão da paisagem nos dados genéticos, quantificamos diferentes métricas de composição e configuração da paisagem nos níveis do nó (0,5 km) e de *link* (2, 4 e 6 km). Como a savana é considerada um tipo de vegetação essencial para o estabelecimento de *T. aurea*, estimamos a quantidade total de *habitat*, calculando a porcentagem de savana para os níveis de nó e de *link*, em diferentes escalas espaciais. Além disso, para evitar a correlação entre a quantidade de habitat em diferentes escalas espaciais no nível do *link*, subtraímos a porcentagem de savana nas escalas adicionais e consideramos esses novos valores como uma métrica adicional. Dessa forma, a métrica “%_porcentagem de savana_4_2km” correspondeu à porcentagem de savana na escala de 4 km menos a porcentagem de savana na escala de 2 km.

Para identificar se outros tipos de cobertura da terra, essenciais à presença de polinizadores, podem influenciar no estabelecimento de *T. aurea*, somamos a porcentagem de savana com a porcentagem de outros tipos de cobertura da terra: i) %_savana + pastagem + áreas úmidas e ii) %_savana + pastagem + floresta_ sazonal + floresta ripária + áreas úmidas. Nesse caso, também evitamos valores correlacionados, subtraindo os valores de cada métrica em escalas adicionais.

A heterogeneidade de composição da paisagem foi calculada pelo índice de Shannon (SHDI), disponível em Fragstats (McGarigal *et al.* 2012). Nesta métrica foram considerados todos os tipos de cobertura da terra descritos na área de estudo. Para estimar a conectividade funcional da paisagem, selecionamos todos os trechos de savana nas diferentes escalas espaciais e realizamos *buffers* individuais de 500 m de raio ao redor de cada sítio. Escolhemos esse raio devido à distância de forrageamento de potenciais polinizadores de *T. aurea*, como *Bombus* e *Centris* (Braga & Collevatti, 2011). Consideramos como conectividade funcional a soma da área em hectares de todas as áreas de savana mais a área conectada pelos *buffers*. A conectividade funcional da paisagem foi realizada no software GRASS (GRASS Development Team, 2017).

Para calcularmos a qualidade da matriz, usamos a métrica *Buffer Matrix Quality* (BMQ) proposta por Lion *et al.* (2014). Nesta métrica ($SMQ = \frac{P_i Q_i}{\sum P_i}$), foi necessário atribuir uma pontuação de qualidade (Q_i) a cada tipo de cobertura da terra, considerando os requisitos e recursos que cada cobertura da terra pode fornecer para espécies focais. Nesse caso, pontuamos cada cobertura do solo com base nas características dos polinizadores de *T. aurea*. Para isso, consideramos nossa experiência pessoal, literatura e opinião de outros especialistas no comportamento das abelhas. O P_i correspondeu à porcentagem de cada classe, em cada paisagem e em diferentes escalas espaciais. Nossos valores de pontuação variaram de 0,2 a 1,0, onde valores

baixos corresponderam a áreas mais impermeáveis e os valores mais altos corresponderam às áreas mais permeáveis às espécies de polinizadores (*Apêndice B, Tabela B9*).

2.8 Análise de dados

Calculamos a média de cada característica quantitativa dentro de cada população nos níveis de nó e *link*. Para minimizar a correlação entre características quantitativas, realizamos análises de correlação de Pearson. Dessa forma, para as análises subsequentes, foram excluídas as características quantitativas com valores do coeficiente de correlação $> 0,5$ (*Apêndice B, Tabela B3*).

Para variáveis de paisagem em nível do *link*, primeiro avaliamos a escala de efeito calculando a correlação de Pearson, entre as mesmas métricas de paisagem em diferentes escalas espaciais (*Apêndice B, Tabela B10*). Também avaliamos a colinearidade entre as métricas da paisagem; e depois realizamos a correlação de Pearson entre as métricas selecionadas na etapa anterior, nas escalas de 2Km, 4Km e 6 Km (*Apêndice B, Tabela B11*). No nível do nó, avaliamos os valores do coeficiente de correlação entre todas as métricas da paisagem, calculadas anteriormente na escala espacial de 500m (*Apêndice B, Tabela B12*).

Utilizamos modelos lineares generalizados (GLM) para avaliar os efeitos de composição e configuração da paisagem, em cada variável de resposta. Como encontramos uma colinearidade severa entre as métricas da paisagem em diferentes escalas espaciais os modelos lineares no nível do nó foram realizados considerando a quantidade de habitat, a heterogeneidade composicional, e o tamanho efetivo populacional (N_e) (variável genética neutra utilizada como variável preditora), em uma escala espacial de 500m; e para o nível de *link*, os modelos foram realizados com base na quantidade de habitat em uma escala espacial de 2 km (*Apêndice B, Tabela B13*). Avaliamos a distribuição dos resíduos de todos os modelos. Devido ao pequeno número de amostras (número de paisagens), fixamos uma distribuição gaussiana em todos os modelos realizados e não elaboramos um modelo nulo. (Tabela 4).

Tabela 4. Modelos realizados para análise de influência da paisagem na diversidade genética neutra, no potencial evolutivo e na variação adaptativa de *T. aurea*.

Tipo de análise	Variável resposta	Variável preditora
Nó	<u>Diversidade genética</u>	<u>Paisagem -500 m</u>
	Heterogeneidade esperada (H_e)	Heterogeneidade Composicional
	Riqueza alélica (AR)	Quantidade de habitat (%)
	Coeficiente de endogamia (f)	<u>Genética</u>
		Tamanho efetivo da população (N_e)
	<u>Variação adaptativa quantitativa</u>	<u>Paisagem -500 m</u>
	DLS-média (semente)	Heterogeneidade Composicional
	DTS-média (semente)	Quantidade de habitat (%)

Tipo de análise	Variável resposta	Variável preditora
	MS-média (semente)	
	NF-média (semente)	
	LF-média (plântula)	
	CR-média (plântula)	
	MSR-média (plântula)	<u>Genética</u>
	CPA-média (plântula)	Tamanho efetivo da população (N_e)
	<u>Coefficiente de Variação Genética</u>	<u>Paisagem -500 m</u>
	DLS-média (semente)	Heterogeneidade Composicional
	DTS-média (semente)	Quantidade de habitat (%)
	MS-média (semente)	
	NF-média (semente)	
	LF-média (plântula)	
	CR-média (plântula)	
	MSR-média (plântula)	<u>Genética</u>
	CPA-média (plântula)	Tamanho efetivo da população (N_e)
	<u>Diferenciação genética</u>	<u>Paisagem – 2, 4 e 6 km</u>
	Fst	Quantidade de habitat 2km (%)
	Gst	
	Jost'd	
	Coeficiente de endogamia (Fis)	
	Qst (plântula)	
	Pst (semente)	
Link	<u>Variação adaptativa quantitativa</u>	<u>Paisagem – 2, 4 e 6 km</u>
	DLS-média (semente)	Quantidade de habitat 2km (%)
	DTS-média (semente)	
	MS-média (semente)	
	NF-média (semente)	
	LF-média (plântula)	
	CR-média (plântula)	
	MSR-média (plântula)	
	CPA-média (plântula)	

Para encontrar o melhor modelo preditivo em nível do nó, consideramos a significância dos valores de p e comparamos os modelos usando o Critério de Informação Akaike (AIC). Entretanto, corremos os critérios de Akaike apenas para os modelos que foram identificados valores de p significativos ou marginalmente significativos ($p < 0,05$). Calculamos o AIC corrigido para pequenos tamanhos amostrais (AICc) e a diferença de cada modelo e o melhor modelo ($\Delta AICc_i$). Também estimamos o peso da evidência de Akaike ($wAICc$) como a contribuição relativa do modelo para explicar o padrão observado, dado um conjunto de modelos concorrentes (Burnhan e Anderson, 2004). Modelos com $\Delta AICc < 2$ foram considerados igualmente plausíveis para explicar o padrão observado (Zuur et al., 2009).

Para selecionar o melhor modelo preditivo em nível de *link*, usamos a significância do valor de p ($p < 0,05$), devido à nossa pequena amostragem ($N = 5$). Além disso, a amostragem feita no Parque estadual de Serra da Caldas teve um comportamento de outlier nas análises realizadas e não favoreceu para o ajuste dos modelos. Para minimizar esse padrão, transformamos as variáveis preditoras na escala $\log_{10}$. Realizamos todas as análises estatísticas no *software* R nos pacotes *mgvc*, *bblme*, *visreg* e *ggplot2* (R Development Core Team, 2013). Utilizamos a média dos caracteres quantitativos para analisar a variância destes caracteres nas métricas em escala da paisagem. Para calcular o coeficiente de variação genética, P_{ST} e Q_{ST} foram utilizados os valores originais.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados deste trabalho confirmaram que a diversidade genética neutra, a variação adaptativa e o potencial evolutivo de *Tabebuia aurea* são influenciadas pelas variáveis da paisagem (Tabela 5). Nas análises em nível de nó, a quantidade de habitat foi a principal métrica da paisagem que influenciou as variáveis resposta.

Tabela 5. Resultado da seleção de modelos AIC em nível de nó.

Modelos	He				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Quantidade de habitat	-49.5	0	3	0.94	0.013**
Tamanho efetivo populacional (Ne)	-42.8	6.7	3	0.03	0.3
Heterogeneidade composicional	-41.7	7.8	3	0.01	0.64
	AR				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Quantidade de habitat	41.6	0	3	0.87	0.043**
Tamanho efetivo populacional (Ne)	46.7	5.1	3	0.06	0.64
Heterogeneidade composicional	46.8	5.2	3	0.06	0.71
	DLS (média-semente)				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Quantidade de habitat	53.1	0	3	0.65	0.0992*
Tamanho efetivo populacional (Ne)	55.5	2.4	3	0.2	0.333
Heterogeneidade composicional	56	2.9	3	0.15	0.474
	NF (média-plântula)				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Tamanho efetivo populacional (Ne)	17.1	0	3	0.74	0.0773*
Quantidade de habitat	20.5	3.4	3	0.14	0.443
Heterogeneidade composicional	20.7	3.6	3	0.12	0.509
	Coeficiente de Variação Genética (DTS)				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Heterogeneidade composicional	65.4	0	3	0.81	0.038**
Quantidade de habitat	69.7	4.3	3	0.09	0.31
Tamanho efetivo populacional (Ne)	69.8	4.5	3	0.08	0.34
	Coeficiente de Variação Genética (NF)				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Quantidade de habitat	71.4	0	3	0.69	0.095*
Tamanho efetivo populacional (Ne)	74.2	2.8	3	0.17	0.407
Heterogeneidade composicional	74.6	3.2	3	0.14	0.565
	Coeficiente de Variação Genética (CR)				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Quantidade de habitat	59.8	0	3	0.92	0.021**
Tamanho efetivo populacional (Ne)	65.9	6.2	3	0.04	0.412
Heterogeneidade composicional	66.5	6.7	3	0.03	0.63
	Coeficiente de Variação Genética (MSR)				
	AICc	Δ AICc	df	weight	p-value
Heterogeneidade composicional	79.6	0	3	0.83	0.060*
Quantidade de habitat	84.2	4.5	3	0.08	0.737
Tamanho efetivo populacional (Ne)	84.3	4.7	3	0.08	0.983

Os modelos selecionados em nível de nó estão destacados em negrito, possuem o $\Delta AICc < 2$ e significância estatística (valor de $p < 0,05$). Nota: Heterozigosidade esperada (HE), riqueza alélica (AR), diâmetro longitudinal das sementes (DLS) e número de folhas (NF). Coeficiente de variação genética do diâmetro transversal das sementes (DTS), do número de folhas (NF), do comprimento das raízes (CR) e da massa seca da raiz (MSR) referente às variáveis de resposta. Variáveis da paisagem, como quantidade de habitat e heterogeneidade composicional e tamanho efetivo da população (N_e), é referente às variáveis explicativas. Os principais efeitos e interações que não foram incluídos no melhor modelo não foram mantidos nesta tabela. Os asteriscos indicam significância estatística (valor de $p < 0,05$), onde: ** significativo e * marginalmente significativo. AIC corrigido para pequenos tamanhos amostrais ($AICc$), a diferença de cada modelo e o melhor modelo ($\Delta AICc_i$) e o peso da evidência de Akaike ($wAICc$).

3.1 Influência da Paisagem na Diversidade e Diferenciação Genética Neutra

Calculamos os índices de diversidade genética neutra (H_e , AR , f), a partir dos genótipos dos indivíduos adultos, obtidos de dez loci microssatélites. Todos os loci apresentaram alta diversidade genética e estão sob o equilíbrio de Hardy-Weinberg (Apêndice B, Tabela B7). Nas análises em nível de nó, os sítios com menor quantidade de habitat apresentaram os maiores valores dos parâmetros de diversidade genética neutra (Figura 10, a e b). E em nível de *link*, as paisagens com menor quantidade de habitat apresentaram menor diferenciação genética neutra (Figura 10, c).

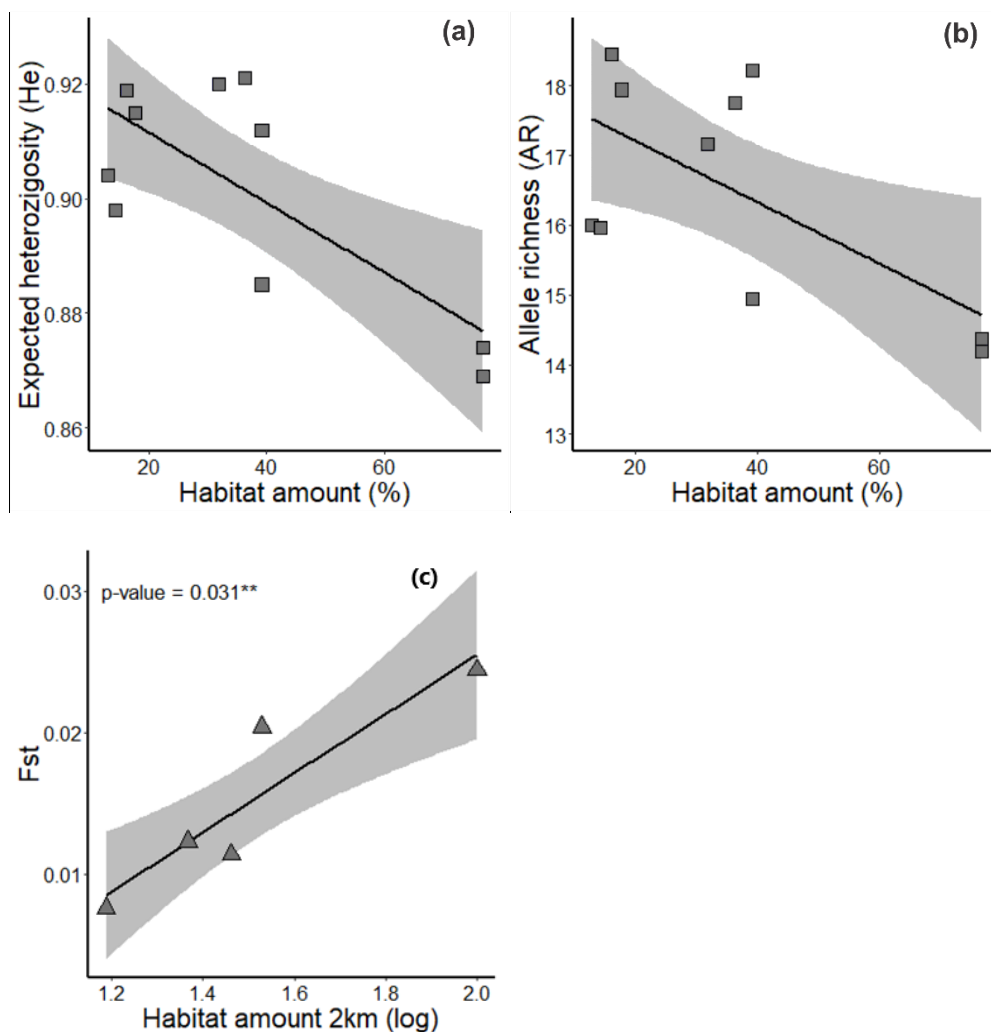


Figura 11. Representação gráfica de seleção de modelos. (a) heterozigosidade esperada (H_e); (b) riqueza de alelos (AR) de *Tabebuia aurea* em função da quantidade de habitat; (c) Diferenciação genética neutra (F_{ST}). A regressão linear se ajusta e as áreas sombreadas com intervalos de confiança de 95%. Todos os ajustes foram significativos ** ou marginalmente significativos * (valor de $p < 0,05$).

A diversidade genética neutra encontrada nos genótipos dos indivíduos adultos, aqui representada pela proporção de loci heterozigóticos (H_e) e pelo número de alelos em um loco (AR), foi maior nos sítios amostrais com menor quantidade de habitat (nível de nó). Esses sítios pertencem às paisagens com menor porcentagem de habitat (P1, P2 e P4) e correspondem às áreas de reserva legal das propriedades rurais amostradas neste estudo. Os dois sítios amostrais de qualquer uma dessas paisagens localizam-se em fragmentos de habitat diferentes, com distância máxima de 2.300m entre eles (Tabela 1). Possivelmente o pequeno número de plantas adultas floridas tenha forçado os polinizadores a cruzar as diferentes matrizes em busca de recursos, tenha promovido o fluxo gênico entre os indivíduos dos pares sítios e tenha diminuído a diferenciação genética neutra (F_{ST}) nessas paisagens. Geralmente, os pequenos fragmentos de vegetação são destruídos, e como

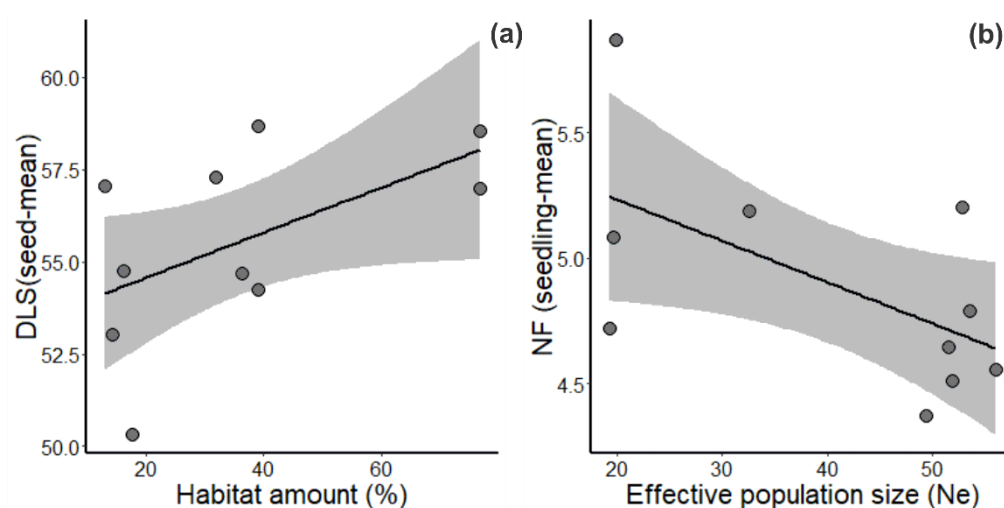
resultado perdemos muitas espécies confinados a esses ambientes e diminuimos a biodiversidade (Schoville, et al., 2012). Mas áreas de reserva legal (ARL), que equivalem a uma porcentagem de terras produtivas da propriedade rural, devem permanecer com a vegetação nativa, para a conservação e uso sustentável dos recursos naturais e para restauração de processos ecológicos (Metzger, 2002). O debate sobre a redução das áreas de preservação permanente e de reserva legal são extremamente relevantes, pois envolve questões econômica e ambientais, que devem levar em consideração o conhecimento científico fundamentado nos avanços da biologia da conservação (Metzger, 2002). Nossos resultados corroboram com o argumento de manutenção e regeneração das áreas de reserva legal, em consequência da sua grande contribuição para a diversidade genética neutra de *T. aurea*.

As paisagens P3 e P5 apresentaram maior diferenciação genética neutra (F_{ST}), também correspondem às unidades de conservação FLONA e PESCN, respectivamente. Nestas paisagens os sítios amostrais ficam em áreas contínuas de savana e os indivíduos de *T. aurea* são encontrados em agrupamentos. Este padrão agrupado de distribuição e a floração simultânea podem levar à permanência dos polinizadores na mesma planta ou em grupos de indivíduos próximos, devido à alta disponibilidade de recurso. Estes eventos podem promover a autofecundação e/ou dispersão de pólen a curtas distâncias, resultando na diminuição da diversidade genética dentro dos sítios amostrais e no aumento da diferenciação genética nas paisagens com a maior quantidade de habitat. Estudo sobre a variação temporal da dispersão de pólen e o sistema reprodutivo, também foi observada a distribuição agrupada e que a maioria dos eventos de polinização em *T. aurea*, ocorrem em distâncias inferiores à 300 metros (Braga & Collevatti, 2011).

Corroborando com os nossos resultados, alguns autores apontaram que vários fragmentos (pequenos ou médios) podem abranger uma heterogeneidade de habitats muito maior do que um único grande fragmento (Tscharntke *et al.*, 2002); e fornecer alta diversidade de habitat para espécies com diferentes exigências ambientais (Hu *et al.*, 2012). Esta fragmentação pode aumentar a conectividade funcional da paisagem e facilitar o movimento dos organismos, incluindo polinizadores e dispersores de plantas (Fahrig, 2017).

3.2 Influência da Paisagem na Variação Adaptativa e Diferenciação Quantitativa

Os caracteres quantitativos de *T. aurea*, que foram avaliados apresentaram variação que alternou de alta variação para largura de semente (DLS 12,34 a 63,32mm) à baixa variação do crescimento da parte aérea da plântula (CPA 3,7 a 7,5 cm) (Apêndice B, Tabela 1). Para a variação adaptativa em nível de nó, a largura das sementes (DLS) foi maior em sítios com maior quantidade de habitat (Figura 11, a); e o número de folhas (NF) das plântulas foi maior nos sítios com o menor tamanho efetivo populacional (Figura 11, b). Em nível de *link*, a maioria das características apresentou baixa diferenciação fenotípica, mas a largura de folhas (LF) apresentou maior diferenciação quantitativa (Q_{ST}) nas paisagens com maior quantidade de habitat (Figura 11, c). A estrutura da paisagem e o tamanho efetivo populacional não influenciaram na variação na média dos demais caracteres quantitativos.



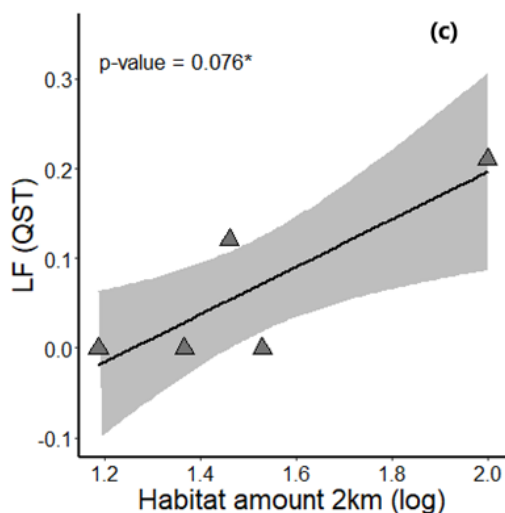


Figura 12. Representação gráfica de seleção de modelos. (a) diâmetro longitudinal da semente (DLS) em função da quantidade de habitat; (b) número de folhas (NF) das plântulas em função do tamanho efetivo da população (N_e); (c) diferenciação genética quantitativa (Q_{ST}) da largura das folhas (LF) em função da quantidade de habitat. A regressão linear se ajusta e áreas sombreadas com intervalos de confiança de 95%. Todos os ajustes foram significativos ** ou marginalmente significativos * (valor de $p < 0,05$).

Os sítios com maior quantidade de habitat apresentaram sementes maiores (DLS, diâmetro longitudinal da semente). As sementes de *T. aurea* são dispersas pelo vento e sementes grandes tendem ser dispersas a curtas distâncias, aumentando a diferenciação e diminuindo a diversidade genética e de fato, observamos este resultado. No entanto, o tamanho da semente (DLS) tem correlação positiva com a porcentagem de germinação (PG) e a taxa de emergência da semente (TEM) (Apêndice B, Tabela B3). Possivelmente, existe um trad-off entre o tamanho da semente e sua capacidade de germinação, ou seja, mesmo que a semente grande não possa ser dispersa por grandes distâncias, ela tem mais chance de germinar e pode crescer mais rápido, garantindo maior a sobrevivência das plântulas nas savanas (Lahoreau et al., 2006).

As plântulas de *T. aurea* que apresentaram maior número de folhas (NF) são provenientes dos sítios com menor tamanho efetivo populacional (N_e) (Apêndice B, Tabela B13). Essas áreas correspondem à reservas legais de propriedades rurais. Possivelmente a representatividade genética dos indivíduos adultos destas áreas conserve muitos alelos, que podem ainda fornecer variabilidade genética para que haja variação deste caractere, o suficiente para manter por longo tempo uma grande proporção da variação genética de uma população (Vencovsky, 1986; Sebbenn, 2002).

Em nível do link, a diferenciação genética na largura de folha (LF), com base no Q_{ST} foi significativamente relacionado à quantidade de habitat. Isso significa que as plântulas provenientes das paisagens com maior quantidade de habitat, tiveram maior diferenciação genética quantitativa para largura de folha (LF) (Figura 12, c).

3.3. Influência da Paisagem no Potencial Evolutivo

O potencial evolutivo foi avaliado em nível de nó, calculando o coeficiente de variação genética ($CVg\%$) dos caracteres quantitativos para cada sítio amostral. O potencial evolutivo expressa a capacidade de resposta da população à seleção natural, considerando sua variabilidade genética quantitativa. As características quantitativas apresentaram diferentes valores de coeficiente de potencial evolutivo, nos diferentes sítios amostrais (Apêndice B, Tabela B6). O coeficiente de variação genética ($CVg\%$) do número de folhas das plântulas (NF), foi favorável para plântulas com folhas nos sítios amostrais com maior quantidade de habitat (Figura 12, a). O coeficiente de variação genética ($CVg\%$) do comprimento da raiz (CR), foi favorável para plântulas com raízes maiores nos sítios amostrais com menor quantidade de habitat (Figura 12, b). O coeficiente de variação genética do diâmetro transversal das sementes (DTS), foi favorável para sementes menores em sítios amostrais com maior heterogeneidade composicional (Figura 12, c). O coeficiente de variação genética ($CVg\%$) da massa seca da raiz (MSR), foi favorável para plântulas que acumulou mais biomassa na raiz em sítios amostrais com maior heterogeneidade composicional (Figura 12, d).

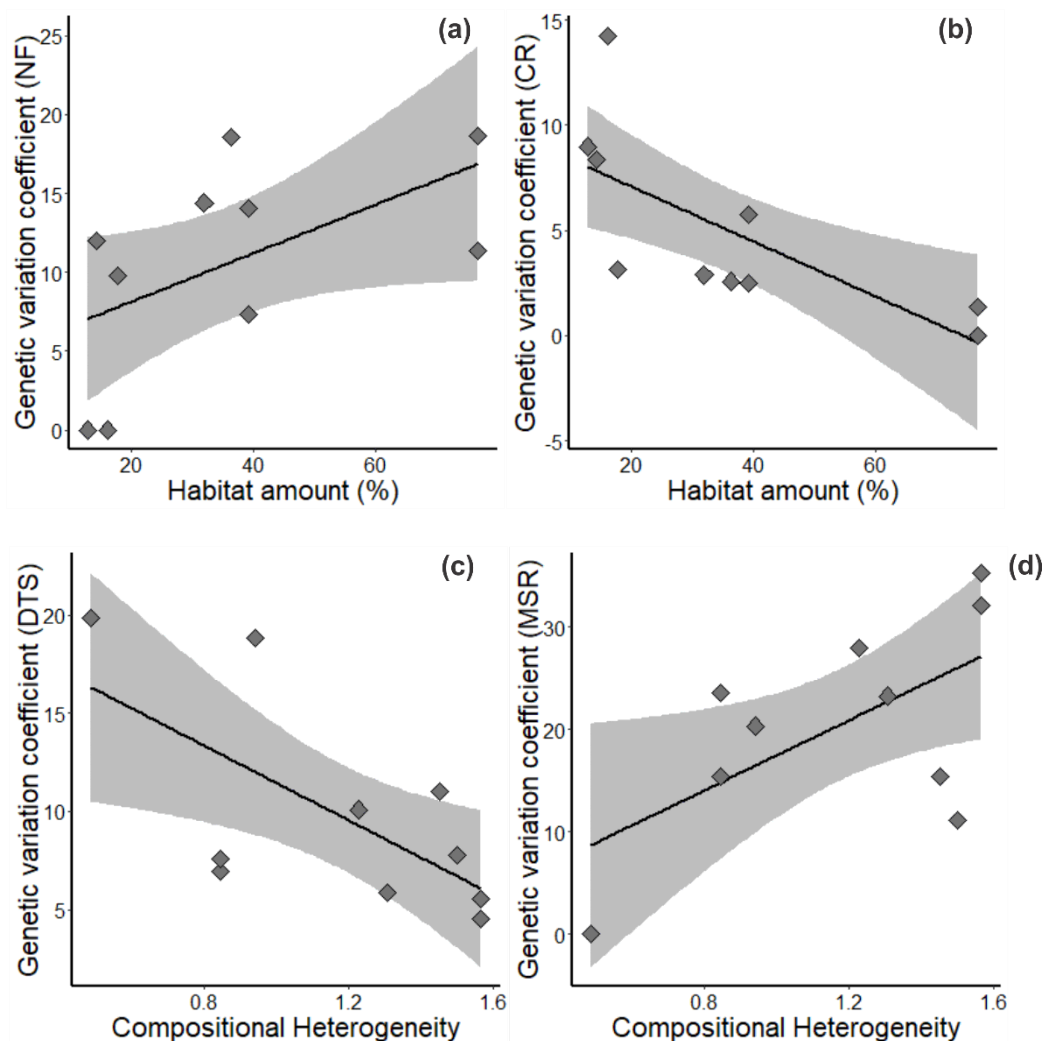


Figura 13. Representação gráfica de seleção de modelos. Coeficiente de variação genética dos caracteres quantitativos de *T. aurea*. (a) número de folhas (NF) e (b) comprimento das raízes - abaixo do solo (CR) em função da quantidade de habitat; (c) diâmetro transversal das sementes (DTS) e (d) massa das raízes secas (MSR) em função da heterogeneidade composicional. A regressão linear se ajusta e áreas sombreadas com intervalos de confiança de 95%. Todos os ajustes foram significativos ** ou marginalmente significativos * (valor de $p < 0,05$).

Para o potencial evolutivo ($CVg\%$) do número de folhas (NF), as plântulas de *T. aurea* providas de sítios amostrais com maior quantidade de habitat apresentavam maior quantidade de folhas. Especialmente por meio das folhas que ocorre grande parte da resposta das plantas ao ambiente. A quantidade e o tamanho das folhas estão relacionados à competição por luz, trocas gasosas e dependente da disponibilidade de água e nutrientes (Simioni *et al.*, 2017). Essas áreas correspondem às unidades de conservação amostradas, onde os indivíduos podem apresentar-se muito próximos uns dos outros, consequentemente, mais folhas fazem melhor aproveitamento da luz solar, o que é muito importante para adaptação das plântulas (Faleiro & Saiki 2007).

Para o potencial evolutivo ($CVg\%$) do comprimento da raiz (CR), as plântulas procedentes dos sítios amostrais com menor quantidade de habitat, apresentaram raízes maiores. Esta característica é vantajosa por permitir que as plântulas obtenham água durante a estiagem, em lençóis freáticos profundos. Estas áreas correspondem às reservas legais das propriedades rurais, estão próximas de agrossistemas e apresentam habitat reduzido, portanto, raízes maiores podem garantir a sobrevivência das plântulas à seca e ao fogo (Hoffmann *et al.*, 2004).

Para o coeficiente de variação genética ($CVg\%$) do diâmetro transversal das sementes (DTS), as sementes maiores foram encontradas em sítios com menor heterogeneidade composicional. As áreas que apresentaram menor heterogeneidade composicional (Apêndice B, Tabela B13), correspondem aos sítios amostrais nas Unidades de Conservação (UC), que possuem menos tipos de cobertura da terra e também são os sítios com mais quantidade de savana. Esses locais podem fornecer mais recursos para sementes maiores (Westoby *et al.*, 1996), embora elas não possam ser dispersas para longas distâncias.

Para o coeficiente de variação genética ($CVg\%$) da massa seca da raiz (MSR), as plântulas com raízes que acumularam maior biomassa, vieram dos sítios amostrais com maior heterogeneidade composicional (Figura 12, d). Estes sítios estão em regiões dominadas por agroecossistemas e podem ser mais estressantes para as espécies vegetais, devido à menor quantidade de habitat e a presença de áreas urbanas, estradas e agricultura (Collevatti *et al.*, 2020). As plântulas costumam alocar maior porcentagem da biomassa na parte radicular do que a parte aérea, o que é vantajoso por permitir que as plântulas armazenem água durante a estiagem, fato observado com muita frequência em plantas do Cerrado (Poggiani *et al.*, 1981; Cabral *et al.*, 2004).

O potencial evolutivo apresentado por essas características quantitativas adaptativas, indica que as populações ainda possuem variação suficiente para responder à seleção e às mudanças ambientais. No entanto, é importante notar que várias populações já têm baixa variação genética aditiva para algumas características em estágio de plântula. O potencial evolutivo a curto prazo depende na variação genética aditiva da população (Hansen *et al.*, 1997) e, portanto, essas populações precisam ter capacidade evolutiva para características, que são fundamentais para a persistência a longo prazo da espécie nessas paisagens (Collevatti *et al.*, 2020).

4. CONCLUSÕES

As variáveis da paisagem com maior influência na diversidade genética neutra, na variação adaptativa e no potencial evolutivo de *Tabebuia aurea* foram a quantidade de habitat e a heterogeneidade composicional.

As populações dos sítios amostrais com menor quantidade de habitat apresentaram maior diversidade genética neutra. No entanto, as populações das paisagens com maior quantidade habitat apresentaram maior diferenciação genética neutra. Resultado explicado pela floração massiva e simultânea da espécie e pelo comportamento de forrageamento dos polinizadores.

Para a variação genética adaptativa, os sítios com maior quantidade de habitat apresentaram sementes maiores (DLS), que tendem ser dispersas a curtas distâncias, aumentando a diferenciação e diminuindo a diversidade genética. No entanto, mesmo que as sementes grandes não possam ser dispersas por grandes distâncias, elas têm mais chance de germinar e podem crescer mais rápido, garantindo maior a sobrevivência das plântulas nas savanas. As populações nos sítios com menor quantidade de habitat apresentaram sementes menores, que são dispersas pelo vento e tendem ser dispersas a longas distâncias. As plântulas de *T. aurea* que apresentaram maior número de folhas (NF) são provenientes dos sítios com menor tamanho efetivo populacional (N_e). A diferenciação genética na largura de folha (LF), com base no Q_{ST} foi significativamente relacionado à quantidade de habitat.

Para o potencial evolutivo, os sítios amostrais com menor quantidade de habitat tiveram um resultado positivo para o coeficiente de variação genética (CVg%) do número de folhas (NF) e do comprimento da raiz (CR). As plântulas de *T. aurea* apresentaram maior quantidade de folhas, aproveitando melhor da luz solar, o que é muito importante para adaptação das plântulas. As plântulas apresentaram raízes maiores, permitindo o alcance de água em lençóis freáticos profundos. Os sítios amostrais com maior heterogeneidade composicional apresentaram um resultado negativo para o coeficiente de variação genética (CVg%) do diâmetro transversal das sementes (DTS) e positivo para o coeficiente de variação genética (CVg%) da massa seca da raiz (MSR). As sementes maiores podem ser dispersas pelo vento à menores distâncias, diminuindo a diversidade genética, mas podem germinar melhor e receber mais nutrientes. As plântulas que acumulam maior biomassa nas raízes, permitem maior armazenamento de água durante a estiagem.

As paisagens localizadas em áreas de reserva legal (ARL) das propriedades rurais, apresentaram maior variação adaptativa e diversidade genética neutra que as paisagens localizadas nas unidades de conservação (UC). Ressaltamos a importância da manutenção e regeneração das áreas de reserva legal, em consequência da sua grande contribuição para a diversidade genética neutra de *T. aurea*.

As áreas com maior heterogeneidade composicional correspondem às regiões dominadas por agroecossistemas e podem ser mais estressantes para as espécies vegetais. O potencial evolutivo apresentado pelas características adaptativas, indica que as populações de *T. aurea* ainda possuem variação suficiente para responder à seleção e às mudanças ambientais. E apesar da expansão agrícola ser muito recente em Goiás (cerca de 60 anos), as mudanças na paisagem já estão afetando a diversidade genética e a variação adaptativa em *T. aurea*. Algumas das populações estudadas já apresentam baixa variação genética aditiva para algumas características e, portanto, podem ter menor capacidade de evoluir, o que pode comprometer a persistência da espécie a longo prazo.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Almeida, S.P.; Proença, C.E.B.; Sano, S.M.; Ribeiro, J.F. (1998). **Cerrado: Espécies vegetais úteis**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC. p.48-54.
- Barbosa, A.S. (2017). **Cerrado, o laboratório antropológico ameaçado pela desterritorialização**. *Cadernos IHU ideias, Instituto Humanitas, Universidade do Vale do Rio dos Sinos, São Leopoldo*, n. 257, v. 15, mar.
- Barros, M.G. (2001). **Pollination ecology of *Tabebuia aurea* (Manso) Benth. & Hook. And *Tabebuia ochracea* (Bignoniaceae) in Central Brazil cerrado vegetation**. *Revista Brasileira de Botânica*. v.24. p.255-261.
- Bittencourt, J.V.M. (2007). **Proposta para conservação genética da *Araucaria angustifolia***. *Pesquisa Florestal Brasileira*, (55), 87.
- Boaventura Novaes, C.R.D. (2014). **Variabilidade e divergência genética de caracteres quantitativos e marcadores neutros em populações de *Eugenia dysenterica* DC**. Tese doutorado pela Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-Graduação em Genética & Melhoramentos de Plantas xviii, 223 f.: il.
- Bolker, B. (2012). **bbmle: Tools for general maximum likelihood estimation**. Disponível: <http://cran.r-project>.
- Bolson, S. H. (2018). **O Cerrado nas metas brasileiras do acordo de Paris: a omissão do estado brasileiro com o desmatamento na Cumeieira da América do Sul**. *Revista de Direito Ambiental e Socioambientalismo*, 4(1), 112-131.
- Braga, A.C.; Reis. A.M.M.; Leoi. L.T.; Pereira. R.W.; Collevatti. R.G. (2007). **Development and characterization of microsatellite markers for the tropical tree species *Tabebuia aurea* (Bignoniaceae)**. *Molecular Ecology Notes*. v7. p.53-56.
- Braga, A.C.; & Collevatti, R.G. (2011). **Temporal variation in pollen dispersal and breeding structure in a bee-pollinated Neotropical tree**. *Heredity*, 106(6), 911.
- Burnham, K. P.; Anderson, D. R. (2004). **"Multimodel inference understanding AIC and BIC in model selection."** *Sociological methods & research* 33.2: 261-304.

Carvalho, C.S.; Ribeiro, M.C.; Côrtes, M. C.; Galetti, M.; Collevatti, R. G. (2015). **Contemporary and historic factors influence differently genetic differentiation and diversity in a tropical palm.** *Heredity*, 115(3), 216.

Castro, M. de C.; Costa, M. M.; Da Silva, R. M. (2013). **Indicativo de fatores econômicos ligados ao desmatamento em Goiás.** Anais XVI Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto - SBSR, Foz do Iguaçu, PR, Brasil, INPE.

Collevatti, R.G.; Grattapaglia, D. & Hay, J.D. (2001a). **Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci.** *Molecular Ecology* 10:349–356.

Collevatti, R.G.; Grattapaglia, D. & Hay, J.D. (2001b). **High resolution microsatellite-based analysis of mating system allows the detection of significant biparental inbreeding in *Caryocar brasiliense*, an endangered tropical tree species.** *Heredity* 86:60-67.

Collevatti, R.G.; Lima, J.S., Soares; T.N., & Telles, M. P. C. (2010). **Spatial genetic structure and life history traits in Cerrado tree species: inferences for conservation.** *Nat Conserv*, 8, 54-59.

Collevatti, R.G., Telles, M.P.C., Nabout, J.C., Chaves, L.J.; Soares, T. N. (2013). **Demographic history and the low genetic diversity in *Dipteryx alata* (Fabaceae) from Brazilian Neotropical savannas.** *Heredity*, 111(2), 97.

Collevatti, R.G.; Lima-Ribeiro. M.S.; Terribile. L.C.; Guedes. L. B.; Rosa. F. F.; Telles. M. P. (2014). **Recovering species demographic history from multi-model inference: the case of a Neotropical savanna tree species.** *BMC evolutionary biology*. 14(1). 213.

Collevatti, R. G.; dos Santos, J. S.; Rosa, F. F.; Amaral, T. S.; Chaves, L. J.; & Ribeiro, M. C. (2020). **Multi-Scale Landscape Influences on Genetic Diversity and Adaptive Traits in a Neotropical Savanna Tree.** *Frontiers in genetics*, 11, 259.

Conner, J. K., & Hartl, D. L. (2004). **A primer of ecological genetics.** *Sinauer Associates Incorporated*.

Corrêa, C.C.; Pimenta, M.; Dutra, S.L.; Marco Júnior, P. (2011). **Utilização do NDVI na avaliação da resposta de besouros herbívoros à complexidade e heterogeneidade ambiental em diferentes escalas no Bioma cerrado.** *Anais XV Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto*, 30, 3103-3110.

Diniz Filho, J. A. F.; Bini, L. M.; Oliveira, G. D.; Barreto, B. D. S.; Silva, M. M. F. P. D.; Terribile, L. C.; & Melo, A. S. (2009). **Macro ecologia, biogeografia e áreas prioritárias para conservação no cerrado.**

Do, C., Waples, R.S; Peel D. (2014). **NE E STIMATOR v2: re-implement of software for the estimation of contemporary effective population size (Ne) from genetic data.** *Molecular Ecology Resources*, 14, 209–214.

Dyer, R.J. (2012). **Package 'gstudio' version 0.6.** Disponível: <http://cran.r-project>.

Dufour, A.; Gadallah, F.; Wagner, H.; Guisan, A., & Buttler, A. (2006). **Plant species richness and environmental heterogeneity in a mountain landscape: effects of variability and spatial configuration.** *Ecography*, 29(4), 573-584.

Duflot, R.; Georges, R.; Ernoult, A.; Aviron, S.; Burel, F. (2014). **Landscape heterogeneity as an ecological filter of species traits.** *Acta Oecologica, Elsevier*, 56, p.p.19-26.

Durigan, G. (2012). **Cerrado: o trade-off entre a conservação e o desenvolvimento.** *Parcerias Estratégicas*, 15(31), 243-251.

Epperson, B.K. (1990). **Spatial patterns of genetic variation within plant population.** *Sunderland: Sinauer*.

Epperson, B.K.; McRae, B.; Scribner, K.T.; Cushman, S.A.; Rosenberg, M.S.; Fortin, M.J.; James, P.M.A.; Murphy, M.; Manel, S.; Legendre, P.; Dale, M.R.T. (2010). **Utility of computer simulations in landscape genetics.** *Mol Ecol*

Fahrig, L. (2003). **Effects of habitat fragmentation on biodiversity.** *Annual review of ecology. evolution. and systematics*. 34(1). 487-515.

Fahrig, L.; Baudry, J.; Brotons, L.; Burel, F.G.; Crist, T.O.; Fuller, R.J.; Martin, J.L. (2011). **Functional landscape heterogeneity and animal biodiversity in agricultural landscapes.** *Ecology letters*, 14(2), 101-112.

Fahrig, L. (2017). **Ecological responses to habitat fragmentation per se.** *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 48, 1-23.

Faleiro, W.; Saiki, P.T. O. (2007). **Morfologia Foliar em Cinco Fitofisionomias de Cerrado do Parque Estadual da Serra de Caldas Novas, GO.** *Revista Brasileira de Biociências*, 5(S1), 687-689.

- Faleiro, F. G.; & de Farias Neto, A. L. (2009). **Savanas: demandas para pesquisa**. Planaltina, DF: *Embrapa Cerrados*.
- Ferreira, M.E.; Grattapaglia, D. (1998). **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análises genéticas**. *Embrian*.
- Ferreira, M. E.; Ferreira Júnior, L. G.; Ferreira, N. C.; Lobo F. C. (2007). **Base de dados territoriais necessárias à análise de um sistema de reserva extra propriedade no Estado de Goiás**. *Boletim Goiano de Geografia*, v. 27, n. 1 (27-46)
- Ferreira, M. E.; Miziara, F.; Ferreira Júnior, L. G.; Ribeiro, F. L.; & Ferreira, N. C. (2009). **Ativos ambientais do bioma cerrado: uma análise da cobertura vegetal nativa e sua relação com o preço da terra no estado Goiás**. *Revista Brasileira de Cartografia* Nº 61/01, 37.
- Fischer, M.; Husi, R.; Prati, D.; Peintinger, M.; van Kleunen, M.; & Schmid, B. (2000). **Variação de RAPD entre e dentro de pequenas e grandes populações da planta clonal rara *Ranunculus reptans* (Ranunculaceae)**. *American Journal of Botany*, 87 (8), 1128-1137.
- Fischer J.; Linden Mayer. D.B. (2007). **Landscape modification and habitat fragmentation: a synthesis**. *Glob Ecol Biogeography* 16:265–280.
- Forero-Medina, G., & Vieira, M.V. (2007). **Conectividade funcional e a importância da interação organismo-paisagem**. *Oecologia Brasiliensis*, 11(4), 493-502.
- Gibbs, J.P. (2001). **Demography versus habitat fragmentation as determinants of genetic variation in wild populations**. *Biological Conservation*, 100(1), 15-20.
- Goudet, J. (1995). **Fstat (version 2.9.3.): a computer program to calculate F-statistics**. *Journal of Heredity*. 86:485-486.
- Goudet, J. (2005). **Hierfstat. a package for R to compute and test hierarchical F-statistics**. *Molecular Ecology Resources*. 5(1). 184-186.
- Guillot, G.; Estoup, A.; Mortier, F.; Cosson, J. F. (2005). **A spatial statistical model for landscape genetics**. *Genetics*, 170(3), 1261-1280.
- Hamrick, J.T.; Rose, L.C. (1983). **U.S. Patent No. 4,409,786**. Washington, DC: U.S. Patent and Trademark Office.
- Hansen, T. F. (1997). **Stabilizing selection and comparative analysis of adaptation**. *Evolution*, 51(5), 1341-1351.

- Hartl, D.L.; Clark, A. G. (2010). **Princípios de Genética de Populações**. 4 ed. Artmed Editora.
- Hedrick, P. W. (2005). **A standardized genetic differentiation measure**. *Evolution*, 59(8), 1633-1638.
- Hoffmann, A.; Willi, Y. (2008). **Detecting genetic responses to environmental change**. *Nat. Rev. Genet.* 9:421–32.
- Hoffmann, W. A.; Orthen, B.; & Franco, A. C. (2004). **Constraints to seedling success of savanna and forest trees across the savanna-forest boundary**. *Oecologia* 140, 252–260. doi: 10.1007/s00442-004-1595-2.
- Holderegger, R.; Kamm, U.; Gugerli, F. (2006). **Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for landscape genetics**. *Landscape Ecology*, 21(6), 797-807.
- Hu, W.; Shao, M.A.; & Si, B.C. (2012). **Seasonal changes in surface bulk density and saturated hydraulic conductivity of natural landscapes**. *European Journal of Soil Science*, 63(6), 820-830.
- Hughes, A.R.; Inouye, B.D.; Johnson, M.T.; Underwood, N.; Vellend, M. (2008). **Ecological consequences of genetic diversity**. *Ecology letters*, 11(6), 609-623.
- Joost, S.; Bonin, A.; Bruford, M.W.; Després, L.; Conord, C. (2007). **A spatial analysis method (SAM) to detect candidate loci for selection: towards a landscape genomics approach to adaptation**. *Mol. Ecol.* 16:3955–69.
- Jost, L.O.U. (2008). **G_{ST} and its relatives do not measure differentiation**. *Molecular ecology*, 17(18), 4015-4026.
- Kageyama, P.Y.; Gandara, F.B.; & Souza, L.D. (1998). **Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas**. *Série Técnica IPEF*, 12(32), 65-70.
- Lahoreau, G.; Barot, S.; Gignoux, J.; Hoffmann, W.A.; Setterfield, S.A. and Williams, P.R. (2006). **Positive effect of seed size on seedling survival in fire-prone savannas of Australia, Brazil and West Africa**. *Journal of Tropical Ecology*, pp.719-722.
- Laurance, W.F.; & Vasconcelos, H.L. (2009). **Consequências ecológicas da fragmentação florestal na Amazônia**. *Oecologia brasiliensis*.
- Leinonen, T.; O'Hara, R. B.; Cano, J. M; & Merilä, J. (2008). **Comparative studies of quantitative trait and neutral marker divergence: a meta-analysis**. *Journal of evolutionary biology*, 21(1), 1-17.

- Lennert, M. GRASS Development Team, 2017. **Addon i. segment. stats.** *Geographic Resources Analysis Support System (GRASS) Software, Version 7.*
- Lima, J. S.; Ballesteros-Mejia, L.; Lima-Ribeiro, M. S.; Collevatti, R. G. (2017). **Climatic changes can drive the loss of genetic diversity in a Neotropical savanna tree species.** *Global change biology.* 23(11). 4639-4650.
- Lion, M.B.; Garda, A.A.; & Fonseca, C.R. (2014). **Split distance: a key landscape metric shaping amphibian populations and communities in forest fragments.** *Diversity and Distributions,* 20(11), 1245-1257.
- Lorenzi, H. (2002). **Árvores Brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas do Brasil,** vol. 1 / 4 ed. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum.
- Lowry, D.B. (2010). **Landscape evolutionary genomics.** *Biol. Lett.* 6. 502–504.
- McGarigal, K.; & McComb, W.C. (1995). **Relationships between landscape structure and breeding birds in the Oregon Coast Range.** *Ecological monographs,* 65(3), 235-260.
- McGarigal, K.; Cushman, S.A.; Neel, M.C.; Ene, E. (2002). **FRAGSTATS: spatial pattern analysis program for categorical maps.**
- McGarigal, K.; Cushman, S.A.; & Ene, E. (2012). **FRAGSTATS v4: spatial pattern analysis program for categorical and continuous maps.** *Computer software program produced by the authors at the University of Massachusetts, Amherst. Available at the following web site:* <http://www.umass.edu/landeco/research/fragstats/fragstats.html>.
- Machado, R.B.; M.B. Ramos Neto; P.G.P. Pereira; E.F. Caldas; D.A. Gonçalves; N.S. Santos; K. Tabor e M. Steininger. (2004). **Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro.** *Conservação Internacional,* Brasília, DF.
- Manel, S.; Schwartz, M. K.; Luikart, G.; Taberlet, P. (2003). **Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics.** *TRENDS in Ecology and Evolution* 18. 189-197.
- Manel, S.; Joost, S.; Epperson, B. K.; Holderegger, R.; Storfer, A.; Rosenberg, M. S.; Fortin, M.J. (2010). **Perspectives on the use of landscape genetics to detect genetic adaptive variation in the field.** *Molecular Ecology.* 19(17). 3760-3772.
- Medeiros, A.C.B.D. (2010). **Fluxo de pólen e estrutura genética espacial em uma população de tabebuia aurea (Bignoniaceae) na Estação Ecológica de Águas Emendadas, D.**

- Mendes, E.P.P. (2008). **Ocupação e produção no Cerrado Goiano: do século XVIII ao XX**. In: SIMPÓSIO NACIONAL CERRADO. 9. Brasília. DF. 12-17 outubro 2008. Anais. Brasília: Embrapa Cerrados. 17p.
- Merilä, J.; Crnokrak, P. (2001). **Comparison of genetic differentiation at marker loci and quantitative traits**. *Journal of Evolutionary Biology*. 14(6). 892-903.
- Metzger, J. P. (2002). **Bases biológicas para a ‘reserva legal’**. *Ciência Hoje*, 31(183), 48-49.
- Mousadik, A.; Petit. R. J. 1996. **High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree *Argania spinosa* (L.) skeels endemic to Morocco**. *Theoretical Applied Genetics* 92: 832-839.
- Nardoto, G.B.; Souza, M.P.; FRANCO, A.C. 1998. **Estabelecimento e padrões sazonais de produtividade de *Kielmeyera coriacea* (Spr) Mart. nos cerrados do Planalto Central: efeitos do estresse hídrico e sombreamento**. *Brazilian Journal of Botany*, 21(3).
- Nei, M. 1978. **Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual**. *Genetics* 89: 583-590.
- Portela, R.C.Q.; & Santos, F.A.M.D. (2003). **Alometria de plântulas e jovens de espécies arbóreas: copa x altura**. *Biota neotrópica*, 3(2), 1-5.
- Poggiani, F.; Simões, I.W. & Mendes-Filho, I.M.A. (1981). **Utilização de espécies florestais de rápido crescimento na recuperação de áreas degradadas**. Piracicaba: ESALQ, Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, Departamento de Silvicultura. Série Técnica 2(4): 1-25.
- R Development Core Team, (2017). R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, www.R-project.org.
- Reis, T.; Bortolotto, F.; Lopes, G. R., & Braga, L. (2017). **Desafios e oportunidades para avançar as Contribuições Nacionais no setor agropecuário e de florestas na América Latina: O caso do Brasil**.
- Resende, F. D. M. (2018). **Planejamento para conservação de serviços ecossistêmicos no Cerrado**. Repositórios de teses, UFG.
- Resende, M.D.V.; Souza, S.M.; Higa, A.R.; Stein, P.P. (1991). **Estudo da variação genética e métodos de seleção em teste de progênies de *Acácia mearnsii* no Rio Grande do Sul**. *Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo*, n. 22/23, p. 45-59.

- Ribeiro, J. F.; & Walter, B. M. T. (2008). **As principais fitofisionomias do bioma Cerrado**. *Cerrado: ecologia e flora*, 1, 151-212.
- Ribeiro, M.C.; Metzger, J.P.; Calenge, C.; Martensen, A.C.; Linhares, C.; Lima, A.; Ciocheti, G. (2007). **The Package lsmetrics for Computing Landscape Connectivity Indices in R Software**. *Environmental Modelling & Software*. *Forthcoming*.
- Ridley, M. (2006). **Evolução**. 3ª edição. *Porto Alegre: Artmed*.
- Roff, D. A. (1997). **Evolutionary Quantitative Genetics**. *Chapman & Hall*, London.
- Rosa, F. F. (2012). **Diversidade Genética e Conservação de *Tabebuia aurea* (Silva Manso) Benth & Hook. f. Ex S. Moore (*Bignoniaceae*). uma Espécie Arbórea do Cerrado**.
- Sebbenn, A.M., Siqueira, A.C.M.F., Kageyama, P.Y., Machado, J.A.R. (1998). **Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva–*Myroxylon peruiferum* LF Alemão**. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, 53, 31-38.
- Sebbenn, A. M. (2002). **Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas**. *Revista do Instituto Florestal*, 14(2), 115-132.
- Schoville, S. D.; Bonin, A.; François, O.; Lobreaux, S.; Melodiem, C. & Manel, S. (2012). **Adaptive genetic variation on the landscape: methods and cases**. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 43, 23-43.
- Simioni, P.F.; Eisenlohr, P.V.; Pessoa, M.J.G.; & da Silva, I.V. (2017). **Elucidating adaptive strategies from leaf anatomy: Do Amazonian savannas present xeromorphic characteristics?** *Flora*, 226, 38-46.
- Smith, A. C.; Fahrig, L.; Francis, C. M. (2011). **Landscape size affects the relative importance of habitat amount, habitat fragmentation, and matrix quality on forest birds**. *Ecography*, 34(1), 103-113.
- Soares, T.N.; Chaves, L.J.; de Campos Telles, M. P.; Diniz-Filho, J.A.F. & Resende, L.V. (2008). **Landscape conservation genetics of *Dipteryx alata* (“baru” tree: Fabaceae) from Cerrado region of central Brazil**. *Genetica*, 132(1), 9-19.
- Spitze, K. (1993). **Population structure in *Daphnia obtusa*: quantitative genetic and allozymic variation**. *Genetics*, 135(2), 367-374.

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(17). 3496-3514.

Storz, J.F. (2005). **Using genome scans of DNA polymorphism to infer adaptive population divergence.** *Mol. Ecol.* 14:671–88

Strassburg, B. B. N.; Brooks, T.; Feltran-Barbieri, R.; Iribarrem, A.; Crouzeilles, R.; Loyola, R.; Soares-Filho, B. (2017). **Moment of truth for the Cerrado hotspot.** *Nature Ecology and Evolution* 1: 99.

Taylor, P.D.; Fahrig, L.; Henein, K.; & Merriam, G. (1993). **Connectivity is a vital element of landscape structure.** *Oikos*, 571-573.

Telles, M. P.C.; Dobrovolski, R.; Souza, K.D.S.; Lima, J.S; Collevatti, R.G.; Soares, T. N.; & Diniz-Filho, J. A. F. (2014). **Disentangling landscape effects on population genetic structure of a Neotropical savanna tree.** *Natureza & Conservação*, 12(1), 65-70.

Tilman, D. & Kareiva, P. (1997). **Spatial ecology. The role of space in population dynamics and interspecific interactions.** _ *Princeton Univ. Press*.

Tscharntke, T.; Steffan-Dewenter, I.; Kruess, A.; & Thies, C. (2002). **Characteristics of insect populations on habitat fragments: a mini review.** *Ecological research*, 17(2), 229-239.

Vencovsky, R. (1986). **Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas.** *Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)*.

Vidal, M.C.; Stacciarini-Seraphin, E.; & Câmara, H.H.L.L. (1999). **Crescimento de plântulas de *Solanum lycocarpum* St. Hil. (lobeira) em casa de vegetação.** *Acta Botânica Brasilica*, 13(3), 271-275.

Vieira, R.R.S; Ribeiro, B.R.; Resende, F.M.; Brum, F.T.; Machado, N.; Sales, L. P; Loyola, R. (2018). **Compliance to Brazil's Forest Code will not protect biodiversity and ecosystem services.** *Diversity and Distributions*, 24(4), 434-438.

Wagner, H; Fortin, M.J. (2012). **A conceptual framework for the spatial analysis of landscape genetic data.** *Conservation Genetics*. 14(2). 253-261.

Weir, B. S.; Cockerham, C. C. (1984). **Estimating F-statistics for the analysis of population structure.** *Evolution*, 38, 1358–1370.

Westoby, M.; Leishman, M.; & Lord, J. (1996). **Comparative ecology of seed size and dispersal.** *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 351(1345), 1309-1318.

Wood, S. N. (2018). **Introducing GAMs. In: Generalized additive models: an introduction with R.** [S.l.]: Chapman & Hall/CRC.

Wright, S. (1951). **The genetical structure of populations.** *Ann Eugen* 15: 323–354.

www.embrapa.br/codigo-florestal/entenda-o-codigo-florestal, acesso em 29/30/2020.

www.fapeg.go.gov.br/peld-completa-20-anos-com-tres-projetos-de-pesquisa-em-goias/

<https://www.oeco.org.br/noticias/codigo-florestal-e-insuficiente-para-proteger-biodiversidade-do-cerrado/>

www12.senado.leg.br/noticias/materias/2019/04/23/projeto-acaba-com-a-reserva-florestal-obrigatoria-em-propriedades-rurais, acesso em 29/30/2020.

Young, A.; Boyle, T.; Brown, T. (1996). **The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants.** *Eisevier Science*. HI: SO169-5347(96)10045-B

Zuur, A. F.; Ieno, E.N.; Walker, N.; Savaliev, A.A.; Smith, G.M. (2009). **Mixed effects models and extensions in ecology with R.** *Springer*. 550p.

6. APÊNDICES

Apêndice A

A1. Autorização para entrada e realização de trabalho na Floresta Nacional de Silvânia.



Ministério do Meio Ambiente - MMA

Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio

Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 46940-1 Data da Emissão: 26/11/2014 11:14 Data para Revalidação*: 26/12/2015

* De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto,

mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias

a contar da data do aniversário de sua emissão.

Dados do titular

Nome: Tatiana Souza do Amaral CPF: 029.704.091-00

Título do Projeto: Efeito da estrutura de paisagem na diversidade genética e fluxo gênico via pólen em populações de espécies do Cerrado

Nome da Instituição: UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIAS CNPJ: 01.567.601/0001-43

Cronograma de atividades

Descrição da atividade Início (mês/ano) Fim (mês/ano)

1 Coleta das folhas de indivíduos jovens e adultos 11/2014 11/2015

2 Coleta dos frutos das espécies selecionadas 12/2014 03/2016

3 Genotipagem 12/2015 03/2016

4 Coletas adicionais de folhas de jovens e adultos 03/2016 07/2017

5 Análise de dados 04/2016 12/2017

6 Redação do manuscrito 04/2016 12/2017

Observações e ressalvas

1 As atividades de campo exercidas por pessoa natural ou jurídica estrangeira, em todo o território nacional, que impliquem o deslocamento de recursos humanos e materiais, tendo por objeto coletar dados, materiais, espécimes biológicos e minerais, peças integrantes da cultura nativa e cultura popular, presente e passada, obtidos por meio de recursos e técnicas que se destinem ao estudo, à difusão ou à pesquisa, estão sujeitas a autorização do Ministério de Ciência e Tecnologia.

2 Esta autorização NÃO exige o pesquisador titular e os membros de sua equipe da necessidade de obter as anuências previstas em outros instrumentos legais, bem como do consentimento do responsável pela área, pública ou privada, onde será realizada a atividade, inclusive do órgão gestor de terra indígena (FUNAI), da unidade de conservação estadual, distrital ou municipal, ou do proprietário, arrendatário, posseiro ou morador de área dentro dos limites de unidade de conservação federal cujo processo de regularização fundiária encontra-se em curso.

3 Este documento somente poderá ser utilizado para os fins previstos na Instrução Normativa ICMBio nº 03/2014 ou na Instrução Normativa ICMBio nº 10/2010, no que especifica esta Autorização, não podendo ser utilizado para fins comerciais, industriais ou esportivos. O material biológico coletado deverá ser utilizado para atividades científicas ou didáticas no âmbito do ensino superior.

4 A autorização para envio ao exterior de material biológico não consignado deverá ser requerida por meio do endereço eletrônico www.ibama.gov.br (Serviços on-line - Licença para importação ou exportação de flora e fauna - CITES e não CITES).

5 O titular de licença ou autorização e os membros da sua equipe deverão optar por métodos de coleta e instrumentos de captura direcionados, sempre que possível, ao grupo taxonômico de interesse, evitando a morte ou dano significativo a outros grupos; e empregar esforço de coleta ou captura que não comprometa a viabilidade de populações do grupo taxonômico de interesse em condição in situ.

6 O titular de autorização ou de licença permanente, assim como os membros de sua equipe, quando da violação da legislação vigente, ou quando da inadequação, omissão ou falsa descrição de informações relevantes que subsidiaram a expedição do ato, poderá, mediante decisão motivada, ter a autorização ou licença suspensa ou revogada pelo ICMBio e o material biológico coletado apreendido nos termos da legislação brasileira em vigor.

7 Este documento não dispensa o cumprimento da legislação que dispõe sobre acesso a componente do patrimônio genético existente no território nacional, na plataforma continental e na zona econômica exclusiva, ou ao conhecimento tradicional associado ao patrimônio genético, para fins de pesquisa científica, bioprospecção e desenvolvimento tecnológico. Veja maiores informações em www.mma.gov.br/cgen.

8 Em caso de pesquisa em UNIDADE DE CONSERVAÇÃO, o pesquisador titular desta autorização deverá contactar a administração da unidade a fim de CONFIRMAR AS DATAS das expedições, as condições para realização das coletas e de uso da infraestrutura da unidade.

Outras ressalvas

01 - Evitar que a metodologia de coleta interfira em outras pesquisas, em andamento.

02 - O pesquisador deverá disponibilizar ao ICMBio os resultados das pesquisas desenvolvidas, relatórios e publicações, promovendo, sempre, uma apresentação aos técnicos da UC e ao Conselho Consultivo.

03 - O pesquisador, ao utilizar a Flona, deverá respeitar as normas gerais da Unidade, das Zonas e do Regimento Interno.

04 - As publicações dos resultados de quaisquer pesquisas realizadas na UC deverão fazer constar o nome do ICMBio e da Flona.

Equipe

Nome Função CPF Doc. Identidade Nacionalidade

1 Marcelo Bruno Pessoa Coletor 049.605.009-56 4634614-7 SSP-SC Brasileira

2 FERNANDA FRAGA ROSA Pesquisadora 841.181.481-53 3935479 SSP-GO Brasileira

Código de autenticação: 65556996

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 46940-1 Data da Emissão: 26/11/2014 11:14 Data para Revalidação*: 26/12/2015

* De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto,

mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias

a contar da data do aniversário de sua emissão.

Nome: Tatiana Souza do Amaral CPF: 029.704.091-00

Título do Projeto: Efeito da estrutura de paisagem na diversidade genética e fluxo gênico via pólen em populações de espécies do Cerrado

Nome da Instituição: UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIAS CNPJ: 01.567.601/0001-43

Locais onde as atividades de campo serão executadas

Município UF Descrição do local Tipo

1 GO FLORESTA NACIONAL DE SILVÂNIA UC Federal

Atividades X Táxons

Atividade Táxons

1 Coleta/transporte de material botânico, fúngico ou microbiológico angiosperma

Material e métodos

1 Amostras biológicas (Plantas) Ramos, Flor, Frutos/estróbilos, Folhas, Semente

2 Método de captura/coleta (Plantas) Coleta manual

Destino do material biológico coletado

Nome local destino Tipo Destino

1 UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIAS

expedido com base na Instrução Normativa nº 03/2014. Através do código

de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na

Internet (www.icmbio.gov.br/sisbio).

Código de autenticação: 65556996

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 46940-1 Data da Emissão: 26/11/2014 11:14 Data para Revalidação*: 26/12/2015

* De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto,

mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias

a contar da data do aniversário de sua emissão.

Nome: Tatiana Souza do Amaral CPF: 029.704.091-00

Título do Projeto: Efeito da estrutura de paisagem na diversidade genética e fluxo gênico via pólen em populações de espécies do Cerrado

Nome da Instituição : UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIAS CNPJ: 01.567.601/0001-43

Registro de coleta imprevista de material biológico

De acordo com a Instrução Normativa nº 03/2014, a coleta imprevista de material biológico ou de substrato não

contemplado na autorização ou na licença permanente deverá ser anotada na mesma, em campo específico, por

ocasião da coleta, devendo esta coleta imprevista ser comunicada por meio do relatório de atividades. O transporte do

material biológico ou do substrato deverá ser acompanhado da autorização ou da licença permanente com a devida

anotação. O material biológico coletado de forma imprevista, deverá ser destinado à instituição científica e, depositado,

preferencialmente, em coleção biológica científica registrada no Cadastro Nacional de Coleções Biológicas (CCBIO).

Código de autenticação: 65556996

A2. Autorização para entrada e realização de trabalho no Parque Estadual da Serra de Caldas.



AUTORIZAÇÃO PARA REALIZAÇÃO DE ESTUDOS, PESQUISAS OU ATIVIDADES DE CUNHO TÉCNICO-CIENTÍFICO EM UNIDADES DE CONSERVAÇÃO ESTADUAIS

PROCESSO N.º 18566/2014

AUTORIZAÇÃO N.º 020/2017

A SECRETARIA ESTADUAL DE MEIO AMBIENTE, RECURSOS HÍDRICOS, INFRAESTRUTURA, CIDADES E ASSUNTOS METROPOLITANOS no uso de suas atribuições que lhe foram conferidas pela Lei Federal nº 9.985/2000; regulamentada pelo Decreto Federal nº 4.340/2002; Lei Estadual nº 14.247/2002; Lei Estadual nº 14.241/2002; regulamentada pelo Decreto Estadual nº 8.366, de 20/05/2015 e Resolução CEMAm nº 05/2016, concede a presente AUTORIZAÇÃO, nas condições especificadas abaixo:

1. TITULAR: Tatiana Souza do Amaral

1.1. RG: 001096116 SSP/MS

CPF: 029.704.091-00

1.2. INSTITUIÇÃO: Universidade Federal de Goiás

1.3. LOGRADOURO: Campus II-UFG (Samambaia)

BAIRRO:

CIDADE: Goiânia

UF: GO

CEP: 74.001-970

1.4. TELEFONE: (62) 3521-1482

FAX:

1.5. ENDEREÇO ELETRÔNICO: taty.samaral@gmail.com/rosanegc68@hotmail.com

2. TÍTULO DO PROJETO OU NOME DA DISCIPLINA: Efeito da estrutura da paisagem na diversidade genética e fluxo gênico via pólen em populações de espécies do Cerrado.

2.1. UNIDADE (S) DE CONSERVAÇÃO: Parque Estadual da Serra de Caldas Novas (PESCaN).

2.2. OBJETIVO (S): O presente estudo objetiva analisar o efeito de diferentes estruturas de paisagens e testar a contribuição da distância espacial na diversidade genética de adultos e plântulas e no fluxo gênico via pólen de espécies do Cerrado.

2.3. DESCRIÇÃO DAS ATIVIDADES OU EMENTA DA DISCIPLINA (resumida): O estudo será conduzido em seis paisagens com fragmentos de cerrado na Mesorregião Central do estado de Goiás. Para cada paisagem serão calculadas métricas relacionadas ao tamanho, a resistência da matriz, a quantidade de área com vegetação nativa (savana) e isolamento entre os fragmentos de área nativa. Serão coletadas amostras de tecido (folhas jovens) de todos os indivíduos adultos, bem como das plântulas das espécies selecionadas, e o ponto onde se encontram. Além disso, marcaremos 10 indivíduos de cada população, dos quais coletaremos 15 sementes por indivíduo, que serão utilizados para a análise da dispersão de pólen. Para análise genética, serão extraídos DNA do tecido das folhas dos indivíduos amostrados, e estes serão genotipados usando 10 locus microssatélites. Serão estimados a diversidade genética e endogamia de cada população em cada paisagem e a diferenciação genética entre as populações de uma mesma paisagem. Para análise da



dispersão de pólen, será feita a genotipagem com marcadores microsátélites das plântulas germinadas em casa de vegetação de frutos coletados das árvores marcadas nas populações de cada fragmento. Modelos lineares generalizados mistos (GLMM) serão utilizados para avaliar os efeitos da estrutura da paisagem nas variáveis genéticas e no fluxo gênico via pólen.

2.4. EQUIPE TÉCNICA (nome, CPF, função):

NOME	RG/CPF	FUNÇÃO
Tatiana Souza do Amaral	029.704.091-00	Titular
Rosane Garcia Collevatti	18223198-7 SSP/SP	Responsável Técnica
Fernanda Fraga Rosa	841.181.481-53	Colaboradora
Marcelo Bruno Pessoa	049.605.009-56	Colaborador
Thamara Nascimento de Souza	*	Colaboradora
Elias Emanuel Silva Mota	026.915.621-66	Colaborador
Allair Gomes Camargo	085.703.611-49	Motorista
Leciane Karita de Oliveira	002.054.071-02	Colaboradora
Renan da Silva Macedo	087.465.506-40	Colaborador
Lilian Patrícia Sales Macedo	083.056.226-57	Colaboradora
Danielle Katharine Petsh	068.723.049-79	Colaboradora
Nicole Cristina Lopes Dutra	000.281.831-00	Colaboradora
Maria Augusta Guimarães Carvalho	019.433.441-40	Colaboradora
Tatianne Piza Ferrari Abreu	017.368.211-13	Colaboradora
Cibele de Cassia Silva	087.227.956-18	Colaboradora
Vanessa Bernardes	035.580.181-76	Colaboradora



2.5. CRONOGRAMA:

ATIVIDADES	2017					2018				
	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M
Desenho dos mapas	X	X	X							
Análise das Paisagens		X	X	X	X	X				
Extração de DNA dos Juvenis		X	X							
Genotipagem Juvenis				X	X	X				
Verificar a floração e acompanhar a frutificação de <i>T. aurea</i> na Serra de Caldas	X	X	X							
Coleta de frutos maduros de <i>T. aurea</i> na Serra de Caldas		X	X							
Medição em campo das matrizes de <i>T. aurea</i> na Serra de Caldas			X	X						
Medição das sementes de <i>T. aurea</i>		X								
Experimento em casa de vegetação (germinação)			X	X	X	X	X	X		
Medições finais das plântulas								X		
Genotipagem das plântulas								X	X	
Análise dos Dados								X	X	X
Redação do manuscrito	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

2.6. MATERIAL A SER COLETADO: Serão coletadas amostras de tecido (folhas jovens) de 60 (sessenta) indivíduos adultos e de 60 plântulas por espécie selecionada (conforme lista abaixo). Serão marcados 10 indivíduos de cada espécie e serão coletadas 15 (quinze) sementes de cada matriz para cultivo em laboratório (casa de vegetação).

Espécie	Família	Nome Comum	Quantidade
<i>Caryocar brasiliense</i>	Caryocaraceae	Pequi	Folha, fruto, flor
<i>Tabebuia aurea</i>	Bignoniaceae	Paratudo	Folha, fruto, flor
<i>Hymenea stigonocarpa</i>	Fabaceae	Jatobá	Folha, fruto, flor
<i>Qualea grandiflora</i>	Vochysiaceae	Pau-terra	Folha, fruto, flor



<i>Hancornia speciosa</i>	Apocynaceae	Mangaba	Folha, fruto, flor
<i>Annona crassiflora</i>	Annonaceae	Araticum	Folha, fruto, flor
<i>Kilmeyera spp.</i>	Guttiferae	Pau-santo	Folha, fruto, flor
<i>Eugenia dysenterica</i>	Myrtaceae	Cagaita	Folha, fruto, flor
<i>Anacardium humile</i>	Anacardiaceae	Cajuzinho	Folha, fruto, flor
<i>Anacardium occidentale</i>	Anacardiaceae	Cajueiro	Folha, fruto, flor

2.7. NATUREZA DOS DADOS E INFORMAÇÕES PRODUZIDAS:

SEM RESTRIÇÃO [X]

EM CARÊNCIA [] / PRAZO []

3. EXIGÊNCIAS TÉCNICAS – OBSERVAÇÕES:

3.1. A presente Autorização para realização de estudos, pesquisas ou atividades de cunho técnico-científico em Unidades de Conservação Estaduais está sendo concedida com base nas informações constantes do processo e não dispensa e nem substitui, outros alvarás ou certidões exigidas pela Legislação Federal, Estadual ou Municipal;

3.2. Os procedimentos de execução do projeto devem respeitar a Resolução CEMAm nº. 05/2016;

3.3. Antes do início dos trabalhos de campo o titular deve entrar em contato com a administração da Unidade de Conservação Estadual para acertar os detalhes da execução (datas e horários de entrada e saída das expedições de campo), para que as atividades possam, sempre que necessárias, ser acompanhadas por servidores do órgão;

3.4. O órgão responsável pela Unidade de Conservação Estadual deverá ser comunicado imediatamente, em caso de acidentes que envolvam o meio ambiente;

3.5. A presente Autorização refere-se tão somente aos locais das atividades previstas neste documento;

3.6. O órgão responsável pela Unidade de Conservação Estadual reserva-se no direito de revogar a presente Autorização no caso de descumprimento de suas condicionantes ou de qualquer dispositivo que fira a legislação ambiental vigente, assim como a omissão ou falsa descrição de informações relevantes que subsidiam a sua expedição, ou superveniência de graves riscos ambientais e de saúde;

3.7. Qualquer ato que venha infringir a legislação ambiental vigente e que não esteja de acordo com as exigências técnicas será de inteira responsabilidade do titular e da equipe técnica responsável pela atividade;

3.8. Qualquer alteração nos métodos e/ou cronogramas apresentados no projeto deverão ser previamente comunicadas ao órgão responsável pela unidade de conservação, com antecedência mínima de 30 (trinta) dias;

3.9. Nos casos em que a duração da atividade for superior a 1 (um) ano, o titular da atividade deverá apresentar o **relatório parcial** anualmente, nos termos do art. 11 e 12 da Resolução CEMAm nº. 05/2016.



3.10. Ao término das atividades o titular deverá apresentar o **relatório final**, nos termos do art. 11 e 12 da Resolução CEMAm nº. 05/2016.

3.11. Todas as produções (relatório técnico, monografia, TCC, dissertação, tese, trabalho apresentado em congresso ou publicado em revista nacional ou estrangeira, fotos, vídeos, ente outros) decorrentes de pesquisa realizada deverão ser enviadas, no prazo de 30 (trinta) dias contados da data de publicação, ao órgão responsável pela Unidade de Conservação em via impressa e em formato eletrônico.

3.12. Esta autorização não eximem o interessado da necessidade de obter as anuências previstas em outros instrumentos legais, bem como do consentimento do responsável pela área, pública ou privada, onde será realizada a atividade.

3.13. É proibido qualquer ato lesivo contra a fauna de acordo com a Lei 9.605, de 12 de fevereiro de 1998;

3.14. Esta autorização não permite o transporte de material coletado para fora dos limites da Unidade de Conservação Estadual. O transporte somente é permitido para aqueles devidamente cadastrados no Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade – SISBio e observadas as normas e legislações vigentes, quando couber.

3.15. Esta autorização poderá ser renovada conforme a Resolução CEMAm nº 05/2016;

3.16. O órgão responsável reserva-se no direito de fazer novas exigências caso seja necessário.

4. ANALISTA DO PROCESSO: Caio César Neves Sousa

5. VALIDADE DA AUTORIZAÇÃO: 31/05/2018

Goiânia, 20 de setembro de 2017.

A3. Protocolo de extração de DNA de *Tabebuia aurea*, a partir de tecido foliar. Adaptação do protocolo de Ferreira & Grattapaglia (1998).

Passos	Descrição
1º	Colocar "pouca folha" no tubo eppendorf de 2mL
2º	Picotar as folhas com tesoura
3º	Adicionar o tampão de extração CTAB 2% + β mercapto (2 μ L /mL) - 750 μ L
4º	Macerar com as beads no macerador por 30 segundos
5º	Banho-maria - 1 hora - 65°C
6º	Adicionar CIA - 600 μ L
7º	Agitar no vortex para homogeneizar
8º	Inverter por 5 min
9º	Centrifugar - 5 min - 14000 rpm
10º	Transferir sobrenadante para tubo eppendorf novo (2 mL)
11º	Adicionar CTAB 10% - 50 μ L (1/10) do volume do sobrenadante
12º	Agitar no vortex para homogeneizar
13º	Inverter por 5 min
14º	Adicionar CIA - 600 μ L
15º	Agitar no vortex para homogeneizar
16º	Inverter por 5 min
17º	Centrifugar - 5 min - 14000 rpm
18º	Transferir sobrenadante para tubo eppendorf novo (1,5mL)
19º	Adicionar Isopropanol gelado ~ 400 μ L
20º	Misturar calmamente para a precipitação do DNA
21º	Levar os tubos ao freezer (-20°C) – 2 horas ou over night
22º	Centrifugar - 10 min - 14000 rpm
23º	Derramar o máximo possível de sobrenadante sem perder o pellet
24º	Lavar o pellet com Etanol 70% - 1mL
25º	Deixar por 10 min - descartar o Etanol
26º	Lavar o pellet com Etanol 70% - 1mL
27º	Deixar por 10 min - descartar o Etanol
28º	Lavar o pellet com Etanol 100% - 1mL
29º	Deixar por 03 min - descartar o Etanol e secar o pellet
30º	Secar o pellet no Concentrador Plus (D-AL) por 15 min
31º	Ressuspender o pellet em TE + RNase - 50 μ L
32º	Banho-maria - 1 hora - 37°C

A4. Loci microssatélites desenvolvidos para a espécie *Tabebuia aurea* por Braga *et al.*, (2007).

Loco	Repetição do motivo	Amplitude (pb)	Ta (°C)	Multiplex	Fluorescência
Tau 12	(TC)8(TA)(TG)29	146 - 236	56	1	6-FAM (blue)
Tau 13	(TC)22(ACTCCC)(TC)4(AC)11	100 - 200	56	1	HEX (green)
Tau 14	(CT)3(TCC)(CT)20	144 - 200	56	1	NED (yellow)
Tau 31	(CT)28(CA)10(CTT)(GT)5	220 - 320	56	1	NED (yellow)
Tau 15	(AG)32	104 - 196	56	2	6-FAM (azul)
Tau 16	(CT)33(CA)11	162 - 260	56	2	HEX (green)
Tau 17	(GA)7(GC)(GA)3(GC)5(AG)21(GGGAGG) (GA)7	120 - 240	56	2	NED (yellow)
Tau 21	(GA)26	198 - 310	56	2	6-FAM (blue)
Tau 24	(GA)33	136 - 184	56	3	HEX (green)
Tau 27	(CT)24(CA)8(CC)(CA)7	146 - 200	56	3	NED (yellow)
Tau 28	(CT)33	140 - 190	56	3	6-FAM (blue)

Nota: Nome do loco, repetição dos motivos, amplitude do loco, temperatura de anelamento, combinação de primers para montagem das multiplex e cor dos primers.

Apêndice B

Tabela 1. Variância das variáveis quantitativa de *Tabebuia aurea*, em nível de nó.

Sítio	DLS	DTS	MS	TEM	ALTI	ALTF	TCA	DIAI	DIAF	TCD	NF	CF	LF	CR	MVR	MSR	CPA	MSA	MVA	PG
P1F1	50,778	4,267	0,001	18,328	0,485	0,314	0,072	0,488	0,245	0,137	4,637	352,799	34,480	17,402	6,484	0,441	6,065	0,376	0,078	0,177
P1F2	63,324	2,560	0,001	6,667	0,370	0,399	0,091	0,412	0,200	0,076	4,871	261,422	23,521	20,980	3,045	0,358	4,423	0,195	0,040	0,140
P2F3	36,904	49,768	0,002	10,506	0,462	0,408	0,079	0,409	0,347	0,135	2,725	400,619	26,043	12,655	5,952	0,455	7,549	0,334	0,051	0,000
P2F4	32,229	8,631	0,020	8,824	0,403	0,419	0,089	0,428	0,273	0,417	4,711	360,206	20,456	22,789	11,912	1,062	5,274	20,850	0,040	0,044
P3F5	12,347	1,673	0,001	6,794	0,416	0,358	0,067	0,524	0,333	0,107	3,455	286,090	31,692	18,463	5,962	0,426	4,931	0,267	0,042	0,001
P3F6	39,450	1,723	0,005	14,706	0,257	0,183	0,042	0,406	0,284	0,047	1,556	363,945	27,041	18,082	4,419	0,881	3,771	0,187	0,027	0,047
P4F7	28,846	3,630	0,015	6,203	0,117	0,259	0,049	0,440	0,318	0,104	3,909	478,443	30,223	23,634	9,327	0,495	7,569	0,103	1,207	0,010
P4F8	22,609	3,825	0,004	7,453	0,197	0,307	0,057	0,497	0,359	0,123	4,231	386,528	18,017	22,300	11,630	0,860	6,151	0,075	0,878	0,003
P5F9	21,584	2,069	0,003	5,540	0,172	0,296	0,049	0,401	0,310	0,086	4,881	409,038	19,057	25,238	9,432	0,656	6,776	0,080	0,963	0,030
P5F10	43,885	2,846	0,003	7,092	0,248	0,424	0,061	0,560	0,355	0,131	3,709	416,520	28,451	15,569	11,617	0,992	7,674	0,097	0,891	0,021

Tabela 2. Variância das variáveis quantitativa de *Tabebuia aurea*, em nível de link.

Paisagem	DLS	DTS	MS	TEM	ALTI	ALTF	TCA	DIAI	DIAF	TCD	NF	CF	LF	CR	MVR	MSR	CPA	MSA	MVA	PG
Pai01	57,005	3,731	0,001	13,210	0,436	0,348	0,081	0,484	0,277	0,110	4,983	355,565	32,327	19,040	6,669	0,464	5,967	0,315	0,062	0,150
Pai02	36,538	38,205	0,009	9,966	0,477	0,419	0,083	0,412	0,322	0,219	3,329	393,751	24,232	16,363	7,738	0,635	6,831	6,580	0,048	0,036
Pai03	24,103	2,048	0,003	10,169	0,372	0,302	0,062	0,501	0,319	0,092	2,851	307,459	31,318	18,193	5,516	0,552	4,634	0,251	0,037	0,027
Pai04	26,930	3,776	0,009	6,894	0,163	0,286	0,054	0,473	0,340	0,114	4,078	440,799	23,192	22,814	10,597	0,702	6,920	0,088	1,020	0,005
Pai05	32,628	2,571	0,003	6,343	0,208	0,356	0,055	0,476	0,330	0,107	4,424	415,236	25,118	21,094	10,572	0,831	7,212	0,088	0,927	0,025

Tabela B.3. Correlação entre as variáveis genéticas quantitativas de sementes e plântulas de *Tabebuia aurea*.

Variáveis	DLS	DTS	MS	TEM	ALTI	ALTF	TCA	DIAI	DIAF	TCD	NF	CF	LF	CR	MVR	MSR	CPA	MSA	MVA	PG
DLS	1	0,046	-0,205	0,397	0,323	0,215	0,439	-0,163	-0,689	-0,086	0,106	-0,277	0,189	-0,315	-0,432	-0,160	-0,167	-0,064	-0,338	0,767
DTS	0,046	1	-0,076	0,122	0,436	0,366	0,349	-0,306	0,277	0,126	-0,318	0,176	-0,026	-0,595	-0,147	-0,216	0,392	0,020	-0,281	-0,254
MS	-0,205	-0,076	1	-0,194	-0,242	0,005	0,066	-0,237	-0,014	0,723	0,156	0,404	-0,219	0,477	0,527	0,453	0,083	0,771	0,189	-0,243
TEM	0,397	0,122	-0,194	1	0,503	-0,318	0,005	-0,059	-0,334	-0,012	-0,327	-0,111	0,475	-0,460	-0,358	-0,042	-0,270	-0,021	-0,533	0,562
ALTI	0,323	0,436	-0,242	0,503	1	0,510	0,753	0,040	-0,354	0,326	0,000	-0,613	0,348	-0,587	-0,428	-0,316	-0,269	0,259	-0,866	0,444
ALTF	0,215	0,366	0,005	-0,318	0,510	1	0,809	0,279	0,014	0,503	0,408	-0,273	-0,108	-0,305	0,198	0,007	0,261	0,370	-0,219	0,023
TCA	0,439	0,349	0,066	0,005	0,753	0,809	1	-0,064	-0,457	0,547	0,419	-0,563	-0,062	-0,214	-0,166	-0,209	-0,149	0,490	-0,596	0,401
DIAI	-0,163	-0,306	-0,237	-0,059	0,040	0,279	-0,064	1	0,435	-0,011	0,074	-0,022	0,394	-0,287	0,378	0,173	0,239	-0,179	0,212	-0,117
DIAF	-0,689	0,277	-0,014	-0,334	-0,354	0,014	-0,457	0,435	1	-0,068	-0,345	0,567	-0,086	-0,206	0,547	0,309	0,591	-0,201	0,504	-0,869
TCD	-0,086	0,126	0,723	-0,012	0,326	0,503	0,547	-0,011	-0,068	1	0,343	0,013	-0,263	0,153	0,534	0,490	0,014	0,961	-0,218	-0,034
NF	0,106	-0,318	0,156	-0,327	0,000	0,408	0,419	0,074	-0,345	0,343	1	-0,122	-0,291	0,573	0,350	-0,120	0,173	0,274	0,252	0,395
CF	-0,277	0,176	0,404	-0,111	-0,613	-0,273	-0,563	-0,022	0,567	0,013	-0,122	1	-0,043	0,117	0,592	0,302	0,769	-0,070	0,749	-0,472
LF	0,189	-0,026	-0,219	0,475	0,348	-0,108	-0,062	0,394	-0,086	-0,263	-0,291	-0,043	1	-0,514	-0,386	-0,448	0,062	-0,335	-0,218	0,283
CR	-0,315	-0,595	0,477	-0,460	-0,587	-0,305	-0,214	-0,287	-0,206	0,153	0,573	0,117	-0,514	1	0,346	0,130	-0,131	0,264	0,467	-0,021
MVR	-0,432	-0,147	0,527	-0,358	-0,428	0,198	-0,166	0,378	0,547	0,534	0,350	0,592	-0,386	0,346	1	0,682	0,537	0,420	0,633	-0,451
MSR	-0,160	-0,216	0,453	-0,042	-0,316	0,007	-0,209	0,173	0,309	0,490	-0,120	0,302	-0,448	0,130	0,682	1	-0,021	0,525	0,197	-0,334
CPA	-0,167	0,392	0,083	-0,270	-0,269	0,261	-0,149	0,239	0,591	0,014	0,173	0,769	0,062	-0,131	0,537	-0,021	1	-0,191	0,661	-0,364
MSA	-0,064	0,020	0,771	-0,021	0,259	0,370	0,490	-0,179	-0,201	0,961	0,274	-0,070	-0,335	0,264	0,420	0,525	-0,191	1	-0,285	-0,010
MVA	-0,338	-0,281	0,189	-0,533	-0,866	-0,219	-0,596	0,212	0,504	-0,218	0,252	0,749	-0,218	0,467	0,633	0,197	0,661	-0,285	1	-0,420
PG	0,767	-0,254	-0,243	0,562	0,444	0,023	0,401	-0,117	-0,869	-0,034	0,395	-0,472	0,283	-0,021	-0,451	-0,334	-0,364	-0,010	-0,420	1

Nota: Os valores maiores 0,5 tanto positivos como negativos (em negrito), foram relevantes para considerarmos as variáveis correlacionadas. As variáveis quantitativas mais correlacionadas entre si foram descartadas das análises de Paisagem. TEM, tempo emergência da plântula; ALTI, altura inicial da parte aérea; ALTF, altura final da parte aérea; TCA, taxa de crescimento em altura; DIAI, diâmetro inicial do caule; DIAF, diâmetro final do caule; TCD, taxa de crescimento em diâmetro do caule; CF, comprimento da folha; MVR, massa verde da raiz; MSA, massa seca da parte aérea; MVA, massa verde da parte aérea; PG, porcentagem da germinação.

Tabela B4. Variáveis quantitativas de sementes e plântulas de *T. aurea*, selecionadas após análise de correlação e seus valores de variância.

Sítio	DLS	DTS	MS	NF	LF	CR	MSR	CPA
P1F1	50,778	4,267	0,001	4,637	34,480	17,402	0,441	6,065
P1F2	63,324	2,560	0,001	4,871	23,521	20,980	0,358	4,423
P2F3	36,904	49,768	0,002	2,725	26,043	12,655	0,455	7,549
P2F4	32,229	8,631	0,020	4,711	20,456	22,789	1,062	5,274
P3F5	12,347	1,673	0,001	3,455	31,692	18,463	0,426	4,931
P3F6	39,450	1,723	0,005	1,556	27,041	18,082	0,881	3,771
P4F7	28,846	3,630	0,015	3,909	30,223	23,634	0,495	7,569
P4F8	22,609	3,825	0,004	4,231	18,017	22,300	0,860	6,151
P5F9	21,584	2,069	0,003	4,881	19,057	25,238	0,656	6,776
P5F10	43,885	2,846	0,003	3,709	28,451	15,569	0,992	7,674

Nota: DLS, diâmetro longitudinal da semente; DTS, diâmetro transversal da semente; MS, massa da semente; NF, número de folhas; LF, largura de folha; CR, comprimento de raiz; MSR, massa seca de raiz; CPA, comprimento de parte aérea.

Tabela B5. Valores dos coeficientes de diferenciação quantitativa, em nível de *link*, dos caracteres de sementes e plântulas de *T. aurea*.

Paisagem	P_{ST}			Q_{ST}				
	DLS	DTS	MS	NF	LF	CR	MSR	CPA
Pai01	0,000	0,044	0,076	0,126	0,121	0,000	0,290	0,534
Pai02	0,000	0,016	0,075	0,000	0,000	0,059	0,000	0,000
Pai03	0,149	0,322	0,360	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Pai04	0,037	0,000	0,102	0,000	0,000	0,000	0,000	0,051
Pai05	0,000	0,034	0,000	0,032	0,210	0,000	0,017	0,000

Nota: P_{ST} , estimador de diferenciação fenotípica entre e dentro das populações quando não temos o controle experimental dos dados; Q_{ST} , estimador de diferenciação genética de caracteres fenotípicos quantitativos, DLS, diâmetro longitudinal da semente; DTS, diâmetro transversal da semente; MS, massa da semente; NF, número de folhas; LF, largura de folha; CR, comprimento de raiz; MSR, massa seca de raiz; CPA, comprimento de parte aérea.

Tabela B6. Valores do coeficiente de variação genética ($CVg\%$), utilizados para estimar o potencial evolutivo de *T. aurea*.

Sítio	DLS	DTS	MS	NF	LF	CR	MSR	CPA
P1F1	8,882	7,754	12,407	18,544	0,000	2,574	11,153	0,000
P1F2	12,376	5,876	15,086	0,000	16,856	8,986	23,282	10,235
P2F3	9,063	18,823	18,121	14,413	10,185	2,874	20,346	8,591
P2F4	7,827	19,849	56,797	0,000	0,000	14,255	0,000	4,015
P3F5	5,083	4,539	13,246	7,342	15,395	5,748	35,279	12,262
P3F6	9,423	5,553	28,382	14,031	0,000	2,507	32,162	13,095
P4F7	9,335	10,990	23,883	9,785	2,058	3,145	15,402	8,776
P4F8	7,309	10,089	18,981	11,997	3,621	8,381	27,973	6,559
P5F9	5,520	6,933	12,106	18,630	4,415	0,000	23,581	13,238
P5F10	8,383	7,583	16,154	11,370	5,686	1,341	15,407	5,973

Nota: $CVg\%$, coeficiente de variação genética utilizados que expressa a capacidade de resposta da população à seleção natural, considerando a sua variabilidade genética.

Tabela B7. Parâmetros de diversidade genética neutra de *T. aurea*, em nível de nó, estimados a partir dos genótipos dos indivíduos adultos obtidos a partir de 10 loci microsatélites.

Sítio	<i>He</i>	<i>AR</i>	<i>f</i>
P1F1	0,921	17,760	0,121
P1F2	0,904	16,000	0,138
P2F3	0,920	17,170	0,156
P2F4	0,919	18,453	0,203
P3F5	0,885	14,949	0,207
P3F6	0,912	18,220	0,180
P4F7	0,915	17,943	0,231
P4F8	0,898	15,965	0,151
P5F9	0,874	14,188	0,141
P5F10	0,869	14,373	0,171

Nota: *H_e*, heterozigosidade esperada; *AR*, riqueza alélica; *f*, coeficiente de endocruzamento.

Tabela 8B. Valores dos estimadores de diferenciação genética neutra, em nível de *Link*.

Paisagem	<i>F_{ST}</i>	<i>G_{ST}</i>	<i>Jost' D</i>
Pai01	0,0113953	0,1551202	0,1421979
Pai02	0,0123235	0,1557276	0,1439354
Pai03	0,0204121	0,3042276	0,2769006
Pai04	0,007623	0,1153041	0,1042587
Pai05	0,0244656	0,2808868	0,2479303

Nota: *F_{ST}*, calculado a partir de uma ANOVA das frequências alélicas; *G_{ST}*, leva em consideração a diversidade observada dentro da população e número de subpopulações; *Jost' D*, baseado no número efetivo de alelos em vez da heterozigosidade esperada.

Tabela B9. Pontuação de qualidade (Qi) a cada tipo de cobertura da terra, em nível de nó e de *link*, com base nas características dos polinizadores de *T. aurea*.

Nível	Agricultura	Pastagem	Mata ciliar	Estradas e ferrovias	Construção rural	Savana	Floresta sazonal	Plantação de Eucalypto	Área urbana	Cursos de Água	Zonas úmidas	Escala
Nó	0.3	0.2	0.6	0.7	0.4	1	0.5	0.6	0.4	0.7	0.2	500m
Link	0.3	0.2	0.6	0.1	0.4	1	0.6	0.5	0.3	0.1	0.2	2 Km
Link	0.3	0.2	0.6	0.1	0.4	1	0.6	0.5	0.3	0.1	0.2	4 Km
Link	0.3	0.2	0.6	0.1	0.4	1	0.6	0.5	0.3	0.1	0.2	6 Km

Nota: A pontuação variou de 0,2 a 1,0, onde valores baixos corresponderam a áreas mais impermeáveis e os valores mais altos corresponderam às áreas mais permeáveis às espécies de polinizadores. Utilizamos esses valores para calcularmos a qualidade da matriz usamos a métrica *Buffer Matrix Quality* (BMQ).

Tabela 10B. Correlação de Pearson entre as métricas da paisagem, nas escalas de 2Km, 4Km e 6 Km.

Classes de cobertura da Terra e escala espacial	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 Savanna_2km	1	0,966	0,840	0,989	0,942	0,908	0,982	0,924	0,895	0,989
2 SA.PA.Wet_2km	0,966	1	0,942	0,956	0,968	0,973	0,949	0,948	0,945	0,953
3 SA.PA.SE.RI.Wet_2km	0,840	0,942	1	0,806	0,857	0,910	0,793	0,823	0,844	0,799
4 Savanna_4km	0,989	0,956	0,806	1	0,969	0,929	0,999	0,961	0,933	1,000
5 SA.PA.Wet_4km	0,942	0,968	0,857	0,969	1	0,988	0,973	0,997	0,992	0,967
6 SA.PA.SE.RI.Wet_4km	0,908	0,973	0,910	0,929	0,988	1	0,930	0,980	0,990	0,925
7 SA_scale_4_2_4km	0,982	0,949	0,793	0,999	0,973	0,930	1	0,968	0,939	0,999
8 SA.PA.Wet_scale_4_2_4km	0,924	0,948	0,823	0,961	0,997	0,980	0,968	1	0,994	0,959
9 SA.PA.SE.RI.Wet_scale_4_2_4km	0,895	0,945	0,844	0,933	0,992	0,990	0,939	0,994	1	0,930
10 Savanna_6km	0,989	0,953	0,799	1,000	0,967	0,925	0,999	0,959	0,930	1
11 SA.PA.Wet_6km	0,926	0,970	0,878	0,951	0,997	0,996	0,954	0,993	0,996	0,948
12 SA.PA.SE.RI.Wet_6km	0,875	0,961	0,923	0,889	0,966	0,993	0,890	0,956	0,977	0,886
13 SA_scale_6_4_6km	0,988	0,950	0,792	0,999	0,964	0,920	0,998	0,957	0,927	1,000
14 SA.PA.Wet_scale_6_4_6km	0,906	0,967	0,893	0,929	0,989	0,998	0,932	0,983	0,994	0,926
15 SA.PA.SE.RI.Wet_scale_6_4_6km	0,836	0,940	0,923	0,845	0,936	0,975	0,845	0,924	0,954	0,842

Nota: 1. Savanna_2km, porcentagem de savana na escala de 2Km. 2. SA.PA.Wet_2km, porcentagem de savana + pastagem + áreas úmidas na escala de 2Km. 3. SA.PA.SE.RI.Wet_2km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 2Km. 4. Savanna_4km, porcentagem de savana na escala de 4Km. 5. SA.PA.Wet_4km, porcentagem de savana + pastagem + áreas úmidas na escala de 4Km. 6. SA.PA.SE.RI.Wet_4km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 4Km. 7. SA_scale_4_2_4km, porcentagem de savana na escala de 4Km – a porcentagem de savana na escala de 2Km. 8. SA.PA.Wet_scale_4_2_4km, porcentagem de savana + pastagem + áreas úmidas na escala de 4Km - porcentagem de savana + pastagem + áreas úmidas na escala de 2Km. 9. SA.PA.SE.RI.Wet_scale_4_2_4km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 4Km - porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 2Km. 10. Savanna_6km, porcentagem de savana na escala de 2Km. 11. SA.PA.Wet_6km, porcentagem de savana + pastagem + áreas úmidas na escala de 6Km. 12. SA.PA.SE.RI.Wet_6km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 6Km. 13. SA_scale_6_4_4km, porcentagem de savana na escala de 6Km – a porcentagem de savana na escala de 4Km. 14. SA.PA.Wet_scale_6_4_6km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 6Km - porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 4Km. 15. SA.PA.SE.RI.Wet_scale_6_4_6km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 6Km - porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária na escala de 4Km. Os valores em negrito demonstram as variáveis da paisagem com maior correlação.

Tabela B11. Correlação entre as métricas da paisagem, em nível do *link*, na escala espacial de 2Km.

Métricas da paisagem	1	2	3	4	5	6	7
1 Habitat_amount_2km	1	-0,862	0,997	0,961	1,000	0,966	0,840
2 Compositional_heterogeneity_2km	-0,862	1	-0,826	-0,708	-0,862	-0,718	-0,453
3 BMQ_2km	0,997	-0,826	1	0,970	0,997	0,974	0,871
4 Connectiv_func_2km	0,961	-0,708	0,970	1	0,961	1,000	0,946
5 Savanna_2km	1,000	-0,862	0,997	0,961	1	0,966	0,840
6 SA.PA.Wet_2km	0,966	-0,718	0,974	1,000	0,966	1	0,942
7 SA.PA.SE.RI.Wet_2km	0,840	-0,453	0,871	0,946	0,840	0,942	1

Nota: 1. Habitat_amount_2Km, porcentagem de savana em 2Km. 2.Compositional_heterogeneity_2Km, diferentes classes de habitat em 2Km. 3.BMQ_2Km, qualidade de matriz no *buffer* de 2Km (resistência da matriz). 4.Connectiv_func_2Km, conectividade funcional em escala de 2Km. 5.Savanna_2km, quantidade de savana em 2Km. 6.SA.PA.Wet_2km, porcentagem de savana + pastagem + áreas úmidas na escala de 2Km. 7.SA.PA.SE.RI.Wet_2km, porcentagem de savana + pastagem + floresta sazonal + floresta ripária+ áreas úmidas na escala de 2Km. Os valores em negrito demonstram as variáveis da paisagem com maior correlação.

Tabela B12. Correlação entre as métricas da paisagem, em nível do nó, na escala espacial de 500m.

Métricas da paisagem	1	2	3	4
1 Habitat_amount_500m	1	-0,236	0,989	0,914
2 Compositional_heterogeneity_500m	-0,236	1	-0,131	-0,447
3 BMQ	0,989	-0,131	1	0,880
4 Connectiv_func	0,914	-0,447	0,880	1

Nota: 1. Habitat_amount_500m, quantidade de habitat em 500m. 2. Compositional_heterogeneity_500m, diferentes classes de habitat em 500m. 3.BMQ, qualidade de matriz no *buffer* de 500m (resistência da matriz). 4.Connectiv_func, conectividade funcional. Os valores em negrito demonstram as variáveis da paisagem com maior correlação.

Tabela B13. Valores das variáveis preditoras (métricas da paisagem e N_e), nos níveis de nó e *link*.

Sítio	Habitat_amount_500m	Compositional_heterogeneity	N_e	Paisagem	Habitat_amount_2km
P1F1	36,3058	1,5007	53,60	Pai01	28,9579
P1F2	13,0189	1,3071	19,90		
P2F3	31,9652	0,9399	19,30	Pai02	23,3011
P2F4	16,2193	0,4859	49,40		
P3F5	39,1836	1,5681	51,50	Pai03	33,8359
P3F6	39,1836	1,5681	56,00		
P4F7	17,8111	1,4533	19,70	Pai04	15,4015
P4F8	14,3102	1,2289	32,60		
P5F9	76,7041	0,8456	52,90	Pai05	100,0000
P5F10	76,7041	0,8456	51,90		

Nota: Habitat_amount_500m, quantidade de habitat em 500m. Compositional_heterogeneity_500m, diferentes classes de habitat em 500m. N_e , tamanho efetivo populacional.

Apêndice C

Script C 1. Script executado para calcular os valores Q_{ST} . Este script é uma adaptação de Novaes al. (2018).

```
rm(list=ls())
setwd("E:\\Docs_Ju\\Analises_Fernanda_2018_11_14d\\Artigo_tese_Fe\\calculo_qst")
pop1<-read.table("P1F1.txt", header=T)
pop2<-read.table("P1F2.txt", header=T)
```

Link Pai01

```
data<-rbind(pop1,pop2)
### name of traits
#DLS, DTS, MS, NF, LF, CR, MSR, CPA
```

```
str(data)
```

```
data<-data[,c("POP","FAM","CPA")]
str(data)
names(data) <- c("pop", "fam", "trait")
str(data)
```

```
attach(data)
```

```
head(data)
```

```
pop<-as.factor(pop)
fam<-as.factor(fam)
```

```
# look at the distribution by pop and by pop whithin fam
```

```

#boxplot(trait~pop)
#boxplot(trait~fam%in%pop)

# linear model estimation of mean squares
lmfit <-lm(trait ~ pop + fam%in%pop)
anova(lmfit)

# get mean squares for CRD
q1 <-anova(lmfit)[1,3]
q2 <-anova(lmfit)[2,3]
q3 <-anova(lmfit)[3,3]

nij <-table(pop,fam)

nij[nij==0] <-NA

nF <-sum(!is.na(nij))
nP <-dim(nij)[1]

sumk1 <-matrix(nrow=nlevels(pop), ncol=nlevels(fam))
k1sum = function(dados) {
  for (i in 1:nrow(dados)) {
    for (j in 1:ncol(dados)) {
      sumk1[i,j] <--(dados[i,j]*dados[i,j]*(1/dados[i,j]-1/sum(dados[i,],
                                                                    na.rm=TRUE))))
    }
  }
}
k1sum(nij)
k1 = sum(sumk1, na.rm=TRUE)*1/(nF-nP)

#obtain k2
nN <-sum(nij, na.rm=TRUE)
sumk2 <-matrix(nrow=nlevels(pop), ncol=nlevels(fam))
k2sum = function(dados) {

```

```

for (i in 1:nrow(dados)) {
  for (j in 1:ncol(dados)) {
    sumk2[i,j] <--(dados[i,j]^2*(1/sum(dados[i,], na.rm=TRUE)-1/nN))
  }}
k2sum(nij)
k2 = sum(sumk2, na.rm=TRUE)*1/(nP-1)
#obtain k3
sumk3 <-matrix(nrow=nlevels(pop), ncol=1)
k3sum = function(dados) {
  for (i in 1:nrow(dados)) {
    for (j in 1:ncol(dados)) {
      sumk3[i] <--(sum(dados[i,], na.rm=TRUE)^2*(1/sum(dados[i,], na.rm=TRUE)-
1/nN))
    }}
k3sum(nij)
k3 = sum(sumk3, na.rm=TRUE)*1/(nP-1)
# estimate variance components: fam (Vfam), pop (Vpop) and aditive (Vad)
Vfam = (q2 -q3)/k1
Vpop = (q1 -q3 -k1*Vfam)/k3 # we change the equation of Novaes et al. 2018
Vad = 4*Vfam
Fis = 0.1295 #Put fis Value
# Qst estimation
Qst1 = Vpop/(Vpop + Vad*2/(1+Fis))

```

Script C 2. Script executado para calcular os valores de P_{ST} .

Link Pai01

```
rm(list=ls())
```

```
setwd ("E:\\Docs_Ju\\Analises_Fernanda_2018_11_14d\\Artigo_tese_Fe\\calculo_pst")
```

```
pop1<-read.table("P1F1.txt", header=T)
```

```
pop2<-read.table("P1F2.txt", header=T)
```

trait DLS

```
data<-rbind(pop1,pop2)
```

```
data<-data[,c("POP","FAM","DLS")]
```

```
str(data)
```

```
names(data) <- c("pop", "fam", "trait")
```

```
str(data)
```

```
attach(data)
```

```
head(data)
```

```
pop<-as.factor(pop)
```

```
fam<-as.factor(fam)
```

estimativa dos quadrados medios por meio de modelo linear

```
lmfit<-lm(trait~pop+fam%in%pop)
```

```
anova(lmfit)
```

salvando os quadrados medios

```
q1<-anova(lmfit)[1,3]
```

```

q2<-anova(lmfit)[2,3]
q3<-anova(lmfit)[3,3]

# calculando k1, k2 3 k3
nij<-table(pop,fam)
nij[nij==0]<-NA # lidar com dados desbalanceados

# obtendo k1
nF<-sum(!is.na(nij)) # numero de familias
nP<-dim(nij)[1] # numero de populacoes

sumk1<-matrix(nrow=nlevels(pop), ncol=nlevels(fam))
k1sum= function(dados){
  for(i in 1:nrow(dados)){
    for (j in 1:ncol(dados)){
      sumk1[i,j]<<- (dados[i,j]*dados[i,j]*(1/dados[i,j]-1/sum(dados[i,], na.rm=TRUE)))
    }
  }
}
k1sum(nij)

k1=sum(sumk1,na.rm=TRUE)*1/(nF-nP)

# obtendo k2
nN<-sum(nij,na.rm=TRUE)
sumk2<-matrix(nrow=nlevels(pop),ncol=nlevels(fam))
k2sum=function(dados){
  for(i in 1:nrow(dados)){
    for(j in 1:ncol(dados)){
      sumk2[i,j]<<-(dados[i,j]^2*(1/sum(dados[i,],na.rm=TRUE)-1/nN))
    }
  }
}

```

```

k2sum(nij)
k2=sum(sumk2,na.rm=TRUE)*1/(nP-1)

#obtendo k3
sumk3<-matrix(nrow=nlevels(pop),ncol=1)
k3sum=function(dados){
  for(i in 1:nrow(dados)){
    for(j in 1:ncol(dados)){
      sumk3[i]<--(sum(dados[i,],na.rm=TRUE)^2*(1/sum(dados[i,],na.rm=TRUE)-1/nN))
    }
  }
}

k3sum(nij)
k3=sum(sumk3,na.rm=TRUE)*1/(nP-1)

#
k1
k2
k3

# estimando componentes de variação: fam(Vfam), pop(Vpop) and aditivo(Vad)
Vfam=(q2-q3)/k1
Vpop=(q1-q3-k1*Vfam)/k3
s2=q3

# Ps
Ps=Vpop/(Vpop+Vfam+s2)

# Pms
Pms=Vfam/(Vpop+Vfam+s2)

# Pnm

```

$$P_{nm} = s^2 / (V_{pop} + V_{fam} + s^2)$$

```
# Pst
```

$$P_{st} = V_{pop} / (V_{pop} + (2 * V_{fam}))$$

```
detach(data)
```

Script C 3. Script executado para calcular o coeficiente de variação genética.

```
##### Node P1F1
```

```
rm(list=ls())
```

```
setwd("E:\\Docs_Ju\\Analises_Fernanda_2018_11_14d\\Artigo_tese_Fe\\calculo_herdabili  
dade_cof_variacao_genetica")
```

```
site1<-read.table("P1F1.txt", header=T)
```

```
str(site1)
```

```
site1<-site1[,c("POP","FAM","DLS")] ##DLS is a trait
```

```
names(site1) <- c("pop", "fam", "trait")
```

```
str(site1)
```

```
attach (site1)
```

```
head(site1)
```

```
pop<-as.factor(pop)
```

```
fam<-as.factor(fam)
```

```
# estimando os quadrados medios por meio de modelo linear#
```

```
lmfit<-lm(trait~fam)
```

```
anova(lmfit)
```

```

# salvando os quadrados medios

q1<-anova(lmfit)[1,3]
q2<-anova(lmfit)[2,3]

#### calculando K1

nij <-table(pop,fam)

nij[nij==0] <-NA
nF <-sum(!is.na(nij))
nP <-dim(nij)[1]

sumk1 <-matrix(nrow=nlevels(pop), ncol=nlevels(fam))
k1sum = function(dados) {
  for (i in 1:nrow(dados)) {
    for (j in 1:ncol(dados)) {
      sumk1[i,j] <--(dados[i,j]*dados[i,j]*(1/dados[i,j]-1/sum(dados[i,],
                                                                    na.rm=TRUE))))
    }
  }
}
k1sum(nij)
k1 = sum(sumk1, na.rm=TRUE)*1/(nF-nP)
k1

#valor do K1
k1= 8.327869

# estimando os componentes de variacao
Vfam=(q1-q2)/k1
s2=q2

# Coefficient of Genetic Variation
cvg=((sqrt(Vfam))/mean_trait)*100

```