



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO

Tatiana Souza do Amaral

**EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA
E ADAPTATIVA DE *Caryocar brasiliense* Camb. (CARYOCARACEAE)**

Orientadora: Dr^a. Rosane Garcia Collevatti
Co-orientador: Dr. Milton Cezar Ribeiro

Goiânia, Goiás
Outubro, 2018

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO 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 nº 9610/98, 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.

1. Identificação do material bibliográfico: Dissertação Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação:

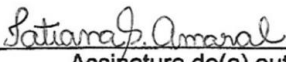
Nome completo do autor: Tatiana Souza do Amaral

Título do trabalho: Efeito da estrutura da paisagem na diversidade genética neutra e adaptativa de *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae)

3. Informações de acesso ao documento:

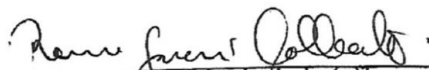
Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.



Assinatura do(a) autor(a)²

Ciente e de acordo:



Assinatura do(a) orientador(a)²

Data: 01 / 07 / 2019

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados 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.

² A assinatura deve ser escaneada.

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR AS TESES E DISSERTAÇÕES ELETRÔNICAS 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 nº 9610/98, 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.

1. Identificação do material bibliográfico: Dissertação Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação

Nome completo do autor: *Satiana Souza de Amaral*

Título do trabalho: *Efeito da estrutura da paisagem na diversidade genética neutra e adaptativa de *Laryocan brasiliensis* Lamb. (Laryocanaceae)*

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.

Satiana J. Amaral
Assinatura do (a) autor (a) ²

Data: 29 / 07 / 2022

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

²A assinatura deve ser escaneada.



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO

Tatiana Souza do Amaral

**EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA
E ADAPTATIVA DE *Caryocar brasiliense* Camb. (CARYOCARACEAE)**

Tese apresentada à Universidade Federal de Goiás
como parte das exigências do Programa de Pós-
Graduação em Ecologia e Evolução para obtenção
do título de doutor.

Orientadora: Dr^a. Rosane Garcia Collevatti
Co-orientador: Dr. Milton Cezar Ribeiro

Goiânia, Goiás
Outubro, 2018

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

Souza do Amaral, Tatiana

Efeito da estrutura da paisagem na diversidade genética neutra e adaptativa de *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae) [manuscrito] / Tatiana Souza do Amaral. - 2018.

166 f.: il.

Orientador: Profa. Dra. Rosane Garcia Collevatti; co-orientador Milton Cezar Ribeiro.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, Goiânia, 2018.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui siglas, mapas, abreviaturas, símbolos, gráfico, tabelas, lista de figuras, lista de tabelas.

1. Fluxo gênico. 2. Conectividade. 3. Dispersão. 4. Potencial evolutivo. 5. Time-lag. I. Garcia Collevatti, Rosane, orient. II. Título.

CDU 574



**SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS - UFG
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - ICB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO - PPGEE**

ATA DA SESSÃO PÚBLICA DE DEFESA DE TESE Nº 72

Aos vinte e seis dias do mês de outubro de 2018 (26/10/2018), às oito horas e trinta minutos (08h30min), no Auditório do ICB V, UFG, reuniram-se os componentes da banca examinadora: **Profa. Dra. Rosane Garcia Collevatti, ICB/UFG; Profa. Dra. Thannya Nascimento Soares, ICB/UFG; Prof. Dr. Paulo De Marco Júnior, ICB/UFG; Profa. Dra. Natacia Evangelista de Lima, ICB/UFG; Prof. Dr. Lázaro José Chaves, EA/UFG;** para, em sessão pública presidida pelo (a) primeiro(a) examinador(a) citado(a), procederem à avaliação da defesa de tese intitulada: **"Efeito da estrutura da paisagem na diversidade genética neutra e adaptativa de *Caryocar brasiliense* Camb. (*Caryocaraceae*)"**, em nível de doutorado, área de concentração em Ecologia e Evolução, de autoria de **Tatiana Souza do Amaral**, discente do Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução da Universidade Federal de Goiás. A sessão foi aberta pelo(a) presidente(a), que fez a apresentação formal dos membros da banca. A palavra, a seguir, foi concedida a(o) autor(a) da tese que, em cerca de 40 minutos, procedeu à apresentação de seu trabalho. Terminada a apresentação, cada membro da banca arguiu a(o) examinada(o), tendo-se adotado o sistema de diálogo sequencial. Terminada a fase de arguição, procedeu-se à avaliação da tese. Tendo-se em vista o que consta na Resolução nº 1127 de dezembro de 2012 do Conselho de Ensino, Pesquisa, Extensão e Cultura (CEPEC), que regulamenta o Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução, a tese foi aprovada, considerando-se integralmente cumprido este requisito para fins de obtenção do título de Doutor(a) em Ecologia e Evolução pela Universidade Federal de Goiás. A conclusão do curso dar-se-á quando da entrega da versão definitiva da tese na secretaria do programa, com as devidas correções sugeridas pela banca examinadora, no prazo de trinta dias

a contar da data da defesa. Cumpridas as formalidades de pauta, às 12:30 h e _____ min., encerrou-se a sessão de defesa e, para constar, eu, Suely Ana Ribeiro, secretária executiva da Universidade Federal de Goiás - UFG, lavrei a presente ata que, após lida e aprovada, será assinada pelos membros da banca examinadora em três vias de igual teor.


Profa. Dra. Rosane Garcia Collevatti
Presidente da banca
ICB/UFG


Profa. Dra. Thannya Nascimento Soares
ICB/UFG


Prof. Dr. Paulo De Marco Júnior
ICB/UFG


Profa. Dra. Natácia Evangelista de Lima
ICB/UFG


Prof. Dr. Lázaro José Chaves
EA/UFG

AGRADECIMENTOS

Foram quase cinco anos de muito trabalho, muita dedicação, muitas coisas novas a aprender e muitos, muitos a agradecer.

Primeiramente gostaria de agradecer à Universidade Federal de Goiás e ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução pela oportunidade e estrutura física e intelectual durante todo o tempo do meu doutorado. Agradeço especialmente aos coordenadores da PPG Eco-Evol, Mário e Rafael, que foram muito atenciosos e me deram todo apoio e suporte nos momentos finais do meu doutorado, quando eu mais precisei. Muito obrigada! O apoio de vocês foi fundamental para que eu conseguisse chegar até o final. Agradeço também a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida durante o meu doutorado. Agradeço também ao financiamento por meio da rede de pesquisa PELD COFA, apoiada pelo MCT/CNPq/CAPES (projeto nº441278/2016-7) e CAPES/PROCAD (projeto nº 88881.068425/2014-01). Agradeço ainda ao instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) pela emissão das licenças para coletar na Floresta Nacional de Silvânia (FLONA) e a Secretaria de Meio Ambiente, Recursos Hídricos, Infraestrutura, Cidades e Assuntos Metropolitanos (SECIMA) pela licença para coleta no Parque Estadual de Serra de Caldas (PECN). Agradeço também a todo pessoal e aos diretores da FLONA de Silvânia e PECN por todo apoio nas coletas. Também agradeço a todos os proprietários que gentilmente permitiram a realização dos trabalhos de campo nas suas propriedades, confiando e nos dando total apoio. Muito obrigada!

Agradeço imensamente aos meus orientadores. Agradeço muito à minha orientadora, Rosane por me aceitar como sua orientanda mesmo sem me conhecer, pela confiança em mim na realização de todas as etapas do projeto, pelas correções minuciosas, e principalmente por todo o

apoio nos momentos mais difíceis da tese, pela paciência e pelos conselhos nos momentos de crise, quando chegava até ela chorando de desespero. E sobretudo por todo apoio especialmente no final do doutorado, momento que eu mais precisei de ajuda, e ela estava lá para me ajudar. Muito obrigada Rosane! Agradeço também imensamente ao meu co-orientador Miltoninho, pela dedicação em me ajudar sempre que eu precisei, pela paciência e tranquilidade em solucionar nossas dúvidas, nos orientar nas análises, por toda sua gentileza, serenidade e alegria. Muito obrigada! E não poderia deixar de agradecer a Ju, colaboradora do projeto, mas que também me orientou nesta etapa final, sempre muito atenciosas e cuidadosa, me ajudando em tudo que eu precisava, tirando minhas dúvidas e me apoiando nos momentos mais difíceis. Ju você foi espetacular! Não tenho palavras para agradecer a toda ajuda que você me deu nas últimas etapas do meu doutorado. Seu apoio foi fundamental!

Gostaria de agradecer aos laboratórios LEEC por toda ajuda e conhecimento na área de geoprocessamento e ecologia da paisagem, ao LAPIG pela ajuda na área de geoprocessamento e disponibilidade dos mapas, e ao LGBio, por todo apoio intelectual, técnico e de infraestrutura, para que eu pudesse realizar este projeto. Gostaria de agradecer também às professoras Thannya e Mariana, pela sempre boa disposição e dedicação em me ajudar em tudo que precisei no LGBio, e por fazerem me sentir parte da equipe. Em especial gostaria de agradecer à Cíntia, bolsista do LGBio, que me ajudou demais no laboratório, sempre atenciosa, paciente e solícita, sempre me ajudou em tudo que eu precisava no laboratório. Muito obrigada Cíntia! E aos meus colegas do LGBio, muito obrigada por todo apoio e por toda ajuda. Muito obrigada Jaque e Amanda, bolsistas do LGBio, sempre dispostas a nos dar assistência, auxiliando em tudo que precisávamos. Aos colegas que me ajudaram com extrações, Pri, Sara, Lais. À Ramilla e à Thais,

que deram um pouco do seu tempo e atenção para me passar um pouco do grande conhecimento que elas têm em laboratório, muito obrigada meninas!

Muito obrigada aos colegas que ajudaram em campo: Nicole, Leciane, Josimar, Lays, e em quase todos os campos, o Elias! Muito obrigada galera! O campo era pesado, mas a gente se divertiu muito também! A ajuda de vocês foi essencial!

Um obrigada especial à Vanessa por dividir comigo o seu conhecimento dos procedimentos do laboratório e pela ajuda com os diversos programas, e nós sabemos que são muitos. E obrigado pelos ouvidos emprestados para ouvir minhas lamentações. Obrigada pelo seu apoio e alegria!

E falando em programas, obrigada a Taty, por me ceder um pouquinho do seu tempo pra me ajudar com o Lamarc, mesmo estando em desespero com o final do doutorado, assim como eu. Muito obrigada Taty, você é muito generosa! Assim como toda a equipe LGBio!

E falando em generosidade, não poderia deixar de falar da minha companheira de projeto, Fer. Amiga, companheira de campo, de laboratório, de casa de vegetação, de orientadores, de desespero, hahaha! Fer, muito obrigada pela sua generosidade em dividir comigo o seu conhecimento na área de genética, o que eu sei no laboratório foi graças a você! Obrigada por ser essa parceira sempre animada e bem-disposta no campo. Muito obrigada pelo seu coração enorme! Pelo seu apoio sempre, por seus conselhos, pelo seu positivismo, por seu carinho! Você é demais!!!

Gostaria de agradecer a todos que me ajudaram e de alguma forma contribuíram para minha formação e para este projeto: a Carol Novaes pela ajuda no experimento na casa de vegetação, a Carol Carvalho por me ajudar com minhas dúvidas no delineamento do projeto, a Thamara e ao Warley, bolsistas de iniciação científica que nos ajudaram durante boa parte do projeto.

Ao Joaquim e Guida pela torcida e pelo apoio. Vocês não têm ideia de como o carinho e a torcida de vocês foi importante para mim. Muito obrigada!

E gostaria e preciso agradecer muito a Fabiana, psicóloga que acolheu em uma parte do meu doutorado. Obrigada pela sua atenção, gentileza, preocupação e cuidado comigo. Obrigada pelo seu apoio nos momentos mais difíceis, e por me acolher durante minhas crises e momentos de desespero. Muito obrigada pelo seu carinho.

Da mesma forma, gostaria e preciso agradecer muito toda a equipe do Saudavelmente. Eles me mantiveram de pé durante a fase final do meu doutorado. Muito obrigado Uilton por ser sempre tão atencioso, cuidadoso, preocupado e solícito. Você é uma das pessoas mais gentis que já conheci. Obrigada por ser assim! Agradeço também a Adriana, minha psiquiatra, por todo apoio e cuidado que ela tem tido comigo durante esse tempo. Sempre tão paciente e cuidadosa, muito obrigada!

E agradecimentos especiais vão para a Lais, minha atual psicóloga, que me acolheu tão amavelmente no seu grupo e na sua vida. Muito obrigada Laís pela sua paciência, pelo seu carinho, pela disposição em me ajudar sempre. Muito obrigada por cuidar de mim nos piores momentos, e me trazer a paz e tranquilidade que eu preciso pra terminar meu doutorado e pra viver a minha vida. E muito obrigada ao meu grupo de terapia: Day, Ruver, Ludy, Arianne, Luiz e Lucas. Está sendo uma experiência maravilhosa compartilhar momentos bons e ruins com vocês, nossas experiências, obrigada pelos conselhos, pelas palavras de carinho e apoio. Não tenho palavras para dizer o quão bom estes momentos têm sido para mim. Obrigada pessoal por compartilhar essas duas horas da semana de vocês comigo!

Quero agradecer também aos meus queridos amigos Renan e Lilian! Muito obrigada pela amizade, pelo apoio, pelas risadas, pela companhia de vocês todos esses anos. Foi muito bom

compartilhar esses momentos com vocês e ter vocês ao meu lado. Sentimos muita falta de vocês aqui, mas estamos felizes por estarem bem em Campinas! Vocês são únicos! E não poderia deixar de agradecer por toda ajuda na casa de vegetação e no campo. Muito obrigada pelo apoio sempre em todos os momentos que precisei.

E falando em amigos, muito obrigada Day, por você ser essa amiga tão atenciosa, preocupada, companheira. Obrigada por estar ao meu lado, pelas conversas, pelos momentos de diversão, pelos passeios, pela paixão pelos gatíneos, que me trouxe a Arya. Muito obrigada pela sua amizade. E por estar comigo nos momentos mais difíceis, em que eu mais precisei. Você é uma pessoa muito especial e generosa. Acredite! Você é luz!

E agradecimentos mais que especiais à minha família, que sempre me apoiou em todas as minhas decisões. Em especial minha irmã, Thais, que sempre esteve ao meu lado, me aguentando, me apoiando, torcendo por mim, compartilhando comigo momentos tristes e felizes. E não tenho palavras para agradecer minha mãe. Que sempre acreditou em mim, nunca questionou minhas decisões, sempre me apoiou, mesmo quando ela não entendia minhas escolhas, porque ela sabia que eu estava indo atrás daquilo que me fazia feliz. Muito obrigada mãe... você que sempre esteve ao meu lado, que sempre foi essa mulher forte e guerreira, que sempre me compreendeu, que sempre lutou por mim e pela Thais com todas as suas forças, que me deu a liberdade de tomar as minhas próprias decisões e fazer minhas próprias escolhas e que nunca mediu esforços para me ajudar e apoiar no que fosse preciso. Amo muito vocês!

E falando em família, gostaria de agradecer também aos meus sogros, Vera e Airton, pelo apoio e pelos momentos de lazer, tão importantes para que eu pudesse recarregar minhas energias para seguir em frente. Em especial minha sogra, pelas orações, pelos conselhos, pelas palavras de incentivo e tranquilidade. Muito obrigada!

E por fim, gostaria de agradecer especialmente ao Marcelo, meu agora marido! Sem você eu com certeza não teria conseguido! Não tenho palavras para te agradecer e dizer o quão importante você foi em todo esse processo. Poderia fazer uma lista infindável de coisas que você fez por mim todo esse tempo para que tornasse minha dor menor e para que eu tivesse forças para seguir em frente, mas acho que todas elas se resumem em AMOR. E o seu amor é paciente, compreensivo, atencioso, carinhoso, preocupado, companheiro, gentil, cuidadoso, dedicado, compreensivo, alegre, amigo, e tem tantas outras qualidades que não tenho palavras para dizer o quão grande ele é. Assim como meu amor por você. Obrigada por ser essa pessoa incrível e por estar ao meu lado em todos os processos pelos quais passei até aqui, tanto pessoais quanto do doutorado. Foram campo, cuidado das sementes e plântulas na casa de vegetação, laboratório, análises, escrita, e em todos eles você estava ao meu lado, sempre me ajudando. Sem você tudo isso não teria sido possível. E não existem palavras para eu falar tudo que você é para e o quanto eu te agradeço por tudo. Tudo que eu posso dizer é muito obrigada! Te amo!

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

AIC	Critério de Informação de Akaike
ALTF	Altura final da plântula
ALTI	Altura inicial da plântula
CF	Comprimento foliar
CONN	Conectividade funcional
CR	Comprimento da raiz
df	Graus de liberdade
DIAF	Diâmetro final da plântula
DIAI	Diâmetro inicial da plântula
DLS	Diâmetro longitudinal da semente
DTS	Diâmetro transversal da semente
FI	Isolamento funcional
FLONA	Floresta Nacional de Silvânia
GAM	Modelos Aditivos Generalizados
GLM	Modelos Lineares Generalizados
LF	Largura foliar
LPI	Índice de fragmento maior
LSMetrics	<i>Landscape metrics</i>
MS	Massa da semente
MSA	Massa seca da parte aérea da plântula
MSR	Massa seca da raiz da plântula
MVA	Massa verde da parte aérea da plântula

MVR	Massa verde da raiz da plântula
NF	Número de folhas
PECN	Parque Estadual de Caldas Novas
PEM	Porcentagem de emergência
PLAND	Porcentagem de cobertura de savana (Quantidade de habitat em porcentagem)
PR	Riqueza de classes
PRD	Densidade da riqueza de classes
SHDI	Índice de diversidade de Shannon
SHEI	Índice de equabilidade de Shannon
SIDI	Índice de diversidade de Simpson
SIEI	Índice de equabilidade de Simpson
TA	Tamanho do fragmento
TCA	Taxa de crescimento da altura da plântula
TCD	Taxa de crescimento do diâmetro da plântula
TEM	Tempo de emergência

LISTA DE SÍMBOLOS

$AICc$	AIC corrigido para pequenas amostras
$\Delta AICc$	Diferença entre cada modelo e o melhor modelo encontrado dado um conjunto de modelos
AR	Riqueza alélica
CVg	Coefficiente de variação genética
f	Coefficiente de endogamia
F_{ST}	Diferenciação genética neutra baseada na heterozigosidade esperada
G_{ST}	Diferenciação genética neutra padronizada
h_{2m}	Herdabilidade média das progênes no sentido restrito
He	Heterozigosidade esperada
$Jost'D$	Diferenciação genética neutra baseada no número efetivo de alelos
Ne	Tamanho efetivo populacional
P_{ST}	Diferenciação genética quantitativa para caracteres sem controle experimental
Q_{ST}	Diferenciação genética quantitativa baseada na variância genética aditiva
w_i	Contribuição relativa do modelo i para explicar o padrão observado, dado um conjunto de modelos

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.1.** Predições das relações esperadas entre as variáveis respostas e preditivas nos níveis de nó e *link* para *Caryocar brasiliense*. As linhas pretas contínuas representam a variância dos caracteres quantitativos (para a lista dos caracteres medidos ver Tabela 2) e os parâmetros de diferenciação genética (P_{ST} e Q_{ST}). 5050
- Figura 1.2.** Área de estudo, localizada no Estado de Goiás, Brasil. As áreas em cinza correspondem aos remanescentes de savana. Os pontos vermelhos representam as paisagens amostradas..... 5252
- Figura 1.3.** Delineamento amostral e delimitação das paisagens. Os pontos pretos representam os diferentes sítios amostrados em áreas de savana, totalizando 10 sítios amostrais. Os fragmentos estão contornados de cinza, totalizando oito fragmentos. Os polígonos tracejados ao redor de cada sítio correspondem aos *buffers* de 500m. Os círculos maiores correspondem aos *buffers* de 2km, 4km e 6km realizados a partir do ponto médio entre dois sítios amostrais. **A**= Paisagem 1, **B**= Paisagem 2, **C**= Paisagem 3 (Floresta Nacional de Silvânia), **D**= Paisagem 4, **E**= Paisagem 5 (Parque Estadual da Serra de Caldas). 5353
- Figura 1.4.** Duas formas de abordagem para a análise das variáveis genéticas: A) nível de nó e B) nível de *link*. Os círculos em preto representam paisagens e as manchas verdes representam fragmentos. No nível de nó as variáveis resposta (e.g., variância do carácter) em cada sítio (e.g., 1, 2 na Figura A) são relacionados às variáveis da paisagem do mesmo local. No nível de *link*, a diferenciação genética (e.g., Q_{ST} , P_{ST}) entre pares de sítios (e.g., 1 na Figura B) são relacionadas às variáveis da paisagem ao redor de cada *link*..... 6060
- Figura 1.5.** Modelos mostrando os efeitos da conectividade funcional na variância da (A) massa da semente ($wAICc= 0.20$, $p_{(CONN)} = 0.02$) e (B) diâmetro final ($wAICc= 0.324$, $p_{(CONN)} = 0.00$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. 7070

Figura 1.6. Modelos selecionados mostrando os efeitos aditivos da conectividade funcional e quantidade de habitat nos caracteres de diâmetro (A e C) e os efeitos aditivos da conectividade funcional e tamanho efetivo populacional na variância dos caracteres foliares (B e D) de *C. brasiliense* em 10 sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. **A.** DIAI - diâmetro inicial ($wAICc= 1$, $p_{(PLAND)} = 0.00$, $p_{(CONN)} = 0.00$); **B.** CF – comprimento foliar ($wAICc= 0.726$, $p_{(CONN)} = 0.00$, $p_{(NE)} = 0.09$), **C.** TCD – taxa de crescimento do diâmetro ($wAICc= 0.515$, $p_{(PLAND)} = 0.17$, $p_{(CONN)} = 0.01$), **D.** LF- largura foliar ($wAICc= 0.763$, $p_{(CONN)} = 0.02$, $p_{(NE)} = 0.09$). **PLAND**= Quantidade de habitat; **CONN** = Conectividade funcional; **NE**= tamanho efetivo populacional. Valores na barra à direita representam os valores esperados do modelo..... 7171

Figura 1.7. Relação entre o tamanho efetivo populacional e a variação no comprimento da raiz (CR, $wAICc= 0.28$, $p_{(NE)} = 0.04$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil..... 7272

Figura 1.8. Relação entre o tamanho efetivo populacional e a variação na massa verde da raiz (MVR, ($wAICc= 0.39$, $p_{(PLAND)} = 0.39$, $p_{(NE)} = 0.02$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **PLAND**= Quantidade de habitat; **NE**= tamanho efetivo populacional. Valores na barra à direita representam os valores esperados do modelo. 7272

Figura 1.9. Modelos mostrando os efeitos da heterogeneidade (A) na variação do diâmetro transversal da semente (DTS, $wAICc= 0.86$, $p_{(CONN)} = 0.03$) e (B) na variação da porcentagem de emergência (PEM, ($wAICc= 0.24$, $p_{(CONN)} = 0.04$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. 7373

Figura 1.10. Modelo dos efeitos do fluxo gênico e seleção na diversidade genética de *Caryocar brasiliense*. Seleção¹ = aborto de sementes provenientes de autofecundação (Collevatti *et al.* 2009); seleção² = maior mortalidade em indivíduos espacialmente próximos (Collevatti & Hay 2011); seleção³ = pressões de seleção para caracteres relacionados a adaptações ambientais... 799

Figura 2.1. Predições das relações esperadas entre as variáveis resposta e preditivas nos níveis de nó e *link* para *Caryocar brasiliense*. As linhas pretas contínuas representam a riqueza alélica (*AR*), a heterozigosidade esperada (*He*) e os parâmetros de diferenciação genética (*F_{ST}*, *G_{ST}* e Jost'D). A linha contínua vermelha representa o coeficiente de endogamia (*f*). 115115

Figura 2.2. Área de estudo, localizada no Estado de Goiás, Brasil. A área cinza claro a abrangência do bioma Cerrado no Brasil. As áreas em cinza escuro correspondem aos remanescentes de savana. Os sítios vermelhos representam as cinco paisagens amostradas. .. 1166

Figura 2.3. Delineamento amostral e delimitação das paisagens. Os círculos pretos representam os diferentes sítios amostrados em áreas de savana, totalizando 10 sítios amostrais. Os fragmentos estão contornados de cinza, totalizando oito fragmentos. Os polígonos tracejados ao redor de cada sítio correspondem aos *buffers* de 500m. Os círculos maiores correspondem aos *buffers* de 2km, 4km e 6km realizados a partir do ponto médio entre 2 sítios amostrais. **A**= Paisagem 1, **B**= Paisagem 2, **C**= Paisagem 3 (Floresta Nacional de Silvânia), **D**= Paisagem 4, **E**= Paisagem 5 (Parque Nacional de Serra de Caldas Novas). 1177

Figura 2.4. Duas formas de abordagem para a análise das variáveis genéticas: A) nível de nó e B) nível de *link*. Os círculos em preto representam paisagens e as manchas verdes representam fragmentos. No nível de nó as variáveis resposta (e.g., *AR*, *He*, *f*) em cada sítio (e.g., 1, 2 na Figura A) são relacionados às variáveis da paisagem do mesmo local. No nível de *link*, a diferenciação genética (e.g., *F_{ST}*, *G_{ST}*, Jost'D) entre pares de sítios (e.g., 1 na Figura B) são relacionadas às variáveis da paisagem ao redor de cada *link*..... 12121

Figura 2.5. Relação entre a heterogeneidade da paisagem e a riqueza alélica de adultos (*wAICc*= 0.96, *p*=0.00) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. 12929

Figura 2.6. Relação entre a quantidade de habitat e a riqueza alélica de juvenis (*wAICc*= 0.38, *p*=0.03) de *Caryocar brasiliense* observada para 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil 13030

Figura 2.7. Modelo mostrando os efeitos aditivos da quantidade de habitat e conectividade funcional na heterozigosidade esperada de juvenis ($wAICc= 0.27$, $p_{(PLAND)}= 0.04$, $p_{(CONN)}= 0.06$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. PLAND= quantidade de habitat; CONN= conectividade funcional. As cores barra à direita representam os valores esperados do modelo. 13030

Figura 2.8. Relação entre conectividade funcional e a diferença na diversidade genética de adultas e juvenis ($wAICc= 0.35$, $p=0.04$) de *Caryocar brasiliense* observada em 10 sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. 13131

Figura 2.9. Relação entre a heterogeneidade da paisagem e a diferenciação genética de adultos ($wAICc= 1$, $p=0.02$) de *Caryocar brasiliense* observada em pares de sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. Este mesmo padrão foi observado para os parâmetros $G'st$ e $Jost'D$ 13231

LISTA DE TABELAS

Tabela 1.1. Localização, porcentagem de cobertura de savana e amostragem das cinco paisagens e dez sítios amostrais de coleta para o estudo de *Caryocar brasiliense* no estado de Goiás, Brasil. **Amostragem: N plantas-mãe**= número de plantas-mãe das quais coletamos, medimos e plantamos as sementes; **N sementes**= número de sementes medidas; **N plântulas** = número de sementes que germinaram na casa de vegetação. 5454

Tabela 1.2. Caracteres quantitativos de sementes e plântulas que foram avaliados nas progênies de *Caryocar brasiliense* em cinco paisagens e 10 sítios amostradas no estado de Goiás, Brasil. 5656

Tabela 1.3. Partição da variância na análise de variância, de acordo com o modelo hierárquico com efeito dos sítios amostrais, das plantas-mãe (progênies) dentro dos sítios e dos resíduos. **gl** = graus de liberdade; **SM**= media dos quadrados; **S**= número de sítios ($S=10$); **P**= número total de progênies (90), **N**= número total de plântulas ou sementes. Os valores de k correspondem aos coeficientes dos componentes de variância e são calculados da seguinte maneira: $k_1 = 1P - \sum_{i,j} n_{ij}^2 / 21n_{ij} - 1n_i$; $k_2 = 1S - \sum_{i,j} n_{ij}^2 / 21n_i - 1n$; $k_3 = 1S - 1n_i \cdot 21n_i - 1n$, nos quais: n_{ij} = número de indivíduos da progênie j do sítio i ; n_i = número de progênies do sítio i e n = número total de plântulas ou sementes. 5959

Tabela 1.4. Descrição, como foram calculadas e os softwares utilizados para calcular as métricas da paisagem relacionadas a quantidade de habitat, conectividade e heterogeneidade para cinco paisagens e dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. 6363

Tabela 1.5. Lista dos modelos concorrentes usados para explicar a diversidade e a diferenciação genética quantitativa de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrais (nível de nó) e cinco paisagens (nível de *link*). **PLAND**= Quantidade de habitat (porcentagem das áreas de savana); **CONN** = conectividade funcional (área funcionalmente conectada em hectares), **SHDI**= Índice de diversidade de Shannon; **Ne**= tamanho efetivo populacional. 6565

Tabela 1.6. Estimativa da herdabilidade (h^2m) por população e geral para os caracteres de *Caryocar brasiliense* medidos em experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento foram coletadas em nove sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **TEM**= tempo de emergência; **PEM**= porcentagem de emergência; **ALTI**= altura inicial; **ALTF**= altura final; **TCA**= taxa de crescimento da altura; **DIAI**= diâmetro inicial; **DIAF**= diâmetro final; **TCD**= taxa de crescimento do diâmetro; **NF**= número de folhas; **CF**= comprimento foliar; **LF**= largura foliar; **MSR**= massa seca da raiz; **MVR**= massa verde da raiz; **CR**= comprimento da raiz; **MAS**= massa seca da parte aérea; **MVA**= massa verde da parte aérea; **CPA**= comprimento da parte aérea. 6767

Tabela 1.7. Estimativa do coeficiente de variação genética (CVg , em porcentagem) por população e geral para os caracteres de *Caryocar brasiliense* medidos em experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento foram coletadas em nove sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **TEM**= tempo de emergência; **PEM**= porcentagem de emergência; **ALTI**= altura inicial; **ALTF**= altura final; **TCA**= taxa de crescimento da altura; **DIAI**= diâmetro inicial; **DIAF**= diâmetro final; **TCD**= taxa de crescimento do diâmetro; **NF**= número de folhas; **CF**= comprimento foliar; **LF**= largura foliar; **MSR**= massa seca da raiz; **MVR**= massa verde da raiz; **CR**= comprimento da raiz; **MAS**= massa seca da parte aérea; **MVA**= massa verde da parte aérea; **CPA**= comprimento da parte aérea. 6868

Tabela 1.8. Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de nó mostrando a relação da conectividade funcional (CONN), tamanho populacional efetivo (N_e), heterogeneidade (SHDI) e quantidade de habitat (PLAND) com a variância de caracteres medidos para *C. brasiliense* em 10 sítios amostrais no estado de Goiás, Brasil. * $p < 0.05$ 6969

Tabela 1.9. Diferenciação genética quantitativa par-a-par (P_{ST}) estimada para pares de sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. **DLS**= diâmetro longitudinal da semente; **DTS**= diâmetro transversal da semente; **MS**= massa da semente; **P1**= Paisagem 1; **P2**= Paisagem 2; **P3**= Paisagem 3; **P4**= Paisagem 4; **P5**= Paisagem 5. 7373

Tabela 1.10. Diferenciação genética quantitativa par-a-par (Q_{ST}) estimada para cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. Os caracteres quantitativos foram medidos em plântulas de *C. brasiliense* provenientes de experimento em casa de vegetação. **TEM**= tempo de emergência; **PEM**= porcentagem de emergência; **ALTI**= altura inicial; **ALTF**= altura final; **TCA**= taxa de crescimento da altura; **DAI**= diâmetro inicial; **DAF**= diâmetro final; **TCD**= taxa de crescimento do diâmetro; **NF**= número de folhas; **CF**= comprimento foliar; **LF**= largura foliar; **MSR**= massa seca da raiz; **MVR**= massa verde da raiz; **CR**= comprimento da raiz; **MAS**= massa seca da parte aérea; **MVA**= massa verde da parte aérea; **CPA**= comprimento da parte aérea; **P1**= Paisagem 1; **P2**= Paisagem 2; **P3**= Paisagem 3; **P4**= Paisagem 4; **P5**= Paisagem 5..... 7474

Tabela 1.11. Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de *link* mostrando a relação da quantidade de habitat (PLAND) e heterogeneidade (SHDI) com diferenciação genética quantitativa estimada para caracteres de *Caryocar brasiliense* em pares de sítios amostrais em cinco paisagens no estado de Goiás, Brasil. 7474

Tabela 2.1. Localização das cinco sítios e dez sítios amostrais de coleta para análise dos efeitos da estrutura da paisagem na diversidade genética neutra de *Caryocar brasiliense* no estado de Goiás, Brasil. **Cobertura de savana**= porcentagem de cobertura de savana; **Amostragem: Nadultos**= quantidade de adultos amostrados e genotipados; **Njuvenis**= quantidade de juvenis amostrados no campo e genotipados..... 11919

Tabela 2.2. Descrição, como foram calculadas e os softwares utilizados para calcular as métricas da paisagem relacionadas a quantidade de habitat, conectividade e heterogeneidade para cinco paisagens e dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. 12222

Tabela 2.3. Lista dos modelos concorrentes usados para explicar diversidade e diferenciação genética quantitativa em cinco paisagens (nível de *link*) e 10 sítios amostrais (nível de nó) de *C. brasiliense*. **PLAND**= quantidade de habitat (%); **CONN** = conectividade funcional (área in ha), **SHDI**= Índice de diversidade de Shannon; **NE**= tamanho efetivo populacional. 12525

Tabela 2.4. Estimativas de diversidade genética de indivíduos adultos de *Caryocar brasiliense* utilizando nove locos microssatélites para os dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **N**= número de indivíduos amostrados, **A**=número de alelos, **AR**= riqueza alélica, **He**= heterozigidade esperada, **f**= coeficiente de endogamia. 12626

Tabela 2.5. Estimativas de diversidade genética de indivíduos juvenis de *Caryocar brasiliense* utilizando nove locos microssatélites para os dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **N**= número de indivíduos amostrados, **A**= número de alelos, **AR**= riqueza alélica, **He**= heterozigidade esperada, **f**= coeficiente de endogamia. 12727

Tabela 2.6. Teste t pareado dos parâmetros genéticos de adultos e juvenis de *Caryocar brasiliense* utilizando nove locos microssatélites para 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **AR**= riqueza alélica, **He**= heterozigidade esperada, **f**= coeficiente de endogamia. **gl**= graus de liberdade. * $p < 0.05$ 12727

Tabela 2.7. Estimativas de diferenciação genética entre pares de sítios dentro da mesma paisagem de adultos e juvenis de *Caryocar brasiliense* utilizando nove locos microssatélites para os dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. 12828

Tabela 2.8. Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de nó mostrando a relação da quantidade de habitat (PLAND), conectividade funcional (CONN) e diversidade de classes (SHDI) com a riqueza alélica (AR) e heterozigidade esperada (He) estimada para adultos e juvenis de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. p_1 = p da primeira variável, p_2 = p da segunda variável. 12828

Tabela 2.9. Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de *link* mostrando a relação da diversidade de classes (SHDI) com diferenciação genética estimada para adultos de *C. brasiliense* em pares de sítios amostrais em 5 paisagens no estado de Goiás, Brasil. 13131

SUMÁRIO

RESUMO GERAL.....	24
ABSTRACT.....	26
INTRODUÇÃO GERAL.....	28
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	35
CAPÍTULO 1: EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA VARIABILIDADE GENÉTICA QUANTITATIVA DE <i>Caryocar brasiliense</i> Camb. (CARYOCARACEAE)	43
1. RESUMO	44
2. ABSTRACT	45
3. INTRODUÇÃO	46
4. MATERIAL E MÉTODOS	50
3.1. Desenho amostral e seleção das paisagens.....	50
3.2. Dados quantitativos	52
3.3. Potencial evolutivo	56
3.4. Efeitos da estrutura da paisagem na variação e diferenciação genética quantitativa	59
5. RESULTADOS.....	65
4.1. Variabilidade fenotípica	65
4.2. Potencial evolutivo	66
4.3. Efeitos da estrutura da paisagem na variação e diferenciação genética quantitativa	69
6. DISCUSSÃO.....	75
7. CONCLUSÃO	78
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	79
9. MATERIAL SUPLEMENTAR	87
CAPÍTULO 2: EFEITOS DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA DE INDIVÍDUOS ADULTOS E JUVENIS DE <i>Caryocar brasiliense</i> Camb. (CARYOCARACEAE)	108
1. RESUMO	109
2. ABSTRACT.....	110
3. INTRODUÇÃO	111
4. MATERIAL E MÉTODOS	115
4.1. Desenho amostral e seleção das paisagens.....	115

4.2. Obtenção dos dados genéticos.....	118
4.3. Efeitos da estrutura da paisagem na diversidade e diferenciação genética neutra	120
5. RESULTADOS	126
5.1. Diversidade genética em indivíduos adultos e juvenis de <i>C. brasiliense</i>	126
5.2. Diferenciação genética em indivíduos adultos e juvenis de <i>C. brasiliense</i>	127
5.3. Efeitos da estrutura da paisagem na diversidade e diferenciação genética neutra	128
6. DISCUSSÃO.....	132
7. CONCLUSÃO	136
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	136
9. MATERIAL SUPLEMENTAR	152
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	162
GLOSSÁRIO	163

RESUMO GERAL

1
2 Entender como os impactos causados pelo homem e a heterogeneidade ambiental gerada por
3 essas alterações afetam a variabilidade genética é essencial para a preservação e o planejamento
4 do manejo das espécies animais e vegetais. O objetivo principal deste trabalho foi investigar os
5 efeitos das alterações na paisagem sobre a diversidade e diferenciação genética neutra e
6 adaptativa de *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae), espécie endêmica e considerada por
7 lei árvore símbolo do Cerrado. Para tanto, selecionamos cinco paisagens em regiões próximas
8 ao município de Goiânia, no estado de Goiás. Dentro de cada paisagem, elencamos dois sítios
9 amostrais. Para medir a estrutura da paisagem calculamos métricas relacionadas à quantidade de
10 habitat, conectividade e heterogeneidade em *buffers* de 2km, 4km e 6km que delimitavam as
11 paisagens e em *buffers* de 500m ao redor dos sítios amostrais. Em cada sítio coletamos frutos de,
12 em média, 10 plantas-mãe. As sementes destes frutos foram medidas (diâmetro longitudinal,
13 diâmetro transversal e massa) e plantadas em casa de vegetação. Posteriormente nós efetuamos
14 medições de caracteres conhecidamente importantes para os estágios iniciais da planta, tais
15 como: a porcentagem e o tempo de germinação, as alturas inicial e final, a taxa de crescimento
16 da altura, os diâmetros inicial e final, a taxa de crescimento do diâmetro, o número de folhas, o
17 comprimento e a largura foliar, a massa verde e a massa seca da raiz e da parte aérea, o
18 comprimento da raiz e da parte aérea. O experimento realizado na casa de vegetação nos
19 permitiu acessar a variabilidade genética quantitativa e o potencial evolutivo de *C. brasiliense*
20 nos sítios amostrados. Assim, no primeiro capítulo, nós avaliamos o potencial evolutivo de *C.*
21 *brasiliense* em cada sítio amostrado e os efeitos da estrutura da paisagem na variabilidade e
22 diferenciação genética quantitativa. No segundo capítulo nós analisamos os efeitos da estrutura
23 da paisagem na diversidade e diferenciação genética neutra de adultos e juvenis de *C. brasiliense*
24 e verificamos se está ocorrendo um *time-lag* dos efeitos da alteração de habitat na perda de

1 diversidade genética nessas paisagens. Para isto, nos mesmos sítios em que amostramos os
2 frutos, nós coletamos folhas de indivíduos adultos e juvenis para extração de DNA. A partir dos
3 genótipos obtidos utilizando nove locos microssatélites, nós acessamos a diversidade genética
4 neutra de *C. brasiliense* e relacionamos com as métricas da paisagem e o tamanho efetivo
5 populacional. A partir dessas análises, nós encontramos que a conectividade funcional foi uma
6 variável importante para explicar os padrões observados na variabilidade genética quantitativa da
7 maioria dos caracteres estudados, como àqueles relacionados às sementes, diâmetro das plântulas
8 e caracteres foliares. A quantidade de habitat (%) foi a variável que determinou os padrões de
9 diferenciação genético-quantitativa para as taxas de crescimento da altura e do diâmetro, bem
10 como foi importante para explicar a diversidade genética neutra dos juvenis. Os níveis
11 intermediários da quantidade de habitat apresentaram os maiores valores de riqueza alélica e
12 heterozigosidade esperada para os juvenis, enquanto que a perda de diversidade genética, medida
13 como a diferença entre a diversidade genética dos adultos e dos juvenis, foi influenciada pela
14 conectividade funcional. A redução da diversidade genética detectada principalmente nos
15 juvenis evidencia um efeito de *time-lag*, e corrobora com estudos que afirmam que espécies de
16 vida longa, como é o caso de *C. brasiliense*, requerem um longo período de fragmentação para
17 que as mudanças na heterozigosidade sejam detectadas. De forma geral o fluxo dos
18 polinizadores e dispersores, e consequentemente o fluxo gênico, é um processo importante na
19 manutenção do potencial evolutivo e diversidade genética desta espécie uma vez que, a
20 conectividade funcional foi a variável mais importante influenciando a diversidade genética
21 neutra e adaptativa de *C. brasiliense*. Desta forma, nossos resultados demonstram que restaurar
22 ou conservar áreas de habitat em lugares chave que viabilizem a conectividade da paisagem são
23 essenciais para a conservação desta espécie.

1 Palavras-chave: fluxo gênico, conectividade, dispersão, potencial evolutivo, plântula, *time-lag*

2 **ABSTRACT**

3 Understanding how the human-caused impacts and environmental heterogeneity caused by these
4 changes affect genetic variability is essential for the preservation and planning of animal and
5 plant species management. The main objective of this work was to investigate the effects of
6 landscape changes on diversity and on the adaptive and neutral genetic differentiation of
7 *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae), an endemic species and tree symbol of Cerrado.
8 To do so, we selected five landscapes in regions near Goiânia, in the state of Goiás. Within each
9 landscape, we selected two sample sites. To measure the structure of the landscape, we
10 calculated metrics related to the amount of habitat, connectivity and heterogeneity in buffers of
11 2km, 4km and 6km that delimited the landscapes and in buffers of 500m around the sampling
12 sites. In each site, we collect fruits of, on average, 10 mother-trees. The seeds of these fruits were
13 measured (longitudinal diameter, transverse diameter and mass) and planted in a greenhouse.
14 Afterwards, we performed character measurements of that were known to be important for the
15 early stages of the plant, such as: percentage and germination time, initial and final heights,
16 height growth rate, initial and final diameters, growth rate of diameter, number of leaves, leaf
17 length and width, fresh and dry mass of root and shoot, root and shoot length. The experiment
18 carried out in the greenhouse allowed us to access the quantitative genetic variability and the
19 evolutionary potential of *C. brasiliense* in the sampled sites. Thus, in the first chapter, we
20 evaluated the evolutionary potential of *C. brasiliense* in each sampled site and the effects of
21 landscape structure on quantitative genetic variability. In the second chapter, we analyzed the
22 effects of landscape structure on the diversity and genetic differentiation of adults and juveniles
23 of *C. brasiliense* and verified if there is a *time-lag* of the effects of habitat change on the loss of

1 genetic diversity in these landscapes. For this, in the same sites where we sampled the fruits, we
2 collected leaves of adults and juveniles for DNA extraction. From the genotypes obtained using
3 nine microsatellite loci, we access the neutral genetic diversity of *C. brasiliense* and relate it with
4 the landscape metrics and the population effective size. From these analyzes, we found that
5 functional connectivity was an important variable to explain the patterns observed in the
6 quantitative genetic variability of most of the characters studied, such as those related to seeds,
7 seedling diameter and leaf characters. The amount of habitat (%) was the variable that
8 determined the patterns of genetic-quantitative differentiation for the growth rates of height and
9 diameter, as well as being important to explain the neutral genetic diversity of juveniles.
10 Intermediate levels of the amount of habitat had the highest values of allelic richness and
11 heterozygosity expected for juveniles, while loss of genetic diversity, measured as the difference
12 between adult and juvenile genetic diversity, was influenced by functional connectivity. The
13 reduction of the genetic diversity detected mainly in juveniles evidences a time-lag effect, and
14 corroborates with studies that affirm that species of long life, as *C. brasiliense*, require a long
15 period of fragmentation so that the changes in heterozygosity are detected. In general, the
16 movement of the pollinators and dispersers, and consequently the gene flow, is an important
17 process in the maintenance of the evolutionary potential and genetic diversity of this species
18 since functional connectivity was the most important variable influencing the neutral and
19 adaptive genetic diversity of *C. brasiliense*. In this way, our results demonstrate that restoring or
20 conserving habitat areas in key places that allow the connectivity of the landscape are essential
21 for the conservation of this species.

22 Key-words: gene flow, connectivity, dispersal, evolutionary potential, time-lag, seedling

23

INTRODUÇÃO GERAL

1
2
3 Problemas ambientais decorrentes da ação humana sobre a natureza, como a poluição, a
4 introdução de espécies exóticas, a perda e a fragmentação de habitats, são tão comuns que
5 atualmente é muito difícil encontrar um ambiente que não tenha sido afetado pela ação antrópica
6 (Foley, 2005; Butchart et al., 2010). No Brasil, estima-se que cerca de 40% do Cerrado já tenha
7 sido transformado em áreas de pastagens e agricultura (Sano et al., 2010) e mais de 88% da Mata
8 Atlântica já tenha sido degradada (Ribeiro et al., 2009).

9 A degradação e a destruição ambiental podem causar a perda ou subdivisão de áreas
10 naturais, convertendo-as em pequenas manchas inseridas em um ambiente transformado pelo
11 homem. Este ambiente modificado que cerca as manchas de habitat remanescentes é conhecido
12 como matriz (Metzger, 2001; Ricketts, 2001). A subdivisão das áreas naturais, definida como
13 fragmentação, gera mudança na configuração das áreas de habitat das espécies (Fahrig, 2003), e
14 juntamente com a perda do habitat, provocam alterações na paisagem. Por definição, paisagem é
15 uma área espacialmente heterogênea, composta por elementos que interagem entre si (Turner,
16 1989; Metzger, 2001). Os elementos do mesmo tipo de componente (vegetação ou uso da terra,
17 por exemplo) formam as classes da paisagem (Metzger, 2001), que possuem dois aspectos: a
18 composição e a configuração (Metzger, 2006). A composição diz respeito à proporção de todas
19 as classes de uso e cobertura da terra presentes na paisagem. A configuração diz respeito a como
20 as classes se distribuem na paisagem, por exemplo, pelo tamanho, forma e isolamento dos
21 elementos que compõem a paisagem. A redução e fragmentação de áreas contínuas de vegetação,
22 geram um mosaico de classes na paisagem. O funcionamento de uma classe, incluindo todas as
23 relações ecológicas dentro dela, depende de como ela interage com as outras classes da
24 paisagem, o que gera uma dependência espacial entre elas (Metzger, 2001).

1 A ecologia da paisagem é uma área que busca compreender como a organização espacial
2 das classes da paisagem influenciam os mecanismos que determinam a distribuição e abundância
3 dos indivíduos e espécies (Turner, 1989; Metzger, 2001). Este campo pode estudar o ambiente na
4 escala na qual ele tem sido modificado pelo homem (Metzger, 2001) e entender os efeitos da
5 ação antrópica nos padrões e processos ecológicos. O arcabouço teórico da ecologia da paisagem
6 tem forte influência da teoria de Biogeografia de Ilhas (IBT, MacArthur & Wilson 1967) e da
7 teoria de Metapopulações (Levins, 1969). Ambas as teorias consideram o padrão espacial,
8 expresso pelo tamanho e isolamento de manchas (ilhas ou fragmentos de vegetação), como um
9 fator determinante de padrões e processos ecológicos, como a riqueza de espécies, colonização e
10 extinção, consistindo em um arcabouço teórico importante para estudos que relacionam fatores
11 espaciais e ecológicos (Collinge, 2009).

12 A teoria de Biogeografia de Ilhas foi desenvolvida para explicar o padrão observado em
13 ilhas oceânicas nas quais a riqueza de espécies aumenta com o tamanho da ilha. Segundo a
14 teoria, este padrão é resultado do balanço entre extinção e colonização. Desta forma, espera-se
15 que ilhas maiores e mais próximas do continente tenham mais espécies e ilhas menores e mais
16 isoladas tenham menos espécies. A teoria de Biogeografia de Ilhas forneceu uma abordagem
17 quantitativa para estudos com fragmentação, uma vez que o desmatamento e a fragmentação
18 levam à formação de paisagens com pequenas manchas de habitat, consideradas “ilhas”,
19 inseridas em uma matriz transformada pelo homem, considerado o “mar” (Collinge, 2009;
20 Bennett & Saunders, 2010). Com estrutura conceitual semelhante à da teoria de Biogeografia de
21 Ilhas, a teoria de Metapopulações descreve a dinâmica de extinções e colonizações locais em
22 populações conectadas funcionalmente pelo fluxo de indivíduos entre as manchas, prevendo a
23 persistência das populações.

1 Entretanto, as limitações da teoria de Biogeografia de Ilhas e de Metapopulações, como o
2 pressuposto de que o fragmento é uma comunidade fechada, da existência de uma fonte estável
3 de espécies ou indivíduos (continente) e a uniformidade do habitat em torno da mancha de
4 habitat, no qual a diversidade de habitat e a heterogeneidade da matriz são desconsideradas, tem
5 motivado o desenvolvimento da ecologia de paisagem, que busca novas maneiras de pensar
6 sobre as mudanças na paisagem. Na ecologia de paisagem, o isolamento de um remanescente de
7 habitat não depende somente da distância até outro remanescente similar, mas também do tipo de
8 ambiente que o cerca e como este ambiente influencia o movimento dos organismos (Bennett &
9 Saunders, 2010). As espécies percebem a paisagem e são afetadas pela matriz em escalas
10 diferentes, que depende da capacidade de deslocamento, dos requerimentos e do comportamento
11 das espécies em questão e das interações com outras espécies (e.g., Boscolo and Metzger, 2009;
12 Lyra-Jorge et al., 2010; ver Prevedello and Vieira, 2010 para uma revisão). Desta forma, o tipo
13 de matriz pode facilitar ou restringir o fluxo dos organismos na paisagem e a similaridade da
14 matriz com o habitat pode determinar o tipo e o grau de influência que matriz exerce sobre as
15 espécies (Prevedello and Vieira, 2010; Eycott et al., 2012).

16 As populações de uma espécie estão ligadas a outras populações por dispersão. A
17 dispersão é um processo chave, que promove o fluxo de indivíduos entre as populações e a
18 colonização de novas áreas, determinando a distribuição e a abundância dos organismos (Nathan
19 and Muller-Landau, 2000). Desta forma, a dispersão afeta a dinâmica e persistência das
20 populações, tendo implicações em sua manutenção e conservação. Alterações na conectividade
21 da paisagem, i.e., o grau em que a paisagem impede ou facilita o movimento das espécies na
22 paisagem, podem afetar o processo de dispersão dos indivíduos (Taylor et al., 1993), o que
23 consequentemente irá afetar a riqueza e a abundância das espécies nas comunidades (e.g., Pardini

1 et al., 2005; Umetsu and Pardini, 2007; Lyra-Jorge et al., 2010; Martensen et al., 2012; Rossetti
2 et al., 2017; Alvarado et al., 2018).

3 Além dos efeitos sobre a riqueza e a diversidade de espécies, a perda de conectividade e a
4 redução no tamanho populacional gerado pela fragmentação podem causar a redução de
5 diversidade genética das populações (e.g., Jump and Penuelas, 2006; Carvalho et al., 2015; ver
6 Aguilar et al., 2008; Vranckx et al., 2012 para meta-análises), o que torna as populações mais
7 vulneráveis aos efeitos da estocasticidade ambiental e demográfica (e.g., Sæther et al., 2005). Os
8 padrões e níveis de diversidade genética são fortemente afetados pelo fluxo gênico (Holderegger
9 & Wagner, 2008). Ao promover a entrada de alelos, o fluxo gênico se torna responsável pela
10 menor diferenciação genética das populações e por manter sua diversidade genética,
11 determinando como a seleção natural e a deriva genética irão influenciar a diferenciação entre as
12 populações (Willi et al., 2006). Se existir alguma restrição ao fluxo gênico, as populações se
13 tornam cada vez mais diferenciadas e alelos podem se fixar ou podem ser perdidos, levando a
14 uma redução na diversidade genética (Frankham et al., 2008). Para as plantas, a manutenção dos
15 padrões de fluxo gênico após a fragmentação dependerá da habilidade em dispersar seus
16 propágulos entre as manchas remanescentes de habitat através de diferentes matrizes. Para
17 espécies polinizadas ou que têm suas sementes dispersas por animais, a manutenção do fluxo
18 gênico e a contribuição relativa da dispersão de pólen e de sementes vai depender diretamente da
19 resposta dos dispersores às alterações da paisagem, que pode dificultar ou facilitar o movimento
20 destes animais (Nason & Hamrick, 1997; García et al., 2009).

21 O estudo da interação entre as características da paisagem e os processos microevolutivos
22 (deriva, fluxo gênico e seleção) é o principal objetivo de um campo recente da Biologia, a
23 genética da paisagem (*Landscape Genetics*) (Manel et al., 2003; Holderegger and Wagner,

1 2008). A partir da combinação de três áreas da ciência - a genética de populações, a ecologia da
2 paisagem e a estatística espacial - a genética da paisagem incorpora testes explícitos da
3 heterogeneidade da paisagem para entender a influência de variáveis ambientais e da estrutura da
4 paisagem no fluxo gênico e na variabilidade genética de populações (Holderegger and Wagner,
5 2008; Storfer et al., 2007; Manel et al., 2003). A partir de estudos com genética da paisagem
6 podemos descobrir variáveis ambientais e/ou da paisagem que afetam o fluxo gênico e a
7 diversidade genética entre e dentro das populações. Esse conhecimento é essencial para a
8 elaboração de planos e ações de conservação e manejo de populações e espécies, como a
9 construção e manutenção de corredores ecológicos que facilitem o fluxo gênico e o manejo da
10 distribuição espacial da variação adaptativa das espécies (Storfer et al., 2010). Atualmente, a
11 América do Norte e a Europa concentram a maior parte dos estudos em genética da paisagem,
12 sendo a maior parte dos estudos realizado com animais (Storfer et al., 2010).

13 O bioma Cerrado, localizado na região central do Brasil, tem sido fragmentado
14 intensamente nos últimos 50 anos, período no qual mais da metade da sua área já foi
15 transformada e sua vegetação natural perdida (Klink and Machado, 2005; Silva et al., 2006;
16 Strassburg et al., 2017). Possui uma vegetação altamente heterogênea, composta por áreas de
17 savana, formando um mosaico com vários tipos de florestas como as florestas de galeria e as
18 florestas estacionais (Silva et al., 2006). Sua composição florística é altamente diversa, com
19 cerca de 44% da flora endêmica (Klink and Machado, 2005). Atualmente apenas 7.5 % da sua
20 área é legalmente protegida com áreas públicas de proteção e apenas 20% das áreas privadas
21 devem ser preservadas conforme o Código Florestal Brasileiro, o que torna a proteção ambiental
22 do Cerrado fraca (Strassburg et al., 2017). As áreas protegidas acabam por ser pequenas, isoladas

1 e mal distribuídas, o que as torna muitas vezes ineficazes em proteger o bioma (Scariot et al.,
2 2005).

3 Entre as principais espécies encontradas no Cerrado temos o *Caryocar brasiliense*
4 Cambess. (1828) (Caryocaraceae). Importante fonte de renda para a população (Vieira et al.,
5 2006), *C. brasiliense* é uma espécie endêmica com ampla distribuição nas savanas do Cerrado.
6 Possui flores hermafroditas e autocompatíveis, mas a maior parte da fecundação é cruzada
7 (Collevatti et al., 2010a). A polinização é feita principalmente por morcegos (*Glossophaga*
8 *soricina* e *Anoura geoffroyi*; Gribel and Hay, 1993). Seus frutos grandes e indeiscentes, com
9 polpa rica em óleo, e suas sementes grandes e protegidas por um endocarpo extremamente duro,
10 refletem algumas das adaptações que o classificam como uma espécie adaptada à dispersão pela
11 megafauna, atualmente extinta (Guimarães et al., 2008). Seus frutos, quando amadurecidos,
12 geralmente caem no solo e apodrecem sob a planta-mãe devido à inexistência de seus dispersores
13 efetivos (Collevatti et al., 2002). Com a ausência dos dispersores, a dispersão de suas sementes é
14 realizada por sistemas alternativos envolvendo outros possíveis agentes de dispersão como a ema
15 (*Rhea americana*), a gralha (*Cyanocorax* spp.), o veado (*Mazama americana* e *Mazama*
16 *guazoupira*), a cotia (*Dasyprocta* spp.) e a anta (*Tapirus terrestres*) (Collevatti et al., 2010b;
17 Zardo and Henriques, 2011). A germinação das sementes do pequi é lenta, com a emergência das
18 plântulas variando entre 30 dias até mais de um ano após a semeadura e a taxa de germinação
19 baixa, entre 5% a 60% (Vieira et al., 2006). A endogamia e a diversidade genética parecem ser
20 fatores cruciais para sobrevivência nos primeiros estágios de vida desta espécie. Grande parte das
21 sementes provenientes de autofecundação é abortada (Collevatti et al., 2009). Nas fases de
22 plântula e juvenil, a probabilidade de morte é maior em indivíduos com menor proporção de
23 locos heterozigotos (Collevatti & Hay, 2011).

1 O corte da madeira do pequi é proibido por lei no Brasil (Portaria nº113/1995; Portaria
2 nº32/2019), o que, no entanto, não impede que o pequizeiro sofra as consequências do
3 desmatamento. A fiscalização ineficiente não impede a redução no número de indivíduos da
4 espécie, e mesmo quando não é cortada, a regeneração de plântulas e juvenis em áreas de
5 pastagem raramente ocorre devido ao pisoteio e consumo dos ramos e folhas novas pelo gado
6 (Ferreira et al., 2015). Além disso, a grande demanda pelos frutos de pequi gera um intenso
7 extrativismo, que pode prejudicar a regeneração natural da espécie e causar perda de material
8 genético. Devido ao alto nível de fragmentação e suas consequências sobre as espécies do
9 Cerrado, o principal foco desta tese foi avaliar o efeito da estrutura da paisagem na diversidade
10 genética de *Caryocar brasiliense*. No Capítulo 1 nós avaliamos o efeito da estrutura da paisagem
11 na variabilidade genética quantitativa de *C. brasiliense*. Para isto, nós coletamos dados de
12 caracteres quantitativos de progênes, oriundas de 10 fragmentos de savana, e avaliamos a
13 quantidade de habitat e a conectividade funcional das paisagens em diferentes escalas.
14 Adicionalmente, avaliamos se a heterogeneidade da paisagem e o tamanho efetivo populacional
15 afetam a média e variância destes caracteres. Avaliamos também os efeitos das variáveis da
16 paisagem na diferenciação genética quantitativa entre fragmentos em diferentes paisagens,
17 utilizando os índices de diferenciação genético-quantitativo P_{ST} e Q_{ST} . Nós encontramos efeitos
18 da estrutura da paisagem na média dos caracteres quantitativos das sementes e no comprimento
19 da raiz, e, principalmente, na variação dos caracteres. Encontramos efeito da porcentagem de
20 habitat nas taxas de crescimento em altura e diâmetro em escalas de 2, 4 e 6 km e escalas de 4 e
21 6 km, respectivamente. No Capítulo 2 nós avaliamos o efeito da estrutura da paisagem na
22 diversidade genética neutra de *C. brasiliense*, acessada pelo polimorfismo em marcadores
23 microsatélites. Para isto, avaliamos os possíveis efeitos da perda de habitat e fragmentação nos

1 estágios de vida adulto e juvenil. Nós estimamos a diversidade genética e endogamia e a
2 diferenciação genética entre populações. A quantidade de habitat influenciou a diversidade
3 genética de juvenis de *C. brasiliense*. A diferenciação genética dos adultos na escala de 2km,
4 assim como sua riqueza alélica, foi influenciada pela heterogeneidade da paisagem. A diferença
5 entre a diversidade genética dos adultos e dos juvenis, que representa a perda da diversidade
6 genética entre os dois estágios e no qual a diversidade genética dos juvenis é menor que nos
7 adultos, foi afetada pela conectividade funcional, evidenciando um efeito de *time-lag* na
8 diminuição de diversidade genética de *C. brasiliense* devido a perda e fragmentação de áreas de
9 savana. Não houve efeito da paisagem na diferenciação genética dos juvenis.

10

11 **REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- 12 Aguilar, R., Quesada, M., Ashworth, L., Herrerias-Diego, Y., Lobo, J., 2008. Genetic
13 consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant
14 traits and methodological approaches. *Mol. Ecol.* 17, 5177–5188.
15 <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03971.x>
- 16 Alvarado, F., Escobar, F., Williams, D.R., Arroyo-Rodríguez, V., Escobar-Hernández, F., 2018.
17 The role of livestock intensification and landscape structure in maintaining tropical
18 biodiversity. *J. Appl. Ecol.* 55, 185–194. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12957>
- 19 Bennett, A.F., Saunders, D.A., 2010. Habitat fragmentation and landscape change, in: Sodhi,
20 N.S., Ehrlich, P.R. (Eds.), *Conservation Biology for All*. Oxford University Press, pp.
21 88–106. <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780199554232.003.0006>
- 22 Boscolo, D., Metzger, J.P., 2009. Is bird incidence in Atlantic forest fragments influenced by
23 landscape patterns at multiple scales? *Landsc. Ecol.* 24, 907–918.
24 <https://doi.org/10.1007/s10980-009-9370-8>

1 Butchart, S.H.M., Walpole, M., Collen, B., van Strien, A., Scharlemann, J.P.W., Almond,
2 R.E.A., Baillie, J.E.M., Bomhard, B., Brown, C., Bruno, J., Carpenter, K.E., Carr, G.M.,
3 Chanson, J., Chenery, A.M., Csirke, J., Davidson, N.C., Dentener, F., Foster, M., Galli,
4 A., Galloway, J.N., Genovesi, P., Gregory, R.D., Hockings, M., Kapos, V., Lamarque, J.-
5 F., Leverington, F., Loh, J., McGeoch, M.A., McRae, L., Minasyan, A., Morcillo, M.H.,
6 Oldfield, T.E.E., Pauly, D., Quader, S., Revenga, C., Sauer, J.R., Skolnik, B., Spear, D.,
7 Stanwell-Smith, D., Stuart, S.N., Symes, A., Tierney, M., Tyrrell, T.D., Vie, J.-C.,
8 Watson, R., 2010. Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science* 328,
9 1164–1168. <https://doi.org/10.1126/science.1187512>

10 Carvalho, C., Ribeiro, M.C., Côrtes, M.C., Galetti, M., Collevatti, R.G., 2015. Contemporary and
11 historic factors influence differently genetic differentiation and diversity in a tropical
12 palm. *Heredity* 115, 216–224. <https://doi.org/10.1038/hdy.2015.30>

13 Collevatti, R.G., Hay, J.D., 2011. Kin structure and genotype-dependent mortality: a study using
14 the Neotropical tree *Caryocar brasiliense*: Kin structure and genotype-dependent
15 mortality. *J. Ecol.* 99, 757–763. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2745.2011.01796.x>

16 Collevatti, R. G., Estolano, R., Garcia, S.F., Hay, J.D., 2010a. Short-distance pollen dispersal
17 and high self-pollination in a bat-pollinated neotropical tree. *Tree Genet. Genomes* 6,
18 555–564. <https://doi.org/10.1007/s11295-010-0271-4>

19 Collevatti, R. G., Lima, J.S., Soares, T.N., Telles, M.P. de C., 2010b. Spatial Genetic Structure
20 and Life History Traits in Cerrado Tree Species: Inferences for Conservation. *Nat.*
21 *Conserv.* 08, 54–59. <https://doi.org/10.4322/natcon.00801008>

- 1 Collevatti, R.G., Estolano, R., Garcia, S.F., Hay, J.D., 2009. Seed abortion in the bat pollinated
2 Neotropical tree species, *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae). *Botany* 87, 1110–1115.
3 <https://doi.org/10.1139/B09-054>
- 4 Collevatti, R.G., Grattapaglia, D., Hay, J.D., 2002. Evidences for multiple maternal lineages of
5 *Caryocar brasiliense* populations in the Brazilian Cerrado based on the analysis of
6 chloroplast DNA sequences and microsatellite haplotype variation:
7 PHYLOGEOGRAPHY OFC. BRASILIENSE. *Mol. Ecol.* 12, 105–115.
8 <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01701.x>
- 9 Collinge, S.K., 2009. *Ecology of fragmented landscapes*. Johns Hopkins University Press,
10 Baltimore.
- 11 Eycott, A.E., Stewart, G.B., Buyung-Ali, L.M., Bowler, D.E., Watts, K., Pullin, A.S., 2012. A
12 meta-analysis on the impact of different matrix structures on species movement rates.
13 *Landsc. Ecol.* 27, 1263–1278. <https://doi.org/10.1007/s10980-012-9781-9>
- 14 Fahrig, L., 2003. Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*
15 34, 487–515. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132419>
- 16 Foley, J.A., 2005. Global Consequences of Land Use. *Science* 309, 570–574.
17 <https://doi.org/10.1126/science.1111772>
- 18 Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A., 2008. *Fundamentos de Genética da Conservação*, 1st
19 ed. SBG (Sociedade Brasileira de Genética), Ribeirão Preto, SP.
- 20 García, C., Jordano, P., Godoy, J.A., 2007. Contemporary pollen and seed dispersal in a *Prunus*
21 mahaleb population: patterns in distance and direction: POLLEN AND SEED
22 DISPERSAL PATTERNS IN PRUNUS MAHALEB. *Mol. Ecol.* 16, 1947–1955.
23 <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03126.x>

1 Gribel, R., Hay, J.D., 1993. Pollination ecology of *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae) in
2 Central Brazil cerrado vegetation. *J. Trop. Ecol.* 9, 199–211.
3 <https://doi.org/10.1017/S0266467400007173>

4 Guimarães, P.R., Galetti, M., Jordano, P., 2008. Seed Dispersal Anachronisms: Rethinking the
5 Fruits Extinct Megafauna Ate. *PLoS ONE* 3, e1745.
6 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001745>

7 Holderegger, R., Wagner, H.H., 2008. Landscape genetics. *BioScience* 58, 199–207.
8 <https://doi.org/10.1641/B580306>

9 Ibáñez, I., Katz, D.S.W., Peltier, D., Wolf, S.M., Connor Barrie, B.T., 2014. Assessing the
10 integrated effects of landscape fragmentation on plants and plant communities: the
11 challenge of multiprocess-multiresponse dynamics. *J. Ecol.* 102, 882–895.
12 <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12223>

13 Jump, A.S., Penuelas, J., 2006. Genetic effects of chronic habitat fragmentation in a wind-
14 pollinated tree. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 103, 8096–8100.
15 <https://doi.org/10.1073/pnas.0510127103>

16 Klink, C.A., Machado, R.B., 2005. Conservation of the Brazilian Cerrado. *Conserv. Biol.* 19,
17 707–713. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2005.00702.x>

18 Levins, R., 1969. Some Demographic and Genetic Consequences of Environmental
19 Heterogeneity for Biological Control. *Bull. Entomol. Soc. Am.* 15, 237–240.
20 <https://doi.org/10.1093/besa/15.3.237>

21 Lyra-Jorge, M.C., Ribeiro, M.C., Ciocheti, G., Tambosi, L.R., Pivello, V.R., 2010. Influence of
22 multi-scale landscape structure on the occurrence of carnivorous mammals in a human-

1 modified savanna, Brazil. *Eur. J. Wildl. Res.* 56, 359–368.
2 <https://doi.org/10.1007/s10344-009-0324-x>

3 Manel, S., Schwartz, M.K., Luikart, G., Taberlet, P., 2003. Landscape genetics: combining
4 landscape ecology and population genetics. *Trends Ecol. Evol.* 18, 189–197.
5 [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00008-9](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00008-9)

6 Martensen, A.C., Ribeiro, M.C., Banks-Leite, C., Prado, P.I., Metzger, J.P., 2012. Associations
7 of Forest Cover, Fragment Area, and Connectivity with Neotropical Understory Bird
8 Species Richness and Abundance: *Modulators of Avifaunal Composition*. *Conserv. Biol.*
9 26, 1100–1111. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2012.01940.x>

10 Metzger, J.P., 2006. Estrutura da paisagem: o uso adequado de métricas, in: *Métodos de estudos*
11 *em biologia da Conservação e manejo da vida silvestre*. Universidade Federal do Paraná,
12 Curitiba, p. 652.

13 Metzger, J.P., 2001. O que é ecologia de paisagens? *Biota Neotropica* 1, 1–9.
14 <https://doi.org/10.1590/S1676-06032001000100006>

15 Nason, J.D., Hamrick, J.L., 1997. Reproductive and Genetic Consequences of Forest
16 Fragmentation: Two Case Studies of Neotropical Canopy Trees. *J. Hered.* 88, 264–276.
17 <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a023104>

18 Nathan, R., Muller-Landau, H.C., 2000. Spatial patterns of seed dispersal, their determinants and
19 consequences for recruitment. *Trends Ecol. Evol.* 15, 278–285.
20 [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(00\)01874-7](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(00)01874-7)

21 Pardini, R., de Souza, S.M., Braga-Neto, R., Metzger, J.P., 2005. The role of forest structure,
22 fragment size and corridors in maintaining small mammal abundance and diversity in an

1 Atlantic forest landscape. *Biol. Conserv.* 124, 253–266.
2 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.01.033>

3 Prevedello, J.A., Vieira, M.V., 2010. Does the type of matrix matter? A quantitative review of
4 the evidence. *Biodivers. Conserv.* 19, 1205–1223. [https://doi.org/10.1007/s10531-009-](https://doi.org/10.1007/s10531-009-9750-z)
5 [9750-z](https://doi.org/10.1007/s10531-009-9750-z)

6 Ribeiro, M.C., Metzger, J.P., Martensen, A.C., Ponzoni, F.J., Hirota, M.M., 2009. The Brazilian
7 Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed?
8 Implications for conservation. *Biol. Conserv.* 142, 1141–1153.
9 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.02.021>

10 Ricketts, T.H., 2001. The Matrix Matters: Effective Isolation in Fragmented Landscapes. *Am.*
11 *Nat.* 158, 87–99.

12 Rossetti, M.R., Tschardt, T., Aguilar, R., Batáry, P., 2017. Responses of insect herbivores and
13 herbivory to habitat fragmentation: a hierarchical meta-analysis. *Ecol. Lett.* 20, 264–272.
14 <https://doi.org/10.1111/ele.12723>

15 Sæther, B.-E., Engen, S., Møller, A.P., Visser, M.E., Matthysen, E., Fiedler, W., Lambrechts,
16 M.M., Becker, P.H., Brommer, J.E., Dickinson, J., du Feu, C., Gehlbach, F.R., Merilä, J.,
17 Rendell, W., Robertson, R.J., Thomson, D., Török, J., 2005. TIME TO EXTINCTION
18 OF BIRD POPULATIONS. *Ecology* 86, 693–700. <https://doi.org/10.1890/04-0878>

19 Sano, E.E., Rosa, R., Brito, J.L.S., Ferreira, L.G., 2010. Land cover mapping of the tropical
20 savanna region in Brazil. *Environ. Monit. Assess.* 166, 113–124.
21 <https://doi.org/10.1007/s10661-009-0988-4>

22 Scariot, A., Sousa-Silva, J.C., Felfili, J.M., 2005. Cerrado: Ecologia, biodiversidade e
23 Conservação, 1º. ed. Ministério do Meio Ambiente, Brasília.

- 1 Silva, J.F., Farinas, M.R., Felfili, J.M., Klink, C.A., 2006. Spatial heterogeneity, land use and
2 conservation in the cerrado region of Brazil. *J. Biogeogr.* 33, 536–548.
3 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2005.01422.x>
- 4 Storfer, A., Murphy, M.A., Evans, J.S., Goldberg, C.S., Robinson, S., Spear, S.F., Dezzani, R.,
5 Delmelle, E., Vierling, L., Waits, L.P., 2007. Putting the ‘landscape’ in landscape
6 genetics. *Heredity* 98, 128–142. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800917>
- 7 Storfer, A., Murphy, M.A., Spear, S.F., Holderegger, R., Waits, L.P., 2010. Landscape genetics:
8 where are we now? *Mol. Ecol.* 19, 3496–3514. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04691.x>
- 10 Strassburg, B.B.N., Brooks, T., Feltran-Barbieri, R., Iribarrem, A., Crouzeilles, R., Loyola, R.,
11 Latawiec, A.E., Oliveira Filho, F.J.B., Scaramuzza, C.A. de M., Scarano, F.R., Soares-
12 Filho, B., Balmford, A., 2017. Moment of truth for the Cerrado hotspot. *Nat. Ecol. Evol.*
13 1, 0099. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0099>
- 14 Taylor, P.D., Fahrig, L., Henein, K., Merriam, G., 1993. Connectivity Is a Vital Element of
15 Landscape Structure. *Oikos* 68, 571. <https://doi.org/10.2307/3544927>
- 16 Turner, M.G., 1989. Landscape Ecology: The Effect of Pattern on Process. *Annu. Rev. Ecol.*
17 *Syst.* 2, 171–197.
- 18 Umetsu, F., Pardini, R., 2007. Small mammals in a mosaic of forest remnants and anthropogenic
19 habitats—evaluating matrix quality in an Atlantic forest landscape. *Landsc. Ecol.* 22,
20 517–530. <https://doi.org/10.1007/s10980-006-9041-y>
- 21 Vieira, R.F., Costa, T. da S.A., Silva, D.B., Ferreira, F.R., Sano, S.M., 2006. Frutas Nativas da
22 Região Centro-Oeste do Brasil, 1ª Edição. ed. Embrapa Recursos Genéticos e
23 Biotecnologia, Brasília.

1 Vranckx, G., Jacquemyn, H., Muys, B., Honnay, O., 2012. Meta-Analysis of Susceptibility of
2 Woody Plants to Loss of Genetic Diversity through Habitat Fragmentation: *Genetic Loss*
3 *in Woody Plants*. *Conserv. Biol.* 26, 228–237. [https://doi.org/10.1111/j.1523-](https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2011.01778.x)
4 [1739.2011.01778.x](https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2011.01778.x)

5 Willi, Y., Van Buskirk, J., Hoffmann, A.A., 2006. Limits to the Adaptive Potential of Small
6 Populations. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 37, 433–458.
7 <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.37.091305.110145>

8 Young, A., Boyle, T., Brown, T., 1996. The population genetic consequences of habitat
9 fragmentation for plants. *Trends Ecol. Evol.* 11, 413–418. [https://doi.org/10.1016/0169-](https://doi.org/10.1016/0169-5347(96)10045-8)
10 [5347\(96\)10045-8](https://doi.org/10.1016/0169-5347(96)10045-8)

11 Zardo, R.N., Henriques, R.P.B., 2011. Growth and fruit production of the tree *Caryocar*
12 *brasiliense* in the Cerrado of central Brazil. *Agrofor. Syst.* 82, 15–23.
13 <https://doi.org/10.1007/s10457-011-9380-9>

14
15
16
17
18
19
20
21

CAPÍTULO 1

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17

**EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA VARIABILIDADE GENÉTICA
QUANTITATIVA DE *Caryocar brasiliensis* Camb. (CARYOCARACEAE)**

1 **CAPÍTULO 1: EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA VARIABILIDADE**
2 **QUANTITATIVA DE *Caryocar brasiliensis* Camb. (CARYOCARACEAE)**

3 **Aluna:** Tatiana Souza do Amaral¹

4 **Orientadora:** Rosane Garcia Collevatti¹

5 **Co-orientador:** Milton Cezar Ribeiro²

6 **Colaboradores:** Juliana Silveira dos Santos²

7 Marcelo Bruno Pessôa³

8 Lázaro José Chaves⁴

9 Felipe Martello²

10 Fernanda Fraga Rosa¹

11 ¹Laboratório de Genética e Biodiversidade, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás

12 ²Laboratório de Ecologia Espacial e Conservação, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo

13 ³Laboratório de Ecologia Teórica, Metacomunidades e Paisagem, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás

14 ⁴Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás

15
16 **1. RESUMO**

17 A redução do fluxo gênico devido à perda e a fragmentação do habitat pode acarretar na
18 diminuição da variação genética necessária para a evolução adaptativa, tornando as populações
19 mais vulneráveis aos efeitos da estocasticidade ambiental e demográfica, e conseqüentemente à
20 extinção. Para avaliar a influência da estrutura da paisagem na variabilidade genética quantitativa
21 de *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae) nós analisamos seu potencial evolutivo e
22 investigamos como a quantidade de habitat, a conectividade funcional, a heterogeneidade da
23 paisagem e o tamanho efetivo populacional afetam a variância e a diferenciação genética (P_{ST} e
24 Q_{ST}) de caracteres que influenciam a sobrevivência das plântulas em 10 sítios amostrais inseridos
25 em cinco paisagens no estado de Goiás. Esperamos que paisagens mais alteradas, ou seja, com

1 menor quantidade de habitat, menos conectadas funcionalmente, com maior heterogeneidade e
2 maior tamanho efetivo populacional, apresentem menor variabilidade genética quantitativa e
3 maior diferenciação genética quantitativa (*PST* e *QST*). A variabilidade genética quantitativa foi
4 melhor explicada pela conectividade funcional, enquanto a quantidade de habitat foi a principal
5 variável que explicou a diferenciação genética dentro das paisagens. A variância dos caracteres
6 de diâmetro (diâmetro inicial, diâmetro final e taxa de crescimento do diâmetro), dos caracteres
7 foliares (comprimento e largura foliar) e da massa da semente foram melhor explicadas pela
8 conectividade. A quantidade de habitat explicou a diferenciação genética quantitativa encontrada
9 dentro das paisagens para taxa de crescimento do diâmetro e da altura. A herdabilidade de *C.*
10 *brasiliense* foi baixa para a maioria dos caracteres estudados, mostrando que existe um forte
11 componente ambiental para os caracteres nos dez sítios amostrados. Entretanto, *C. brasiliense*
12 ainda conserva uma alta variabilidade genética, demonstrada pelos altos valores de coeficiente de
13 variação genética observados, o que indica que, apesar da baixa herdabilidade, esta espécie ainda
14 possui potencial para evolução.

15 **Palavras-chave:** fluxo gênico, potencial evolutivo, dispersão, aptidão

16

17 2. ABSTRACT

18 Habitat loss and fragmentation can lead to lower gene flow among populations, leading to
19 decrease genetic variation required for adaptive evolution. This makes populations more
20 vulnerable to the effects of environmental and demographic stochasticity, and consequently to
21 extinction. To evaluate the influence of landscape structure on quantitative genetic diversity of
22 *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae), we analyzed its evolutionary potential and tested
23 how effective population size and landscape structure, such as amount of habitat, functional

1 connectivity and landscape heterogeneity affect quantitative genetic variability and
2 differentiation of characters that influence the survival of seedlings in 10 sites located in five
3 landscapes at Goiás state. Our hypothesis is that more altered landscapes, which is, with lower
4 habitat amount, connectivity, heterogeneity and effective population size, will present lower
5 quantitative genetic variability and higher quantitative genetic differentiation. The quantitative
6 genetic variability was best explained by functional connectivity, while the habitat amount was
7 the main variable that explained the genetic differentiation. The variance of diameter characters
8 (initial diameter, final diameter and diameter growth rate), leaf characters (length and leaf width)
9 and seed mass was best explained by functional connectivity. The habitat amount explained the
10 quantitative genetic differentiation found within landscapes for growth rate of diameter and
11 height. The heritability of *C. brasiliense* was low for most of the characters studied, showing that
12 there is a strong environmental component for the characters in the ten sites sampled. However,
13 *C. brasiliense* still conserves a high genetic variability, demonstrated by the high values of
14 coefficient of genetic variation observed, which indicates that, despite the low heritability, this
15 species still has potential for evolution.

16 **Key words:** gene flow, evolutionary potential, dispersal, fitness

17

18 3. INTRODUÇÃO

19 Atualmente fatores relacionados à ação antrópica tem alterado drasticamente o ambiente,
20 sendo a perda de habitat e a fragmentação consideradas duas grandes ameaças à biodiversidade
21 (Fahrig, 2003; Foley, 2005; Butchart et al., 2010). Estudos demonstram os efeitos negativos da
22 alteração da paisagem em processos ecológicos que garantem a manutenção e persistência das
23 populações, como por exemplo, a polinização (e.g., Ghazoul and McLeish, 2001; Valdivia et al.,

1 2006; Taki et al., 2007; ver Aguilar et al., 2006 para uma meta-análise), a dispersão de sementes
2 (e.g., Galetti et al., 2006; Cramer et al., 2007; Rodríguez-Cabal et al., 2007; Uriarte et al., 2011;
3 ver Markl et al., 2012 e Fontúrbel et al., 2015a para meta-análises) e o recrutamento de plantas
4 (e.g., Melo et al., 2010; Uriarte et al., 2010). Para garantir sua persistência no local, as
5 populações precisam ser capazes de se adaptar a estas alterações, e para isso a diversidade
6 genética tem um papel fundamental. Quanto maior a variação genética de uma população, maior
7 a capacidade desta população em se adaptar às mudanças no ambiente e colonizar novos locais
8 (Boulding & Hay, 2001; e.g., Crawford & Whitney, 2010).

9 Grande parte da habilidade das populações em evoluir adaptativamente depende da
10 variação genética em caracteres relacionados à aptidão dos indivíduos, ou seja, que afetam sua
11 sobrevivência e reprodução. Os caracteres que conferem valor adaptativo aos indivíduos estão
12 sujeitos à ação do fluxo gênico, da deriva e da seleção natural, dependendo do tamanho efetivo
13 da população e da força da seleção. Como os caracteres quantitativos podem estar sujeitos à
14 seleção, enquanto regiões neutras do genoma supostamente não, a variação dos marcadores
15 neutros nem sempre co-variam com os quantitativos (ver Reed and Frankham, 2001 e Leinonen
16 et al., 2008 para meta-análises). Desta forma, alterações observadas na diversidade genética
17 neutra nem sempre implicam em alterações na variação genética quantitativa, e a utilização
18 apenas de marcadores neutros pode não captar reduções e divergências na aptidão das
19 populações (e.g., Bekessy et al., 2003). Portanto, as alterações no potencial evolutivo das
20 populações podem ser detectadas de maneira mais precisa pela variação genética quantitativa,
21 característica que torna essa ferramenta essencial na conservação das espécies (Carvajal-
22 Rodríguez et al., 2005).

1 Duas grandes consequências da perda e fragmentação dos habitats são a redução do
2 tamanho populacional e o isolamento entre as populações (Young et al., 1996; Fahrig, 2003a).
3 Populações pequenas e isoladas tendem a perder diversidade genética e se tornar mais
4 endogâmicas (Young et al., 1996). Elas podem perder alelos e ter alelos fixados aleatoriamente
5 por deriva genética. Os alelos perdidos pela deriva genética podem não ser resgatados pelo fluxo
6 gênico, uma vez que o movimento dos indivíduos é reduzido devido à perda da conectividade da
7 paisagem. Desta forma, a perda ou redução do fluxo gênico acarreta na diminuição da variação
8 genética necessária para evolução adaptativa destas populações. Isto torna as populações mais
9 vulneráveis aos efeitos da estocasticidade ambiental e demográfica, e conseqüentemente à
10 extinção (e.g., Sæther et al., 2005). O isolamento e a redução no tamanho populacional também
11 aumentam a probabilidade de cruzamento entre indivíduos aparentados, aumentando a
12 endogamia. Altos níveis de endogamia podem levar a diminuição ou perda da aptidão nos
13 indivíduos da população, causando depressão endogâmica. A depressão endogâmica é a perda da
14 aptidão da progênie devido à endogamia (Roff, 1997). É um processo que reduz a sobrevivência
15 e a reprodução da prole, afetando uma ampla variedade de caracteres como a produção de frutos
16 e sementes, a germinação e a sobrevivência (Roff, 1997; Keller and Waller, 2002).

17 O bioma Cerrado, localizado na região central do Brasil, compreende uma vegetação
18 altamente heterogênea, composta por áreas de savana, formando um mosaico com vários tipos de
19 florestas como as florestas de galeria e as florestas estacionais (Silva et al., 2006). Sua
20 composição florística é altamente diversa, com cerca de 44% da flora endêmica (Klink and
21 Machado, 2005). Apesar da alta diversidade, 7.5 % da sua área é legalmente protegida com áreas
22 públicas de proteção e apenas 20% das áreas privadas devem ser preservadas conforme o Código
23 Florestal Brasileiro (Strassburg et al., 2017). Cerca de 40% de sua vegetação natural já foi

1 perdida, grande parte convertida em áreas para agricultura e pastagem, sobretudo nos últimos 50
2 anos (Sano et al., 2010; Strassburg et al., 2017).

3 Devido ao alto nível de fragmentação e suas consequências sobre as espécies do Cerrado,
4 buscamos, neste trabalho, avaliar os efeitos da estrutura da paisagem na variabilidade genética
5 quantitativa e aptidão de indivíduos de *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae),
6 popularmente conhecida como pequi, cujo fruto é o pequi. Importante fonte de renda para a
7 população (Vieira et al., 2006), *C. brasiliense* é uma espécie endêmica com ampla distribuição
8 nas savanas do Cerrado. Possui flores hermafroditas e autocompatíveis, mas a maior parte da
9 fecundação é cruzada (Collevatti et al., 2010a). A polinização é feita principalmente por
10 morcegos (*Glossophaga soricina* e *Anoura geoffroyi*; Gribel and Hay, 1993). A dispersão de
11 suas sementes é realizada por agentes de dispersão como a ema (*Rhea americana*), a gralha
12 (*Cyanocorax* spp.), o veado (*Mazama americana* e *Mazama guazoupira*), a cotia (*Dasyprocta*
13 spp.) e a anta (*Tapirus terrestres*) (Collevatti et al., 2010b; Zardo and Henriques, 2011).

14 Para avaliar a influência das alterações da paisagem na variabilidade genética quantitativa
15 de *C. brasiliense* (1) avaliamos o potencial de seleção de caracteres que influenciam na
16 sobrevivência das plântulas, que representam um dos períodos mais vulneráveis do ciclo de vida
17 das plantas (Kitajima and Fenner, 2000), em dez sítios amostrais distribuídos em cinco paisagens
18 e (2) investigamos se a estrutura da paisagem e o tamanho efetivo populacional afetam a
19 variabilidade genética quantitativa dos caracteres avaliados nos sítios amostrados e a
20 diferenciação genética quantitativa, estimada a partir do P_{ST} e Q_{ST} dentro das paisagens. Nossa
21 hipótese é que paisagens mais alteradas, ou seja, com menor quantidade de habitat, menos
22 conectada e com menor heterogeneidade, apresentem menor variabilidade e maior variabilidade
23 genética quantitativa (Figura 1.1).

1

Abordagem	Variáveis respostas	Variáveis preditivas	Predição
Nível de nó	Diversidade genética quantitativa (Variância dos caracteres)	Quantidade de habitat	
	Diversidade genética quantitativa (Variância dos caracteres)	Conectividade funcional	
	Diversidade genética quantitativa (Variância dos caracteres)	Heterogeneidade	
	Diversidade genética quantitativa (Variância dos caracteres)	Tamanho efetivo populacional	
Nível de link	Diferenciação genética (P_{ST}, Q_{ST})	Quantidade de habitat	
	Diferenciação genética (P_{ST}, Q_{ST})	Heterogeneidade	

2

3 **Figura 1.1.** Predições das relações esperadas entre as variáveis respostas e preditivas nos níveis de nó e
4 *link* para *Caryocar brasiliense*. As linhas pretas contínuas representam a variância dos caracteres
5 quantitativos (para a lista dos caracteres medidos ver Tabela 2) e os parâmetros de diferenciação genética
6 (P_{ST} e Q_{ST}).

7

8 4. MATERIAL E MÉTODOS

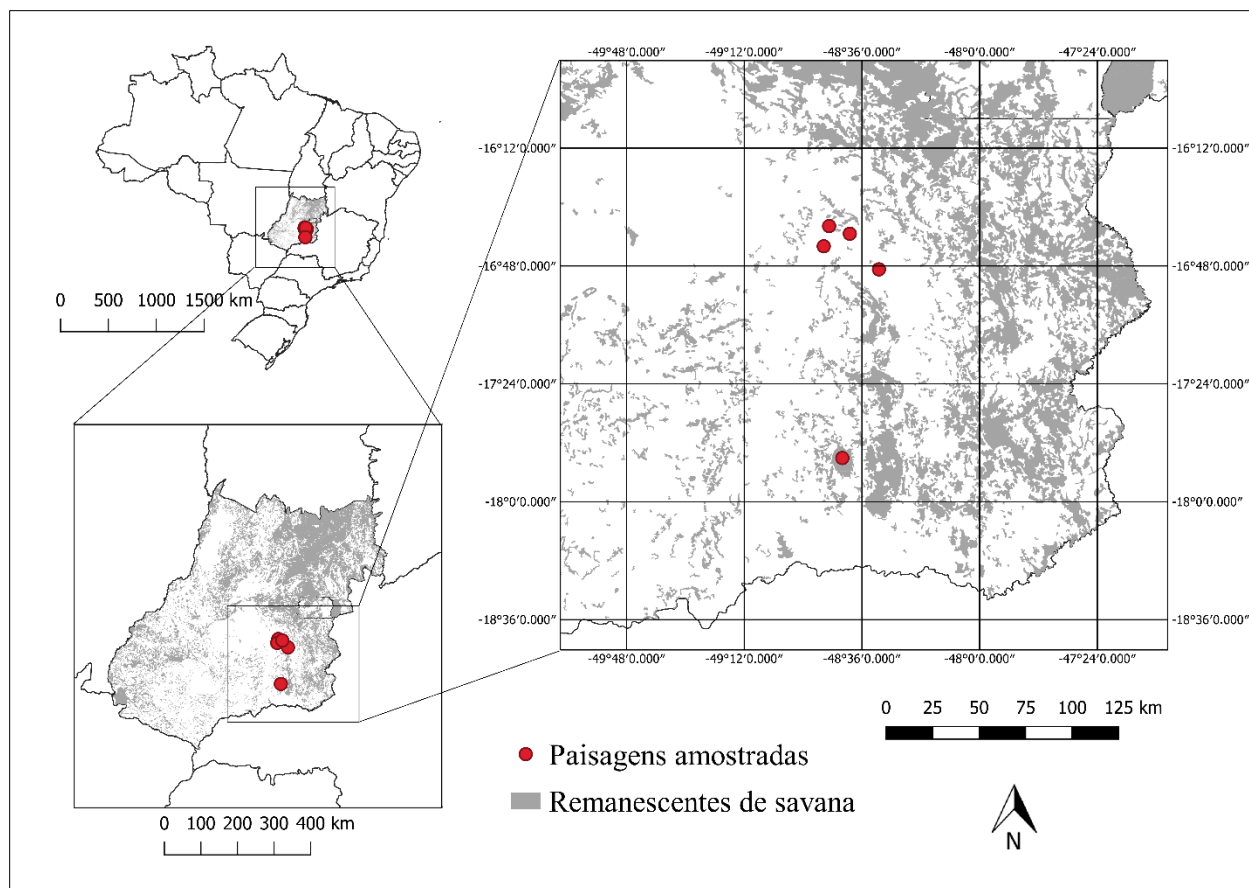
9 4.1 Desenho amostral e seleção das paisagens

10 Para o presente estudo, selecionamos cinco paisagens localizadas próximas ao município
11 de Goiânia, no Estado de Goiás (Figura 1.2), de acordo com o nível de porcentagem de cobertura
12 de savana, variando entre 15% a 100% (Tabela 1.1). Entre as paisagens selecionadas, duas

1 englobam unidades de conservação (Floresta Nacional de Silvânia e Parque Estadual da Serra de
2 Caldas Novas) e três estão localizados em áreas privadas circundadas por áreas agrícolas. Nas
3 áreas privadas foram selecionados dois sítios amostrais dentro de cada paisagem, sendo um em
4 cada fragmento de savana. Nas unidades de conservação os sítios amostrais foram selecionados
5 dentro do mesmo fragmento, sendo dois sítios amostrais na Floresta Nacional de Silvânia
6 (FLONA) e dois sítios amostrais no Parque Estadual da Serra de Caldas Novas (PECN). No total
7 foram considerados 10 sítios amostrais (Figura 1.3).

8 Para as análises multi-escala da estrutura da paisagem foram gerados *buffers* de 500
9 metros de raio ao redor de cada fragmento de savana amostrado (linha tracejada na Figura 1.3).
10 Nas unidades de conservação (Figuras 1.3C e 1.3E) os *buffers* foram realizados ao redor do
11 único fragmento amostrado. Para definir as paisagens correspondentes às escalas de 2, 4 e 6 km
12 identificamos a localização do ponto médio entre os dois sítios amostrados em cada paisagem e
13 geramos um conjunto de *buffers* com esses diferentes tamanhos de raio ao redor de cada ponto.

14 Para identificar o uso e a cobertura da terra correspondente a cada paisagem foi realizado
15 um mapeamento na escala de 1:5000, a partir de imagens do Google Earth
16 (<http://Earth.google.com>) disponíveis no basemap do software Arcgis. O método de classificação
17 utilizado foi uma interpretação visual, com auxílio de mapas obtidos no site do Laboratório de
18 Processamento de Imagens e Geoprocessamento da Universidade Federal de Goiás
19 (<https://www.lapig.iesa.ufg.br/lapig/>), com checagem e validação no campo. Os *buffers* foram
20 classificados usando o software ArcGis versão 10.3 (www.esri.com), sendo que cada paisagem
21 foi classificada com 11 diferentes classes de uso e cobertura da terra que corresponderam a:
22 corpos d'água, savana, floresta ripária, floresta estacional, campo úmido, pastagem, agricultura,
23 construção rural, área urbana, estradas, linha férrea e plantação de eucalipto (Figura 1.3).



1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15

Figura 1.2. Área de estudo, localizada no Estado de Goiás, Brasil. As áreas em cinza correspondem aos remanescentes de savana. Os pontos vermelhos representam as paisagens amostradas.

4.2 Dados quantitativos

Para a análise quantitativa, avaliamos 20 caracteres, incluindo caracteres relacionados a sementes e plântulas (Tabela 1.2). Em cada sítio amostral foram coletadas sementes de 10 árvores-mãe, exceto em P1F2 e P3F6, onde foram amostradas sementes de oito e duas árvores-mãe, respectivamente (Tabela 1.1), que compuseram as progênie analisadas. Para a coleta das sementes, selecionamos os indivíduos que estavam frutificando na época da coleta (janeiro de 2015) e que possuíam mais de 15 frutos maduros. Todas as árvores-mãe foram georreferenciadas.

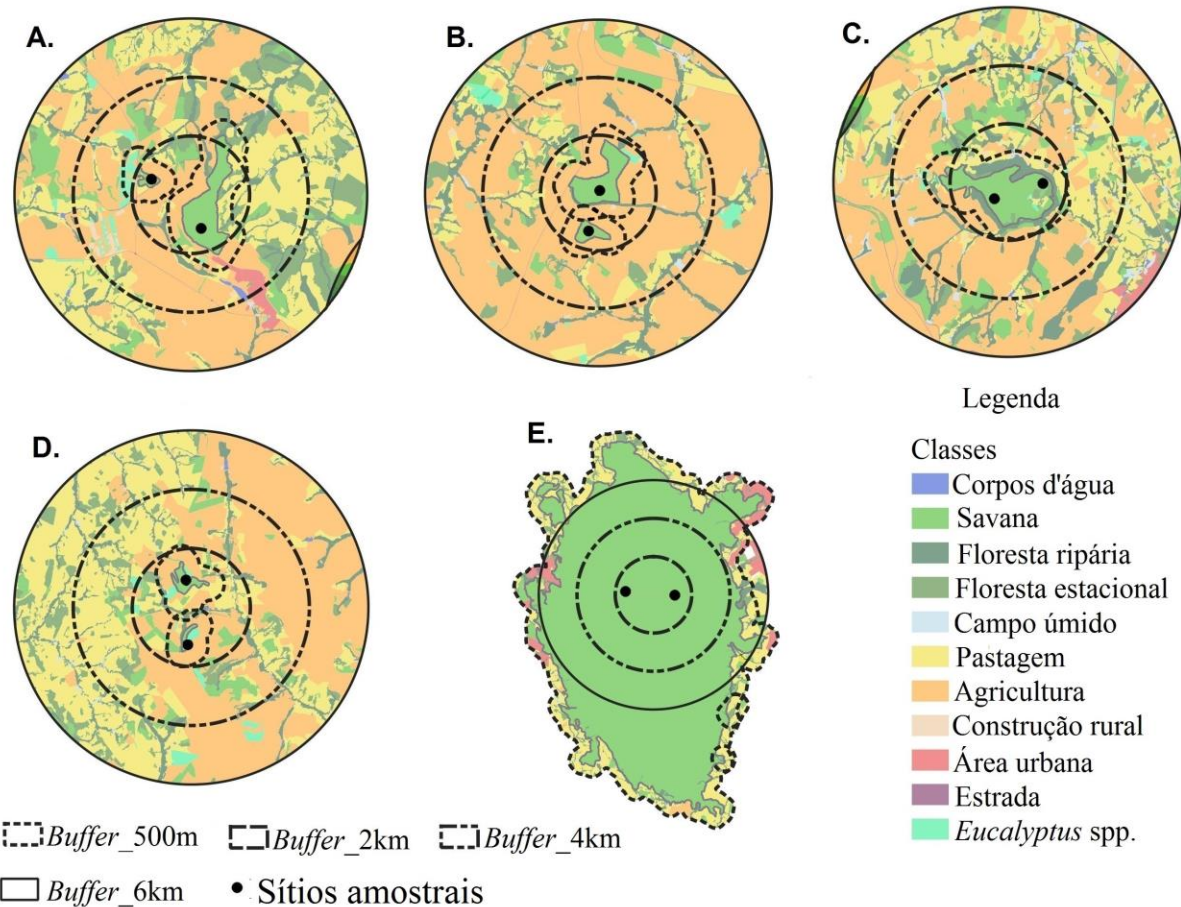


Figura 1.3. Delineamento amostral e delimitação das paisagens. Os pontos pretos representam os diferentes sítios amostrados em áreas de savana, totalizando 10 sítios amostrais. Os fragmentos estão contornados de cinza, totalizando oito fragmentos. Os polígonos tracejados ao redor de cada fragmento correspondem aos *buffers* de 500m. Os círculos maiores correspondem aos *buffers* de 2km, 4km e 6km realizados a partir do ponto médio entre dois sítios amostrais. **A=** Paisagem 1, **B=** Paisagem 2, **C=** Paisagem 3 (Floresta Nacional de Silvânia), **D=** Paisagem 4, **E=** Paisagem 5 (Parque Estadual da Serra de Caldas).

Os frutos coletados foram levados à Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (EA/UFG). Após a retirada da casca e do mesocarpo, foram tomadas as seguintes medidas das sementes: massa (MS, em gramas), diâmetro longitudinal (DLS, em mm) e diâmetro transversal (DTS, em mm). A massa foi obtida com uma balança digital e as medidas de dimensão com paquímetro digital.

1 **Tabela 1.1.** Localização, porcentagem de cobertura de savana e amostragem das cinco paisagens e dez sítios amostrais de coleta para o estudo de
 2 *Caryocar brasiliense* no estado de Goiás, Brasil. **Amostragem:** **N plantas-mãe** = número de plantas-mãe das quais coletamos, medimos e
 3 plantamos as sementes; **N sementes**= número de sementes medidas; **N plântulas** = número de sementes que germinaram na casa de vegetação.

4

Paisagem	Localização	% de savana	Sítio	Altitude (m)	Coordenada		Amostragem		
					Latitude	Longitude	N plantas-mãe	N sementes	N plântulas
P1	Leopoldo de Bulhões	29%	P1F1	1058	16°36'23.98"	48°45'47.30"	10	250	43
			P1F2	1061	16°35'35.81"	48°46'51.18"	8	215	33
P2	Vianópolis	23%	P2F3	985	16°49'44.23"	48°30'55.41"	10	240	13
			P2F4	969	16°48'59.79"	48°30'45.56"	10	246	9
P3	FLONA	35%	P3F5	945	16°38'9.03"	48°39'0.50"	10	340	15
			P3F6	972	16°38'29.19"	48°39'57.53"	2	66	6
P4	Silvânia	15%	P4F7	1022	16°42'39.02"	48°47'41.49"	10	299	35
			P4F8	1030	16°41'30.99"	48°47'49.31"	10	285	45
P5	PECN	100%	P5F9	1030	17°46'36.74"	48°41'20.53"	10	314	25
			P5F10	981.5	17°46'34.83"	48°42'52.94"	10	306	26

1 Depois de efetuada as medições, as sementes foram plantadas em caixas de areia medindo
2 25x25cm, instaladas em uma casa de vegetação na Escola de Agronomia (EA/UFG) (16°36'S,
3 49°17'O, 736m de altitude). Cada caixa de areia possuía as sementes de uma única matriz. Foram
4 plantadas cerca de 25 sementes por matriz. A disposição das matrizes nas caixas de areia foi aleatória.
5 Após a sementeira, as sementes foram acompanhadas diariamente para medirmos o tempo de
6 emergência (TEM), que é o número de dias do plantio até a emergência da plântula. Logo após a
7 germinação, as plântulas foram transplantadas para sacos de polietileno com 24 cm de altura e 18 cm
8 de diâmetro, contendo mistura de terra, substrato comercial e areia (na proporção de 2:1:1). Tanto as
9 sementes quanto as plântulas foram irrigadas diariamente quando não havia precipitação.

10 Após o transplantio, foram feitas medições mensais da altura e diâmetro basal das plântulas
11 durante cinco meses para calcularmos as taxas de crescimento de altura (TCA, em cm) e de diâmetro
12 (TCD, em mm). As taxas de crescimento foram estimadas a partir dos coeficientes de regressão entre
13 os valores das variáveis (altura e diâmetro) e o tempo em número de dias decorridos entre a
14 germinação e a mensuração das variáveis. Depois de feita a última medição de altura e de diâmetro,
15 contamos o número de folhas (NF) de cada plântula, medimos o comprimento (CF, em mm) e largura
16 das folhas (LF, em mm), comprimento da parte aérea (CPA, em cm) e da raiz (CR, em cm) e pesamos
17 a massa verde da parte aérea (MVA, em gramas) e da raiz (MVR, em gramas). Em seguida, as
18 plântulas foram mantidas na estufa por 3 dias à temperatura de 150°C e pesamos a massa seca da
19 parte aérea (MSA, em gramas) e da raiz (MSR, em gramas). As medidas de dimensão foram feitas
20 com a ajuda de um paquímetro digital e as medidas de massa com uma balança digital. Ao final do
21 experimento calculamos a porcentagem de germinação (PEM) em cada sítio amostral, que equivale
22 ao número de sementes germinadas dividido pelo número total de sementes plantadas.

23

1 **Tabela 1.2.** Caracteres quantitativos de sementes e plântulas que foram avaliados nas progênes de *Caryocar*
 2 *brasiliense* em cinco paisagens e 10 sítios amostradas no estado de Goiás, Brasil.

Caracteres medidos	Unidade	Sigla
Diâmetro longitudinal da semente	mm	DLS
Diâmetro transversal da semente	mm	DTS
Massa da semente	g	MS
Tempo para emergência	dias	TEM
Porcentagem de emergência	%	PEM
Altura inicial	cm	ALTI
Altura final	cm	ALTF
Taxa de crescimento da altura	cm/mês	TCA
Diâmetro inicial	mm	DAI
Diâmetro final	mm	DAF
Taxa de crescimento do diâmetro	mm/mês	TCD
Comprimento da folha	mm	CF
Largura da folha	mm	LF
Número de folhas		NF
Massa verde da parte aérea (caule e folhas)	g	MVA
Massa seca da parte aérea (caule e folhas)	g	MSA
Comprimento da parte aérea	cm	CPA
Massa verde da raiz	g	MVR
Massa seca da raiz	g	MSR
Comprimento da raiz	cm	CR

3

4 **4.3 Potencial evolutivo**

5 O potencial evolutivo é a capacidade de uma população de evoluir em resposta às mudanças
 6 ambientais, podendo ser avaliada por meio da variabilidade genética quantitativa (Roff, 1997). Duas
 7 formas de avaliar o potencial evolutivo de populações naturais considerando a sua variabilidade
 8 genética são por meio do coeficiente de variação genética e da herdabilidade. O coeficiente de
 9 variação genética expressa a quantidade de variação genética em relação à média geral de um
 10 caractere. A herdabilidade mede a proporção da variação de um caractere quantitativo que é devida às
 11 variações genotípicas. Ela pode ser estimada no sentido amplo e restrito. A herdabilidade no sentido
 12 amplo é a proporção da variância fenotípica atribuída à variância genotípica (Roff, 1997; Falconer &

1 Mackay, 2009). A variância genotípica é resultado de três componentes: o dominante, que exprime a
2 porção explicada pela interação entre alelos de um mesmo loco; o epistático, que expressa a parte
3 associada às interações entre alelos de genes diferentes e o componente aditivo, que exprime a
4 contribuição individual de cada alelo. A herdabilidade no sentido restrito é a proporção da variância
5 fenotípica atribuída apenas à variância genética aditiva (Roff, 1997; Falconer & Mackay, 2009). O
6 componente aditivo é o que determina a capacidade de resposta à seleção, sendo o responsável pelo
7 potencial evolutivo das populações (Holderegger et al., 2006), o que torna a herdabilidade no sentido
8 restrito uma medida ideal para propósitos de conservação (Guerrant et al. 2004). A herdabilidade não
9 é propriedade somente de um caractere, mas também de outros fatores, como a população, idade e
10 circunstâncias ambientais (Falconer & Mackay, 2009), podendo, desta forma, ser afetada por
11 alterações em qualquer componente da variação fenotípica (Falconer and Mackay, 2009). Por isso,
12 calculamos a herdabilidade média das progênies no sentido restrito e o coeficiente de variação
13 genética dos caracteres para cada sítio amostral. Por meio destes dois parâmetros nós estimamos a
14 quantidade de variação genética e o quanto da variação fenotípica dos caracteres observados é devido
15 à variação genética aditiva, para estimarmos a capacidade de resposta das populações à seleção em
16 relação aos caracteres medidos.

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

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

19 Na qual:

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

21 μ = média geral das observações

22 S_i = efeito aleatório do sítio i

23 $f_{j(i)}$ = efeito aleatório da progênie j, dentro do sítio i

24 $e_{k(ij)}$ = erro experimental

1 No modelo foram considerados efeitos dos sítios amostrais (S_i), progênes dentro dos
2 sítios ($f_{j(i)}$) e dos resíduos ($e_{k(ij)}$) (Tabela 1.3). Para cada caractere quantitativo foi estimado o
3 componente de variância causada pela diferença entre progênes dentro dos sítios ($\hat{\sigma}_m^2$) e a diferença
4 entre sítios ($\hat{\sigma}_s^2$), segundo as equações:

$$\hat{\sigma}_m^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{k_1}$$

$$\hat{\sigma}_s^2 = \frac{Q_1 - k_2\sigma_m^2 - Q_3}{k_3}$$

7 O coeficiente de variação genética e a herdabilidade foram estimados somente para os
8 caracteres medidos no experimento em casa de vegetação para evitar o máximo de efeitos ambientais.
9 Estimamos o coeficiente de variação genética por meio da expressão:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_m^2}}{\bar{x}} \cdot 100$$

11 Na qual:

12 CV_g = coeficiente de variação genética

13 $\hat{\sigma}_m^2$ = variância entre progênes dentro dos pontos amostrais

14 \bar{x} = média do caractere

15

16 Estimamos a herdabilidade média das progênes no sentido restrito de cada caracter por meio
17 da fórmula:

$$h_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_m^2}{\hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}^2}$$

19

20 Na qual:

21 h_m^2 = herdabilidade média das progênes no sentido restrito

22 $\hat{\sigma}_m^2$ = variância entre progênes dentro dos sítios amostrais

23 $\hat{\sigma}^2$ = variância dos resíduos

1 **Tabela 1.3.** Partição da variância na análise de variância, de acordo com o modelo hierárquico com efeito dos
 2 sítios amostrais, das plantas-mãe (progênes) dentro dos sítios e dos resíduos. **gl** = graus de liberdade; **SM**=
 3 media dos quadrados; **S**= número de sítios (S=10); **P**= número total de progênes (90), **N**= número total de
 4 plântulas ou sementes. Os valores de k correspondem aos coeficientes dos componentes de variância e são
 5 calculados da seguinte maneira: $k_1 = \frac{1}{P-S} \left[\sum_i \sum_j n_{ij}^2 \left(\frac{1}{n_{ij}} - \frac{1}{n_i} \right) \right]$; $k_2 = \frac{1}{S-1} \left[\sum_i \sum_j n_{ij}^2 \left(\frac{1}{n_i} - \frac{1}{n} \right) \right]$; $k_3 = \frac{1}{S-1} \left[\sum_i n_i^2 \left(\frac{1}{n_i} - \frac{1}{n} \right) \right]$, nos quais: n_{ij} = número de indivíduos da progênie j do sítio i ; n_i = número de progênes do sítio i e n =
 6 número total de plântulas ou sementes.
 7

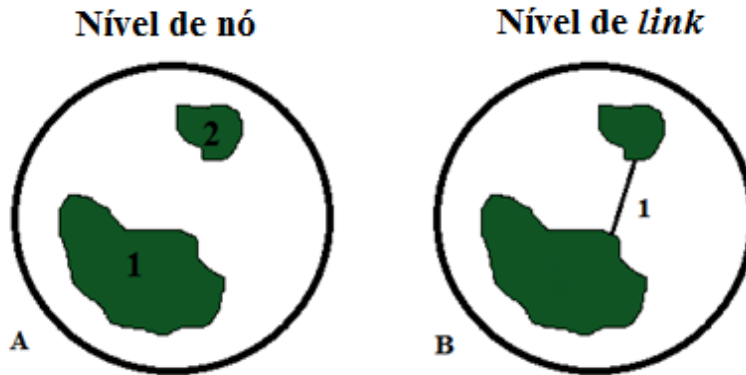
Fonte de variação	Gl	SM	E(SM)
Sítios	S-1	Q ₁	$\hat{\sigma}^2 + k_2 \hat{\sigma}_m^2 + k_3 \hat{\sigma}_s^2$
Progênes (Sítios)	P-S	Q ₂	$\hat{\sigma}^2 + k_1 \hat{\sigma}_m^2$
Resíduos	N-P	Q ₃	$\hat{\sigma}^2$
Total	N-1		

8

9 **4.4 Efeitos da estrutura da paisagem na variação genética quantitativa**

10 A influência da estrutura da paisagem sobre a variabilidade e diferenciação genética
 11 quantitativa foi avaliada nos níveis de nó e *link* (Wagner and Fortin, 2013, Figura 1.4). No nível de nó
 12 relacionamos a variabilidade genética quantitativa às variáveis preditoras calculadas a partir do *buffer*
 13 de 500m correspondente a cada fragmento (Figura 1.3). Para essa escala calculamos as seguintes
 14 métricas: a quantidade de habitat (porcentagem de áreas de savana), o tamanho do fragmento, a
 15 dominância, a riqueza de classes, a densidade da riqueza de classes, o índice de diversidade de
 16 Shannon, o índice de diversidade de Simpson, o índice de equabilidade de Shannon, o índice de
 17 equabilidade de Simpson, o isolamento funcional e a conectividade funcional (para mais detalhes das
 18 métricas calculadas ver Tabela 1.4). A variabilidade genética quantitativa foi analisada considerando
 19 a a variância dos caracteres dentro dos sítios.

20



1

2 **Figura 1.4.** Duas formas de abordagem para a análise das variáveis genéticas: A) nível de nó e B) nível de
 3 *link*. Os círculos em preto representam paisagens e as manchas verdes representam fragmentos. No nível de
 4 nó as variáveis resposta (e.g., variância do carácter) em cada sítio (e.g., 1, 2 na Figura A) são relacionados às
 5 variáveis da paisagem do mesmo local. No nível de *link*, a diferenciação genética (e.g., Q_{ST} , P_{ST}) entre pares
 6 de sítios (e.g., 1 na Figura B) são relacionadas às variáveis da paisagem ao redor de cada *link*.

7

8 As métricas correspondentes ao nível de *link* foram calculadas a partir dos *buffers* de
 9 diferentes tamanhos (2km, 4km e 6km de raio, Figura 1.3). As métricas da paisagem calculadas para
 10 o nível de *link* foram as mesmas calculadas para o nível de nó, exceto tamanho do fragmento. No
 11 nível de *link*, as métricas da paisagem foram relacionadas à diferenciação genética quantitativa entre
 12 os pares de sítios dentro dos *buffers*. A diferenciação genética quantitativa entre os pares de sítios
 13 dentro da mesma paisagem foi estimada pelos parâmetros Q_{ST} e P_{ST} . Para os caracteres cujas medidas
 14 foram obtidas no experimento, nós calculamos o Q_{ST} , que é um estimador de diferenciação genética
 15 de caracteres fenotípicos quantitativos baseado na variância genética aditiva das populações (Spitze,
 16 1993). Para estimar o Q_{ST} , os dados quantitativos devem ser obtidos com controle experimental, para
 17 evitar o máximo dos efeitos ambientais. O P_{ST} é um estimador análogo ao Q_{ST} (Leinonen et al., 2006),
 18 utilizado para quantificar a diferenciação fenotípica entre e dentro das populações quando não temos
 19 o controle experimental dos dados para estimar o componente genético aditivo. Como este índice não
 20 separa os efeitos genéticos dos ambientais, a divergência encontrada pode ser consequência da

1 plasticidade fenotípica. Portanto, estimamos o P_{ST} para as sementes coletadas no campo porque elas
2 não foram obtidas por experimento em casa de vegetação.

3 Da mesma forma que h^2m e CVg , o Q_{ST} e o P_{ST} foram calculados utilizando os componentes
4 de variância obtidos a partir da análise de variância por modelo hierárquico, considerando os efeitos
5 dos sítios amostrais (S_i), progênes dentro dos sítios ($f_{j(i)}$) e dos resíduos ($e_{k(ij)}$) (Tabela 1.3). O Q_{ST}
6 foi calculado utilizando a fórmula (Spitze, 1993):

$$\hat{Q}_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_s^2}{\hat{\sigma}_s^2 + 2\hat{\sigma}_a^2}$$

9 No qual:

10 \hat{Q}_{ST} = divergência genética quantitativa

11 $\hat{\sigma}_s^2$ = variância entre os sítios

12 $\hat{\sigma}_a^2$ = variância aditiva dentro dos sítios

13

14 Sendo a variância aditiva dentro dos sítios, admitindo progênes de meio-irmãos, estimada da
15 seguinte forma:

16

$$\hat{\sigma}_a^2 = 4\hat{\sigma}_m^2$$

18 No qual:

19 $\hat{\sigma}_m^2$ = variância entre progênes dentro dos sítios

20

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

$$\hat{P}_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_s^2}{\hat{\sigma}_s^2 + 2\hat{\sigma}_m^2}$$

23 No qual:

24 \hat{P}_{ST} = divergência fenotípica

25 $\hat{\sigma}_s^2$ = variância entre os sítios

26 $\hat{\sigma}_m^2$ = variância entre progênes dentro dos sítios

27

28 Como as métricas de paisagem, na maioria das vezes, são correlacionadas, calculamos o
29 coeficiente de correlação de Pearson para identificar quais métricas tinham a maior correlação
30 (correlação significativa e com coeficiente de correlação ≥ 0.8) e removemos das análises (Material

1 Suplementar Tabela S1). Entretanto, priorizamos deixar as mesmas variáveis para os *buffers* à nível
2 de *link* (2km, 4km e 6km), para efeito de comparação entre eles. Assim, selecionamos variáveis que
3 representem a quantidade de habitat e a conectividade, que são variáveis conhecidamente importantes
4 para riqueza e diversidade biológica (Taylor et al., 1993; Fahrig, 2003, 2017; Thompson et al., 2017)
5 e uma variável que represente a heterogeneidade da paisagem. Selecionamos também uma variável
6 que represente a heterogeneidade da paisagem, pois a delimitação do que é matriz e habitat varia
7 conforme a espécie (Metzger, 2001), por isso, o que determinamos como habitat para o pequi pode
8 não ser o habitat preferencial dos seus potenciais dispersores. Além disso, o pequi possui uma ampla
9 variedade de possíveis dispersores que podem perceber a paisagem de formas diferentes, utilizando a
10 matriz como uma fonte de recursos ou como habitat complementar (Prevedello & Vieira, 2010; e.g.,
11 Antongiovanni & Metzger, 2005; Anderson et al., 2007; Lyra-Jorge et al., 2008). Desta forma, as
12 variáveis selecionadas para o nível de nó foram: a quantidade de habitat (PLAND – em porcentagem),
13 a conectividade funcional (CONN – área funcionalmente conectada em hectares) e a heterogeneidade
14 representada pelo índice de diversidade de Shannon (SHDI). Para o nível de *link*, selecionamos
15 PLAND SHDI, dado que a conectividade funcional foi significativamente correlacionada com a
16 quantidade de habitat nas três escalas analisadas (Material Suplementar Tabela S1).

17 Além das métricas de paisagem, nós utilizamos o tamanho efetivo populacional (N_e) como
18 uma variável preditora para o nível de nó. O tamanho efetivo populacional representa o tamanho de
19 uma população ideal (população infinita com acasalamentos aleatórios, com taxas de mutação,
20 migração e seleção negligenciáveis) que perde a diversidade genética por deriva genética na mesma
21 taxa que a população atual (Wright, 1931). O tamanho efetivo populacional foi calculado para cada
22 sítio pelo método de Coancestria Molecular, utilizando o programa NeEstimator 2.01 (Do et al.,
23 2014).

1 **Tabela 1.4.** Descrição, como foram calculadas e os softwares utilizados para calcular as métricas da paisagem
 2 relacionadas à quantidade de habitat, conectividade e heterogeneidade para cinco paisagens e dez sítios
 3 amostrados no estado de Goiás, Brasil.

Métricas da paisagem	Descrição	Como foram calculadas	Softwares
Porcentagem de cobertura (PLAND)	Mede a quantidade de vegetação nativa	PLAND = total e a porcentagem de área de savana dentro do buffer	FragStats
Tamanho do fragmento (TA)	Tamanho do fragmento	TA= área de cada fragmento (em hectares) selecionado	FragStats
Riqueza (PR)	Mede o número de variedades de classes dentro da paisagem	PR= número de classes de classes na paisagem	FragStats
Densidade da riqueza (PRD)	Padroniza a riqueza de classes pela área (100 hectares)	$PRD = \frac{n}{A} (10000)(100)$ onde, n é o número de classes e A é a área total da paisagem	FragStats
Índice de diversidade de Shannon (SHDI)	Medida de diversidade de classes na paisagem	$SHDI = - \sum_{i=1}^n p_i \log_b p_i$ onde, p_i é a proporção da área ocupada pela classe <i>i</i>	FragStats
Índice de diversidade de Simpson (SIDI)	Medida de diversidade de classes na paisagem	$SIDI = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$ onde, p_i é a proporção da área ocupada pela classe <i>i</i>	FragStats
Índice de equabilidade de Shannon (SHEI)	Mede a distribuição da área da paisagem entre as classes	$SHEI = \frac{SHDI}{\ln n}$ onde, n é o número de classes	FragStats
Índice de equabilidade de Simpson (SIEI)	Mede a distribuição da área da paisagem entre as classes	$SIEI = \frac{SIDI}{1 - \left(\frac{1}{n}\right)}$ onde, n é o número de classes	FragStats
Índice de fragmento maior (LPI)	Mede a porcentagem da paisagem ocupada pelo maior fragmento (de qualquer classe)	$LPI = \frac{\max_i}{A} (100)$ onde, max_i é a área da maior classe, e A é a área da paisagem	FragStats

Isolamento funcional (FI)	Mede a distância euclidiana média entre todos os fragmentos da paisagem.	Mede a distância euclidiana entre todos os fragmentos que são correspondentes ao habitat na paisagem. Para obter uma medida média de isolamento da paisagem foram sorteados mil pontos aleatórios dentro de uma paisagem nas diferentes escalas analisadas. Foram obtidos os valores de cada um desses pontos e foi calculada a média desses valores.	LSMetrics
Conectividade funcional (CONN)	Mede a quantidade de área funcionalmente conectada na paisagem	O algoritmo cria um buffer em torno de cada fragmento. Dentro deste buffer as manchas de habitat são agrupadas, somamos a área de habitat e subtraímos o tamanho da área do fragmento do total da área de habitat, para obter a conectividade funcional estrita. O resultado dessa métrica é um mapa onde o valor de cada fragmento corresponde a quantidade de área funcionalmente conectada a ele. Para obter uma medida para a paisagem, nós somamos a área total conectada de cada fragmento por paisagem. O tamanho de buffer estabelecido foi de 500m.	LSMetrics

1

2

3

4

5

6

7

8

9

10

11

12

13

14

15

16

Para avaliar o efeito da estrutura da paisagem e o tamanho efetivo populacional sobre a diversidade e a diferenciação genética quantitativa, realizamos um conjunto de modelos levando em consideração as variáveis da paisagem selecionadas após a análise de correlação de Pearson (Tabela 1.5). Nós criamos também um modelo nulo para concorrer com nosso conjunto de modelos. Como a relação de algumas variáveis resposta com as variáveis preditoras se mostraram não-lineares, nós comparamos a performance do GLM (*Generalized Linear Models*) e GAM (*Generalized Additive Models*) utilizando o AIC e o ajuste residual dos modelos (Zuur et al., 2009). Os modelos aditivos tiveram um melhor desempenho e, portanto, utilizamos estes modelos para as análises.

Para selecionar os modelos mais plausíveis utilizamos dois critérios. O primeiro critério utilizado foi o Critério de Informação de Akaike corrigido para tamanhos amostrais pequenos (AICc). Para selecionar os modelos com base no AICc, calculamos $\Delta AICc$, que calcula diferença entre cada modelo e o melhor modelo encontrado. Modelos com $\Delta AICc < 2$ foram considerados igualmente plausíveis para explicar o padrão observado (Burnham and Anderson, 2002). Analisamos ainda o $wAICc$, que expressa a contribuição relativa de cada modelo para explicar o padrão observado, para

1 avaliar o suporte dos modelos. Usamos como segundo critério o valor de p , selecionando os modelos
 2 com $p < 0.05$, pois os modelos com $p > 0.05$, mesmo selecionado pelo AICc não tiveram bons ajustes.
 3 Desta forma, para avaliar o efeito dos modelos, levamos em consideração o $p < 0.05$, o $\Delta AICc < 2$ e o
 4 $wAICc$. Os modelos generalizados aditivos foram realizados utilizando o pacote *mcgv* (Wood 2018) e
 5 as análises de seleção de modelos utilizando o pacote *bbmle* (Bolker 2017), ambos implementados no
 6 software R versão 3.4.2 (R Development Core Team, 2017).

7

8 **Tabela 1.5.** Lista dos modelos concorrentes usados para explicar diversidade e diferenciação genética
 9 quantitativa de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrais (nível de nó) e cinco paisagens (nível de *link*). **PLAND**=
 10 Quantidade de habitat (porcentagem das áreas de savana); **CONN** = conectividade funcional (área
 11 funcionalmente conectada em hectares), **SHDI**= Índice de diversidade de Shannon; **Ne**= tamanho efetivo
 12 populacional.

Abordagem	Escala	Variável resposta	Modelos	Sigla
Nível de nó	500m	Variabilidade genética quantitativa	PLAND	M1
			CONN	M2
			SHDI	M3
			Ne	M4
			PLAND+CONN	M5
			PLAND+Ne	M6
			CONN+Ne	M7
			NULO	M0
Nível de <i>link</i>	2km	P_{ST} ; Q_{ST}	PLAND	M1
	4km		SHDI	M2
	6km		NULO	M0

13

14 5. RESULTADOS

15

16

4.1. Variabilidade fenotípica

17

18

19

Foram coletadas e medidas um total de 2.560 sementes de *C. brasiliense*. Destas foram plantadas 2.273 sementes, das quais 11% germinaram (250 sementes, Tabela 1.1). Entre os caracteres medidos a porcentagem de germinação apresentou os maiores coeficientes de variação, com grande

1 amplitude entre os sítios (Material Suplementar Tabela S3). A variabilidade na germinação foi alta
2 entre matrizes dentro dos sítios, com todos os sítios apresentando matrizes que tiveram nenhuma
3 semente germinada (Material Suplementar Tabela S4). O tempo de germinação das sementes variou
4 bastante, com sementes que germinaram 23 dias após o plantio até sementes que emergiram com 212
5 dias após o plantio. Das sementes germinadas, cinco plântulas não desenvolveram folhas e raiz e seis
6 plântulas morreram no decorrer do experimento. A variação foi alta entre os caracteres medidos nas
7 plântulas, oscilando de 30% a 40% para ALTI, NF, MVR, MSR, MVA e MAS (Material
8 Suplementar Tabelas S5, S7, S8 e S9). O caractere com maior variação foi TCD (CV=62.205,
9 Material Suplementar Tabela S6). Comprimento foliar (CF), largura foliar (LF) e comprimento da
10 raiz (CR) foram os caracteres com os menores coeficientes de variação (CV= 14.820, 15.517 e 15.691
11 respectivamente, Material Suplementar Tabelas S7 e S8), seguidos das medidas de diâmetro DIAI e
12 DIAF (CV=19.926 e 20.670, respectivamente; Material Suplementar Tabela S6).

13

14

5.2 Potencial evolutivo

15 As estimativas de herdabilidade mostraram que os caracteres medidos apresentam maior
16 influencia ambiental na expressão fenotípica. Todos os caracteres medidos tiveram herdabilidades
17 baixas quando considerados todos os sítios. A herdabilidade geral dos caracteres variou de 0.000 para
18 CR a 0.299 para DIAF (Tabela 1.6). Houve grande variação da herdabilidade entre os sítios
19 amostrais, com sítios que apresentaram $h_{2m} = 0$ a sítios com $h_{2m} > 0.7$ para o mesmo caractere, como
20 por exemplo ALTF, TCA, DIAF e MVR (Tabela 1.6). Entretanto, de modo geral os caracteres
21 apresentaram baixa herdabilidade na maioria dos sítios (Tabela 1.6), exceto o tempo de emergência e
22 diâmetro final que tiveram, quando comparado com os outros caracteres, alta herdabilidade em mais
23 sítios amostrais (Tabela 1.6). Caracteres relacionados à raiz (CR, MVR e MSR) e às folhas (NF e LF)

1 apresentaram baixa herdabilidade na maioria dos sítios. Comprimento da raiz e largura foliar foram
 2 os caracteres que apresentaram mais sítios com herdabilidade igual a zero (Tabela 1.6).

3

4 **Tabela 1.6.** Estimativa da herdabilidade sentido restrito (h^2m) por população e geral para os caracteres de
 5 *Caryocar brasiliense* medidos em experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento foram
 6 coletadas em nove sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **TEM**= tempo de emergência; **PEM**=
 7 porcentagem de emergência; **ALTI**= altura inicial; **ALTF**= altura final; **TCA**= taxa de crescimento da altura;
 8 **DIAI**= diâmetro inicial; **DIAF**= diâmetro final; **TCD**= taxa de crescimento do diâmetro; **NF**= número de
 9 folhas; **CF**= comprimento foliar; **LF**= largura foliar; **MSR**= massa seca da raiz; **MVR**= massa verde da raiz;
 10 **CR**= comprimento da raiz; **MAS**= massa seca da parte aérea; **MVA**= massa verde da parte aérea; **CPA**=
 11 comprimento da parte aérea.

Caracter	P1F1	P1F2	P2F3	P2F4	P3F5	P4F7	P4F8	P5F9	P5F10	geral
TEM	0.343	0.479	0.465	0.580	0.663	0.000	0.121	0.626	0.000	0.137
PEM	0.115	0.265	0.012	0.086	0.000	0.208	0.211	0.341	0.056	0.120
ALTI	0.040	0.150	0.652	0.000	0.106	0.210	0.206	0.307	0.357	0.251
ALTF	0.001	0.315	0.705	0.000	0.621	0.072	0.014	0.520	0.182	0.214
TCA	0.154	0.536	0.000	0.327	0.786	0.138	0.120	0.440	0.000	0.214
DIAI	0.204	0.000	0.026	0.000	0.418	0.338	0.000	0.039	0.308	0.131
DIAF	0.301	0.361	0.309	0.775	0.000	0.382	0.016	0.170	0.410	0.299
TCD	0.250	0.574	0.000	0.218	0.520	0.219	0.158	0.069	0.222	0.214
NF	0.019	0.000	0.132	0.342	0.000	0.012	0.000	0.501	0.279	0.117
CF	0.155	0.021	0.446	0.362	0.164	0.155	0.041	0.083	0.250	0.132
LF	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.442	0.000	0.000	0.049	0.042
MSR	0.000	0.000	0.162	0.000	0.000	0.467	0.057	0.038	0.236	0.115
MVR	0.154	0.000	0.747	0.000	0.064	0.426	0.000	0.000	0.161	0.142
CR	0.000	0.000	0.038	0.000	0.249	0.343	0.000	0.000	0.000	0.000
MAS	0.267	0.198	0.132	0.001	0.105	0.459	0.000	0.095	0.206	0.200
MVA	0.211	0.368	0.434	0.045	0.000	0.444	0.000	0.119	0.205	0.230
CPA	0.000	0.289	0.166	0.000	0.283	0.102	0.111	0.404	0.232	0.143

12

13

14 O coeficiente de variação genética, geral e nos sítios, da maioria dos caracteres foi alto
 15 segundo Sebbenn et al. (1998), que considera altos os coeficientes acima de 7%, demonstrando que
 16 os sítios ainda conservam alta quantidade de variabilidade genética (Tabela 1.7). Entretanto, a
 17 variação do CVg entre os sítios amostrais também foi alta, e como ocorreu com a herdabilidade,

1 alguns caracteres apresentaram sítios com $CVg=0$ a sítios com $CVg>30\%$ (TCA, TCD, TEM, ALTI e
 2 MSR). O comprimento foliar e a porcentagem de emergência apresentaram baixos coeficientes de
 3 variação genética em praticamente todos os sítios. Comprimento da raiz e largura foliar foram os
 4 caracteres que apresentaram mais sítios com CVg igual a zero (Tabela 1.7).

5
 6 **Tabela 1.7.** Estimativa do coeficiente de variação genética (CVg , em porcentagem) por população e geral para
 7 os caracteres de *Caryocar brasiliense* medidos em experimento em casa de vegetação. As sementes para o
 8 experimento foram coletadas em nove sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **TEM**= tempo de
 9 emergência; **PEM**= porcentagem de emergência; **ALTI**= altura inicial; **ALTF**= altura final; **TCA**= taxa de
 10 crescimento da altura; **DAI**= diâmetro inicial; **DAF**= diâmetro final; **TCD**= taxa de crescimento do diâmetro;
 11 **NF**= número de folhas; **CF**= comprimento foliar; **LF**= largura foliar; **MSR**= massa seca da raiz; **MVR**= massa
 12 verde da raiz; **CR**= comprimento da raiz; **MAS**= massa seca da parte aérea; **MVA**= massa verde da parte
 13 aérea; **CPA**= comprimento da parte aérea.

Caractere	P1F1	P1F2	P2F3	P2F4	P3F5	P4F7	P4F8	P5F9	P5F10	geral
TEM	26.370	19.970	22.700	25.530	24.760	0.000	20.000	30.554	0.000	16.87
PEM	0.712	1.185	0.447	1.446	0.000	1.318	1.243	0.769	1.051	1.164
ALTI	7.030	9.700	30.070	0.000	11.520	18.690	15.738	20.593	24.644	17.626
ALTF	0.800	12.960	25.290	0.000	12.680	9.120	2.581	21.883	17.267	12.901
TCA	17.947	33.090	0.000	50.660	31.722	16.347	15.185	23.486	0.000	20.974
DAI	10.180	0.000	2.950	0.000	12.280	12.010	0.000	3.830	11.598	7.162
DAF	9.900	13.700	16.150	15.550	0.000	15.612	2.333	7.936	15.052	11.381
TCD	33.540	44.300	0.000	43.940	26.274	39.490	25.532	10.530	27.171	29.507
NF	4.000	0.000	10.400	19.340	0.000	3.928	0.000	23.585	18.094	10.162
CF	4.600	2.300	6.730	6.840	3.334	5.885	2.705	4.771	10.387	5.232
LF	0.000	3.400	0.000	0.000	0.000	11.684	0.000	0.000	4.426	3.175
MSR	0.000	0.000	15.790	0.000	0.000	31.772	9.402	6.259	24.794	14.384
MVR	16.700	0.000	29.220	0.000	5.700	25.395	0.000	0.000	15.155	13.425
CR	0.000	0.000	2.595	0.000	6.281	9.468	0.000	0.000	0.000	0.000
MAS	17.200	20.210	10.030	1.390	7.410	28.061	0.000	10.298	26.280	17.009
MVA	14.200	27.450	15.255	7.690	0.000	26.397	0.000	9.055	23.113	16.377
CPA	0.000	13.700	6.090	0.000	8.258	8.815	6.726	13.604	15.242	8.940

14

15

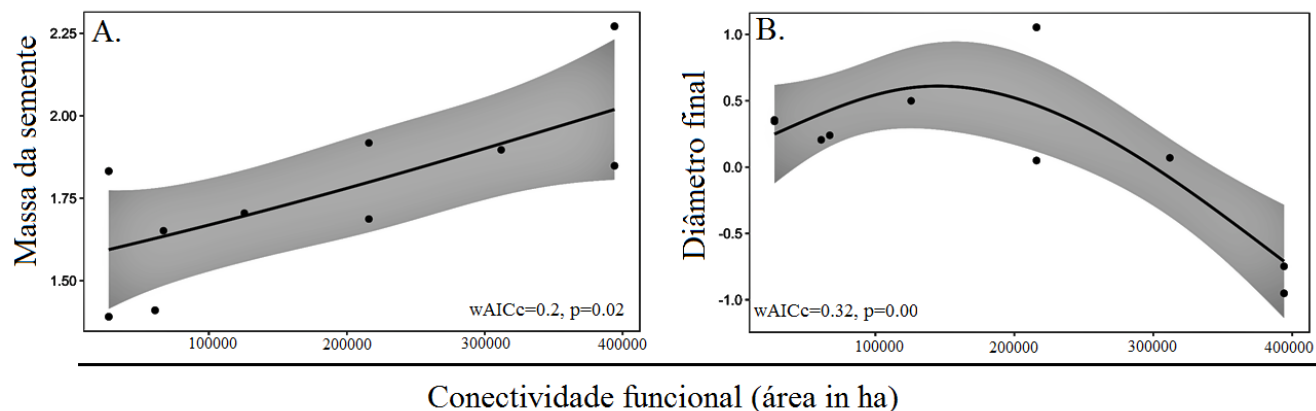
16

5.3 Efeitos da estrutura da paisagem na variabilidade e na diferenciação genética quantitativa

A conectividade funcional (CONN) foi a principal variável preditora que influenciou a variabilidade genética quantitativa de *Caryocar brasiliense* à nível de nó, afetando a maioria dos caracteres cujos padrões observados foram explicados pelas variáveis estudadas, sendo estes caracteres MS, DIAI, DIAF, TCD, LF e CF (Tabela 1.8). CONN afetou positivamente a massa da semente, no qual sítios com maiores valores de conectividade funcional apresentaram as maiores variâncias em MS ($wAICc = 0.20$, $p_{(CONN)} = 0.02$, Figura 1.5). Relação contrária foi observada para largura foliar (LF) e comprimento foliar (CF), nos quais os sítios com maiores valores de conectividade funcional corresponderam as menores variâncias de CF e LF (Figura 1.6B e 1.6D). Para estes dois caracteres, o modelo selecionado pelo $\Delta AICc$ foi o modelo com dois fatores (CONN+NE) (Tabela 1.8), entretanto, apenas CONN teve $p < 0.05$ ($wAICc = 0.73$, $p_{(CONN)} = 0.00$, $p_{(NE)} = 0.09$ para CF; $wAICc = 0.76$, $p_{(CONN)} = 0.02$, $p_{(NE)} = 0.09$, para LF).

Tabela 1.8. Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de nó mostrando a relação da conectividade funcional (CONN), tamanho populacional efetivo (Ne), heterogeneidade (SHDI) e quantidade de habitat (PLAND) com a variância de caracteres medidos para *C. brasiliense* em 10 sítios amostrais no estado de Goiás, Brasil. * $p < 0.05$.

Variável resposta	Modelo	Sigla	$\Delta AICc$	$wAICc$	p1	p2	R ²
Massa da semente	CONN	M2	0.00	0.20	0.02*	-	0.49
Diâmetro final	CONN	M2	0.00	0.32	0.00*	-	0.39
Comprimento da raiz	Ne	M4	0.00	0.28	0.05*	-	0.33
Diâmetro transversal da semente	SHDI	M3	0.00	0.86	0.03*	-	0.41
Porcentagem de emergência	SHDI	M3	1.10	0.24	0.05*	-	0.06
Largura foliar	CONN+Ne	M7	0.00	0.76	0.02*	0.09	0.53
Comprimento foliar	CONN+Ne	M7	0.00	0.73	0.00*	0.09	0.84
Diâmetro inicial	PLAND+CONN	M5	0.00	1.00	0.00*	0.00*	0.83
Taxa de crescimento em diâmetro	PLAND+CONN	M5	0.00	0.52	0.17	0.01*	0.61
Massa verde da raiz	PLAND+Ne	M6	0.00	0.39	0.30	0.02*	0.43



1

2 **Figura 1.5.** Modelos mostrando os efeitos da conectividade funcional na variância da (A) massa da semente
 3 ($wAICc = 0.20$, $p_{(CONN)} = 0.02$) e (B) diâmetro final ($wAICc = 0.324$, $p_{(CONN)} = 0.00$) de *Caryocar brasiliense* em
 4 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.

5

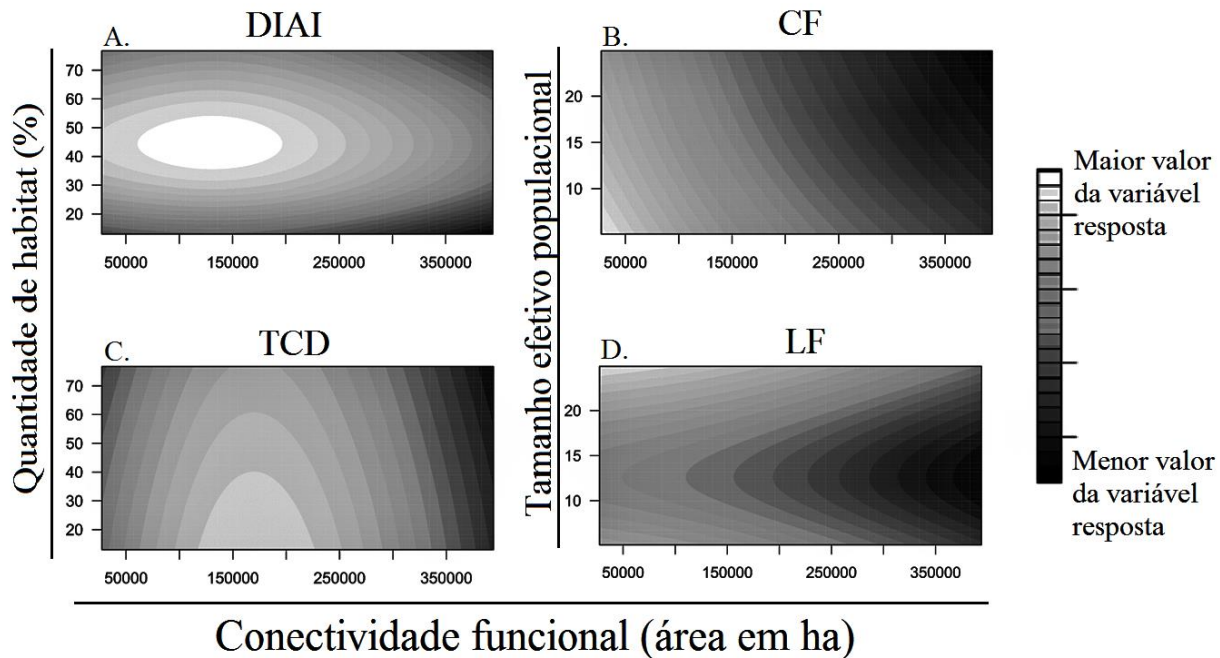
6 A variância de DIAF foi melhor explicada pela conectividade funcional ($wAICc = 0.32$,
 7 $p_{(CONN)} = 0.00$, Figura 1.5). Os modelos de efeitos aditivos com dois fatores (PLAND+CONN) foram
 8 os modelos mais plausíveis selecionados pelo AICc para explicar os padrões observados em DIAI
 9 ($wAICc = 1$, $p_{(PLAND)} = 0.00$, $p_{(CONN)} = 0.00$) e TCD ($wAICc = 0.52$, $p_{(PLAND)} = 0.17$, $p_{(CONN)} = 0.01$,
 10 Figura 1.6A e 1.6C). As relações entre conectividade funcional com os caracteres de diâmetro não
 11 foram lineares (Figura 1.5 e Figura 1.6A e 1.6C). Sítios com valores intermediários de conectividade
 12 funcional foram os que apresentaram os maiores valores de variação de DIAI, DIAF e TCD. A
 13 quantidade de habitat, selecionada com a conectividade funcional para explicar a variância de DIAI e
 14 TCD, contribuíram pouco para explicar os padrões observados.

15

16 As variâncias do comprimento da raiz (CR) e da massa verde da raiz (MVR) diminuíram com
 17 o aumento do tamanho efetivo populacional ($wAICc = 0.28$, $p_{(PLAND)} = 0.04$ para CR; $wAICc = 0.39$,
 18 $p_{(PLAND)} = 0.30$, $p_{(NE)} = 0.02$ para MVR, Tabela 1.8, Figuras 1.7 e 1.6). Para MVR, o modelo mais
 plausível selecionado pelo AICc foi o que considerou o tamanho efetivo populacional com a

1 quantidade de habitat (Tabela 1.8), entretanto, novamente a quantidade de habitat contribuiu pouco
2 para explicar o padrão observado (Figura 1.6).

3

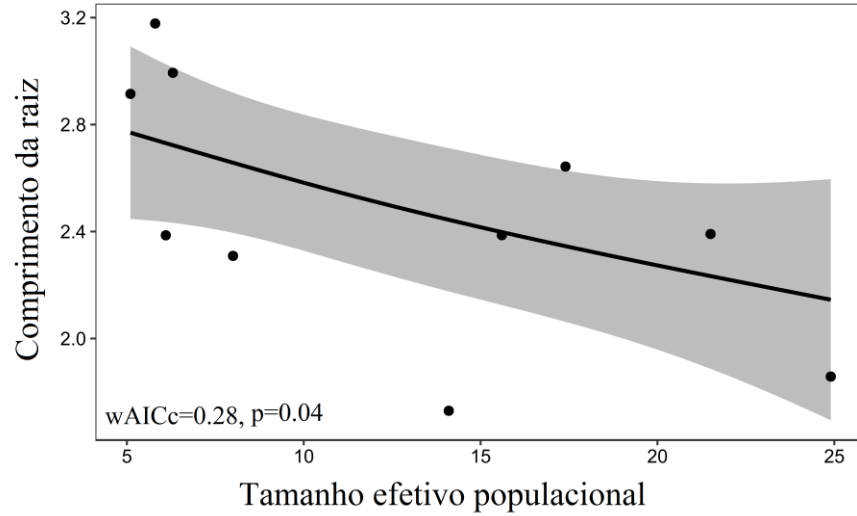


4

5 **Figura 1.6.** Modelos selecionados mostrando os efeitos aditivos da conectividade funcional e quantidade de
6 habitat nos caracteres de diâmetro (A e C) e os efeitos aditivos da conectividade funcional e tamanho efetivo
7 populacional na variância dos caracteres foliares (B e D) de *C. brasiliense* em 10 sítios inseridos em cinco
8 paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. **A.** DIAI - diâmetro inicial ($wAICc= 1$, $p_{(PLAND)} = 0.00$, $p_{(CONN)}$
9 $= 0.00$); **B.** CF – comprimento foliar ($wAICc= 0.726$, $p_{(CONN)} = 0.00$, $p_{(NE)} = 0.09$), **C.** TCD – taxa de
10 crescimento do diâmetro ($wAICc= 0.515$, $p_{(PLAND)} = 0.17$, $p_{(CONN)} = 0.01$), **D.** LF- largura foliar ($wAICc= 0.763$,
11 $p_{(CONN)} = 0.02$, $p_{(NE)} = 0.09$). **PLAND**= Quantidade de habitat; **CONN** = Conectividade funcional; **NE**=
12 tamanho efetivo populacional. Valores na barra à direita representam os valores esperados do modelo.

13

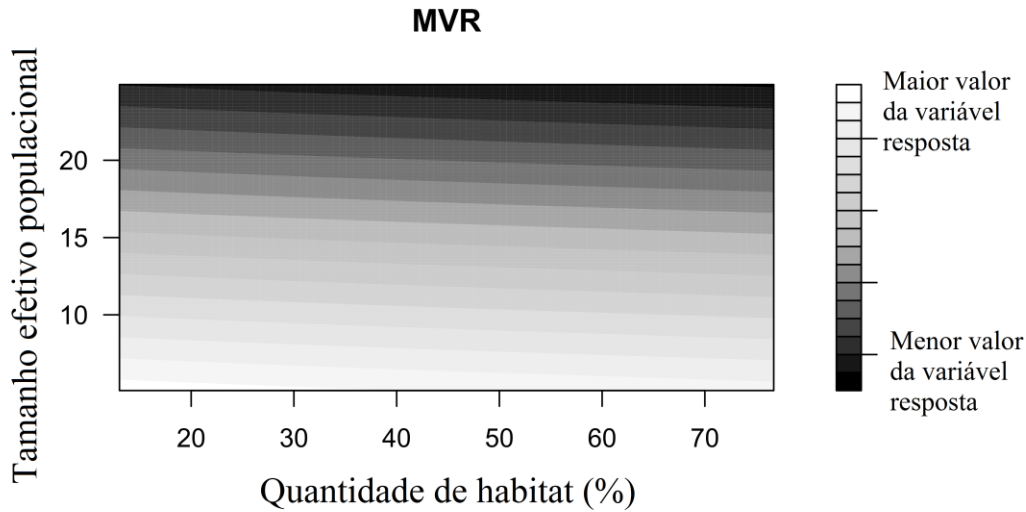
14 A heterogeneidade influenciou a variação fenotípica de DTS ($wAICc= 0.86$, $p_{(SHDI)} = 0.03$) e
15 PEM ($wAICc= 0.24$, $p_{(SHDI)} = 0.04$). A relação foi positiva, no qual sítios com maiores valores de
16 diversidade de Shannon, ou seja, mais heterogêneos, tiveram as maiores variâncias de DTS e PEM
17 (Figura 1.9).



1

2 **Figura 1.7.** Relação entre o tamanho efetivo populacional e a variação no comprimento da raiz (CR, $wAICc=$
 3 0.28 , $p_{(NE)} = 0.04$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.

4



5

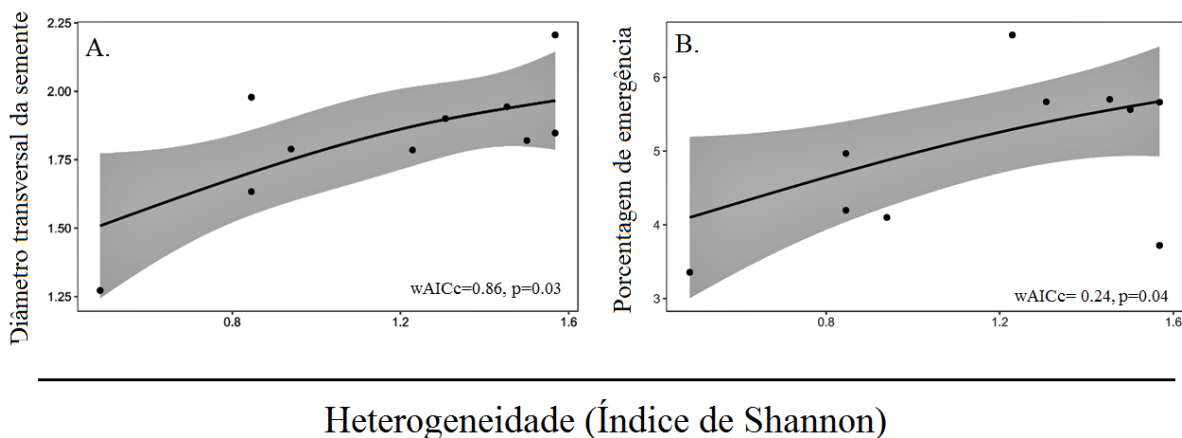
6 **Figura 1.8.** Relação entre o tamanho efetivo populacional e a variação na massa verde da raiz (MVR, ($wAICc=$
 7 0.39 , $p_{(PLAND)} = 0.39$, $p_{(NE)} = 0.02$) de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.

8 **PLAND**= Quantidade de habitat; **NE**= tamanho efetivo populacional. Valores na barra à direita representam os
 9 valores esperados do modelo.

10

11 Para as análises a nível de *link*, apesar da baixa diferenciação genética quantitativa para os
 12 caracteres medidos dentro das paisagens amostradas (Tabelas 1.9 e 1.10), a quantidade de habitat

1 influenciou a diferenciação genética quantitativa da taxa de crescimento em altura e diâmetro (Tabela
 2 1.11). Para as três escalas analisadas, a diferenciação genética da taxa de crescimento em altura foi
 3 maior nas paisagens com maiores quantidades de habitat. A diferenciação genética da taxa de
 4 crescimento em diâmetro diminuiu com a quantidade de habitat nas escalas de 4km e 6km, exceto
 5 para a paisagem com maior porcentagem de habitat, que teve a maior diferenciação genética de TCD.
 6 Em paisagens com mais heterogêneas, a diferenciação genética de TCA na escala de 4km (Tabela
 7 1.11) foi maior, exceto para paisagem 5, que teve o menor valor deste índice, porém a maior
 8 diferenciação genética de TCA.



9
 10 **Figura 1.9.** Modelos mostrando os efeitos da heterogeneidade no (A) diâmetro transversal da semente (DTS,
 11 $wAICc= 0.86$, $p_{(CONN)} = 0.03$) e (B) porcentagem de emergência (PEM, ($wAICc= 0.24$, $p_{(CONN)} = 0.04$) de
 12 *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.

13
 14 **Tabela 1.9.** Diferenciação genética quantitativa par-a-par (P_{ST}) estimada para os pares de sítios inseridos em
 15 cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. **DLS**= diâmetro longitudinal da semente; **DTS**=
 16 diâmetro transversal da semente; **MS**= massa da semente; **P1**= Paisagem 1; **P2**= Paisagem 2; **P3**= Paisagem 3;
 17 **P4**= Paisagem 4; **P5**= Paisagem 5.

Caractere	P1	P2	P3	P4	P5
DLS	-0.0328	-0.0637	0.1046	0.0078	-0.0375
DTS	-0.0432	-0.0687	0.0364	0.0852	-0.0300
MS	-0.0407	-0.0090	-0.0190	-0.0313	-0.0327

1 **Tabela 1.80.** Diferenciação genética quantitativa par-a-par (Q_{ST}) estimada para os pares de sítios amostrados
 2 dentro das cinco paisagens selecionadas no estado de Goiás, Brasil. Os caracteres quantitativos foram medidos
 3 em plântulas de *C. brasiliense* provenientes de experimento em casa de vegetação. **TEM**= tempo de
 4 emergência; **PEM**= porcentagem de emergência; **ALTI**= altura inicial; **ALTF**= altura final; **TCA**= taxa de
 5 crescimento da altura; **DAI**= diâmetro inicial; **DAF**= diâmetro final; **TCD**= taxa de crescimento do diâmetro;
 6 **NF**= número de folhas; **CF**= comprimento foliar; **LF**= largura foliar; **MSR**= massa seca da raiz; **MVR**= massa
 7 verde da raiz; **CR**= comprimento da raiz; **MAS**= massa seca da parte aérea; **MVA**= massa verde da parte
 8 aérea; **CPA**= comprimento da parte aérea; **P1**= Paisagem 1; **P2**= Paisagem 2; **P3**= Paisagem 3; **P4**= Paisagem
 9 4; **P5**= Paisagem 5.

Caractere	P1	P2	P3	P4	P5
TEM	-0.029	-0.016	-0.086	0.728	-0.023
PEM	-0.017	-0.018	-0.007	-0.010	-0.017
ALTI	0.112	-0.046	-0.101	-0.043	-0.030
ALTF	-0.069	-0.057	0.686	-0.071	0.055
TCA	-0.035	-0.113	-0.108	-0.057	0.216
DAI	-0.054	-0.110	-0.112	0.077	0.109
DAF	-0.030	-0.049	0.000	0.077	0.084
TCD	-0.047	-0.051	-0.110	-0.011	0.083
NF	0.056	-0.080	-0.101	0.000	-0.035
CF	-0.061	-0.046	-0.242	0.034	0.171
LF	0.244	0.014	-0.142	-0.023	0.000
MSR	-0.107	0.266	0.000	0.034	-0.046
MVR	-0.064	-0.049	0.418	-0.037	-0.057
CR	-0.137	0.096	-0.031	-0.037	-0.006
MAS	-0.035	0.114	-0.151	-0.042	0.117
MVA	0.000	-0.109	-0.112	-0.042	0.154
CPA	-0.117	0.162	0.072	-0.021	0.080

10

11 **Tabela 1.91.** Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de *link* mostrando a relação da quantidade de
 12 habitat (PLAND) e heterogeneidade (SHDI) com diferenciação genética quantitativa estimada para caracteres
 13 de *C. brasiliense* em pares de sítios amostrais em cinco paisagens no estado de Goiás, Brasil.

Escala	Variável resposta	Modelo	Sigla	$\Delta AICc$	wAICc	p	R ²
2km	Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	0.00	0.81	0.03*	0.89
4km	Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	0.70	0.41	0.02*	0.90
		SHDI	M2	0.00	0.59	0.04*	0.90
6km	Taxa de crescimento em diâmetro	PLAND	M1	0.00	0.97	0.05*	0.87
	Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	0.00	0.83	0.02*	0.90
	Taxa de crescimento em diâmetro	PLAND	M1	0.00	0.96	0.05*	0.88

14

6.DISCUSSÃO

A conectividade funcional foi a variável de paisagem que teve a maior influência na variabilidade genética quantitativa de *Caryocar brasiliense*. Já a diferenciação genética quantitativa da espécie foi afetada principalmente pela quantidade de habitat. Esses resultados corroboram a hipótese de que a estrutura da paisagem afeta a variabilidade e diferenciação genética quantitativa de *C. brasiliense*, principalmente por meio do fluxo de pólen e sementes entre as manchas de habitat remanescentes. O tamanho efetivo populacional (N_e) também foi um fator que influenciou alguns dos caracteres quantitativos, o que, juntamente com os baixos valores de herdabilidade, apontam indícios da ação de seleção natural em caracteres como comprimento da raiz e massa verde da raiz.

A estratégia de polinização e a disponibilidade de doadores de pólen, influenciados pela conectividade funcional podem afetar a produção de sementes de *C. brasiliense*. No pequi, grande parte das sementes provenientes de autofecundação são abortadas (Collevatti *et al.* 2009; seleção¹ na Figura 1.10), o que pode influenciar o investimento parental, gerando variação no tamanho e peso das sementes (e.g., Labouche *et al.*, 2017). Além disso, como a endogamia afeta o aborto de sementes em pequi (Collevatti *et al.*, 2009), a estratégia de polinização da planta também pode interferir na quantidade final e possível tamanho das sementes. O principal polinizador do pequi, *Glossophaga soricina*, é uma espécie de morcego de ampla distribuição que ocupa uma ampla variedade de habitats. *Glossophaga soricina* tem um comportamento versátil dependendo da disponibilidade de recurso uma vez que seu hábito de forrageamento é influenciado pela disponibilidade de néctar na flor (Lemke, 1984; Aguiar *et al.*, 2014). Dependendo da quantidade de árvores e de flores disponíveis nas árvores de pequi, ele pode ter um comportamento territorial, em grupo ou solitário em linhas de captura (Lemke, 1984; Gribel & Hay, 1993, Material Suplementar Figura S1). Diferentes quantidades de indivíduos e a estratégia de floração destes indivíduos em diferentes fragmentos alteram a disponibilidade de possíveis doadores de pólen e afetam o

1 comportamento do polinizador, o que pode alterar a variabilidade genética e a variação na massa das
2 sementes, aumentando a variação em áreas mais conectadas. Quanto maior a área de savana
3 conectada, maior o movimento dos animais entre os fragmentos. A maior movimentação de *G.*
4 *soricina* pode aumentar o número de doadores de pólen e aumentar a chance de polinização cruzada.

5 O tamanho efetivo populacional (N_e) também foi um importante fator que afetou alguns dos
6 caracteres quantitativos. Ao contrário do esperado, a variação fenotípica dos caracteres foi menor em
7 populações com maior tamanho efetivo. Espera-se que a redução do tamanho da área de habitat e do
8 fluxo entre os remanescentes diminuam o tamanho efetivo populacional, o que tornaria as populações
9 pequenas mais susceptíveis à deriva genética e à endogamia (Cheptou et al., 2017). O aumento na
10 endogamia pode levar as populações à depressão endogâmica, o que reduziria sua aptidão (Cheptou et
11 al., 2017). Entretanto, obtivemos uma diminuição da variação observada em alguns caracteres nas
12 populações maiores, o que pode ser um indicativo da ação de seleção natural.

13 Na fase de plântulas e juvenis, a probabilidade de morte é maior em indivíduos com menor
14 proporção de locos heterozigotos e a taxa de mortalidade é maior em indivíduos espacialmente
15 próximos, que são mais aparentados entre si devido a dispersão limitada de suas sementes (seleção²
16 na Figura 1.10, Collevatti & Hay 2011). Os indivíduos que germinam e conseguem passar por estes
17 dois filtros passam por pressões de seleção para caracteres relacionados a adaptações ambientais
18 (seleção³ na Figura 1.10), diminuindo a variação destes caracteres. Essa pressão de seleção é maior
19 em populações com maior tamanho efetivo, devido ao efeito do balanço seleção-deriva (Willi et al.,
20 2006; Frankham et al., 2008). Espécies de plantas de savana desenvolveram uma série de estratégias,
21 e.g. a casca grossa e áspera e raízes profundas, para tolerar o estresse hídrico em épocas de seca, a
22 baixa disponibilidade de nutrientes, as altas temperaturas e, principalmente, o fogo frequente
23 (Hoffmann, 2000; Oliveira and Marquis, 2002; Hoffmann et al., 2004; Scariot et al., 2005). Essas
24 estratégias, sobretudo nos estágios iniciais de desenvolvimento das plantas, que é um dos estágios

1 mais vulneráveis do seu ciclo de vida (Kitajima and Fenner, 2000), são extremamente importantes
2 para a sobrevivência e persistência dos indivíduos na savana (Hoffmann et al., 2004).

3 As plântulas de savana apresentam um alto investimento no crescimento rápido do sistema
4 radicular para alcançar as reservas de água no subsolo e como órgão de reserva para permitir a rebrota
5 após distúrbios como as queimadas (Hoffmann, 2000; Hoffmann and Franco, 2003; Hoffmann et al.,
6 2004). Isso limita a acumulação de biomassa na parte aérea, o que faz com que a razão raiz:parte
7 aérea de espécies do Cerrado chegue a ser 82% maior que espécies de florestas (Hoffmann and
8 Franco, 2003). As plantas de savanas também investem mais no diâmetro caulinar, pois a casca
9 grossa confere proteção às altas temperaturas (Hoffmann et al., 2003, 2009). As características da
10 folha também podem influenciar as respostas das plantas a deficiência hídrica das savanas, além de
11 ser responsável pela absorção de luz e taxas de fotossíntese. Devido a importância na sobrevivência
12 das plântulas, caracteres relacionados a estas adaptações podem passar por maior pressão de seleção,
13 no caso seleção estabilizadora, e, portanto, não apresentar grande variação (Houle, 1992). Desta
14 forma, a menor variação observada para *C. brasiliense* em caracteres como o comprimento e massa
15 verde da raiz em sítios com maior tamanho efetivo pode ser devido ao maior efeito de seleção em
16 populações maiores. Do mesmo modo, a conectividade funcional também diminuiu a variação no
17 comprimento e largura foliar. Populações mais conectadas podem agir como metapopulações,
18 aumentando o tamanho populacional. Deste modo, o efeito de seleção pode ser maior em áreas mais
19 conectadas.

20 A baixa herdabilidade de alguns caracteres também corrobora com a suposição de efeito de
21 seleção nas populações analisadas. O comprimento da raiz apresentou herdabilidade e variação
22 genética igual a zero, e a largura foliar apresentou valores muito pequenos destes dois parâmetros.
23 Entre algumas das razões pelas quais a seleção diminui a herdabilidade é que a seleção diminui a
24 variação do carácter na população e o tamanho efetivo populacional, uma vez que ela diminui o

1 número de indivíduos que se reproduzem e aumenta a variação no sucesso reprodutivo (Willi et al.,
2 2006).

3 A heterogeneidade atuou apenas sobre dois caracteres. Apesar de ser um fator importante para
4 a presença dos diversos dispersores de *C. brasiliense*, para que o fluxo genético entre as populações
5 seja efetivo, as sementes dispersas precisam se estabelecer no local. Desta forma, a conectividade
6 funcional entre manchas de savana, que é o habitat do pequi, se mostrou uma variável mais
7 importante que a heterogeneidade para determinar os padrões de variabilidade genética quantitativa.

8

9 **7. CONCLUSÃO**

10 A herdabilidade de *C. brasiliense* nos sítios foi baixa para a maioria dos caracteres estudados,
11 mostrando que existe um forte componente ambiental influenciando a variabilidade fenotípica nestes
12 sítios. Entretanto, *C. brasiliense* ainda conserva uma alta variabilidade genética, demonstrada pelos
13 altos valores do coeficiente de variação genética observados, o que indica que, apesar da baixa
14 herdabilidade, esta espécie ainda possui potencial para evolução. A conectividade funcional se
15 mostrou uma variável importante para a variabilidade genética quantitativa, indicando que o fluxo de
16 polinizadores e dispersores é um processo importante para manutenção da diversidade genética de *C.*
17 *brasiliense*.

18

19

20

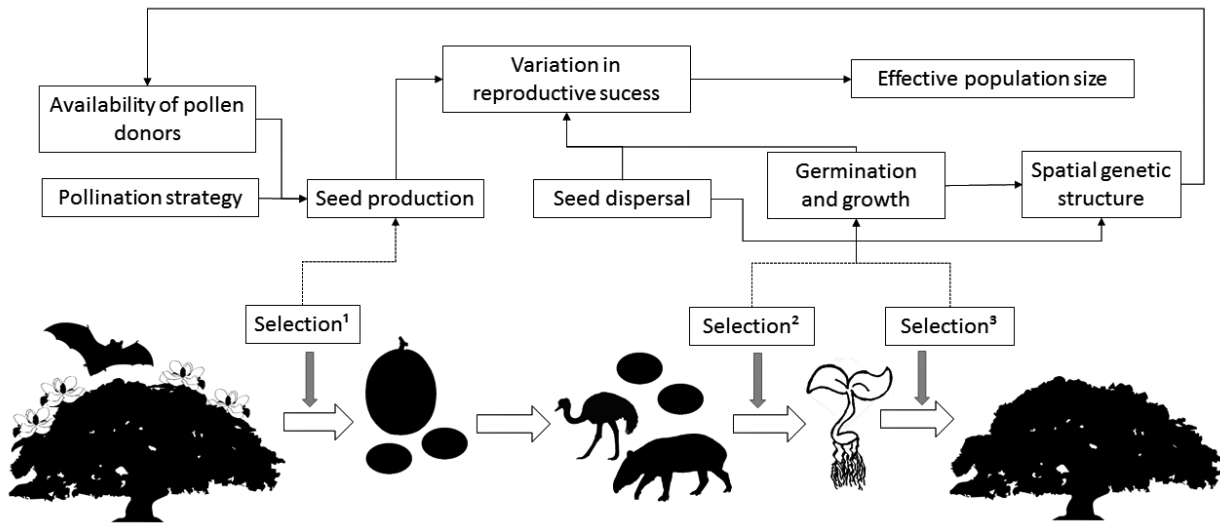
21

22

23

24

25



1

2 **Figura 1.10.** Modelo dos efeitos do fluxo gênico e seleção na diversidade genética de *Caryocar*
 3 *brasiliense*. Selection¹= aborto de sementes provenientes de autofecundação; Selection²= representa a
 4 maior taxa de mortalidade em indivíduos espacialmente próximos; Selection³= pressões de seleção
 5 relacionadas a adaptações ambientais.

6

7 **8.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

8 Aguiar, L.M.S., Bernard, E., Machado, R.B., 2014. Habitat use and movements of *Glossophaga*
 9 *soricina* and *Lonchophylla dekeyseri* (Chiroptera: Phyllostomidae) in a Neotropical savannah.
 10 *Zool. Curitiba* 31, 223–229. <https://doi.org/10.1590/S1984-46702014000300003>

11 Aguiar, R., Ashworth, L., Galetto, L., Aizen, M.A., 2006. Plant reproductive susceptibility to habitat
 12 fragmentation: review and synthesis through a meta-analysis. *Ecol. Lett.* 9, 968–980.
 13 <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00927.x>

14 Bekessy, S.A., Ennos, R.A., Burgman, M.A., Newton, A.C., Ades, P.K., 2003. Neutral DNA markers
 15 fail to detect genetic divergence in an ecologically important trait. *Biol. Conserv.* 110, 267–
 16 275. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(02\)00225-2](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(02)00225-2)

1 Bolker, B. and R Development Core Team. 2014. *bbmle*: Tools for general maximum
2 likelihood estimation. R package version 1.0.5.2 [http://CRAN.R-project.org/package =](http://CRAN.R-project.org/package=bbmle)
3 *bbmle*.

4 Boulding, E.G., Hay, T., 2001. Genetic and demographic parameters determining population
5 persistence after a discrete change in the environment. *Heredity* 86, 313.
6 <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.2001.00829.x>

7 Burnham, K.P., Anderson, D.R., 2002. *Model selection and multimodel inference: a practical*
8 *information-theoretic approach*, 2nd ed. ed. Springer, New York.

9 Butchart, S.H.M., Walpole, M., Collen, B., van Strien, A., Scharlemann, J.P.W., Almond, R.E.A.,
10 Baillie, J.E.M., Bomhard, B., Brown, C., Bruno, J., Carpenter, K.E., Carr, G.M., Chanson, J.,
11 Chenery, A.M., Csirke, J., Davidson, N.C., Dentener, F., Foster, M., Galli, A., Galloway, J.N.,
12 Genovesi, P., Gregory, R.D., Hockings, M., Kapos, V., Lamarque, J.-F., Leverington, F., Loh,
13 J., McGeoch, M.A., McRae, L., Minasyan, A., Morcillo, M.H., Oldfield, T.E.E., Pauly, D.,
14 Quader, S., Revenga, C., Sauer, J.R., Skolnik, B., Spear, D., Stanwell-Smith, D., Stuart, S.N.,
15 Symes, A., Tierney, M., Tyrrell, T.D., Vie, J.-C., Watson, R., 2010. Global Biodiversity:
16 Indicators of Recent Declines. *Science* 328, 1164–1168.
17 <https://doi.org/10.1126/science.1187512>

18 Carvajal-Rodríguez, A., Rolán-Alvarez, E., Caballero, A., 2005. Quantitative variation as a tool for
19 detecting human-induced impacts on genetic diversity. *Biol. Conserv.* 124, 1–13.
20 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2004.12.008>

21 Collevatti, R. G., Estolano, R., Garcia, S.F., Hay, J.D., 2010a. Short-distance pollen dispersal and
22 high self-pollination in a bat-pollinated neotropical tree. *Tree Genet. Genomes* 6, 555–564.
23 <https://doi.org/10.1007/s11295-010-0271-4>

- 1 Collevatti, R. G., Lima, J.S., Soares, T.N., Telles, M.P. de C., 2010b. Spatial Genetic Structure and
2 Life History Traits in Cerrado Tree Species: Inferences for Conservation. *Nat. Conserv.* 08,
3 54–59. <https://doi.org/10.4322/natcon.00801008>
- 4 Collevatti, R.G., Estolano, R., Garcia, S.F., Hay, J.D., 2009. Seed abortion in the bat pollinated
5 Neotropical tree species, *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae). *Botany* 87, 1110–1115.
6 <https://doi.org/10.1139/B09-054>
- 7 Collevatti, R.G., Hay, J.D., 2011. Kin structure and genotype-dependent mortality: a study using the
8 neotropical tree *Caryocar brasiliense*: Kin structure and genotype-dependent mortality. *J.*
9 *Ecol.* 99, 757–763. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2745.2011.01796.x>
- 10 Cramer, J.M., Mesquita, R.C.G., Bentos, T.V., Moser, B., Williamson, G.B., 2007. Forest
11 Fragmentation Reduces Seed Dispersal of *Duckeodendron cestroides*, a Central Amazon
12 Endemic. *Biotropica* 39, 709–718. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2007.00317.x>
- 13 Crawford, K., Whitney, K.D., 2010. Population genetic diversity influences colonization success.
14 *Mol. Ecol.* 19, 1253–1263.
- 15 Do, C., Waples, R.S., Peel, D., Macbeth, G.M., Tillett, B.J., Ovenden, J.R., 2014. NeEstimator v2: re-
16 implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e)
17 from genetic data. *Mol. Ecol. Resour.* 14, 209–214. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157>
- 18 Fahrig, L., 2017. Ecological Responses to Habitat Fragmentation Per Se. *Annu. Rev. Ecol. Evol.*
19 *Syst.* 48, 1–23. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022612>
- 20 Fahrig, L., 2003. Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 34,
21 487–515. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132419>
- 22 Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 2009. Introduction to quantitative genetics, 4. ed., [16. print.]. ed.
23 Pearson, Prentice Hall, Harlow.

- 1 Foley, J.A., 2005. Global Consequences of Land Use. *Science* 309, 570–574.
2 <https://doi.org/10.1126/science.1111772>
- 3 Fontúrbel, F.E., Candia, A.B., Malebrán, J., Salazar, D.A., González-Browne, C., Medel, R., 2015.
4 Meta-analysis of anthropogenic habitat disturbance effects on animal-mediated seed dispersal.
5 *Glob. Change Biol.* 21, 3951–3960. <https://doi.org/10.1111/gcb.13025>
- 6 Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A., 2008. *Fundamentos de Genética da Conservação*, 1st ed.
7 SBG (Sociedade Brasileira de Genética), Ribeirão Preto, SP.
- 8 Galetti, M., Donatti, C.I., Pires, A.S., Guimarães, P.R., Jordano, P., 2006. Seed survival and dispersal
9 of an endemic Atlantic forest palm: the combined effects of defaunation and forest
10 fragmentation. *Bot. J. Linn. Soc.* 151, 141–149. [https://doi.org/10.1111/j.1095-](https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.2006.00529.x)
11 [8339.2006.00529.x](https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.2006.00529.x)
- 12 Guerrant E. O., Havens K., Maunder M., eds. 2004. *Ex Situ Plant Conservation: Supporting Species*
13 *Survival in the Wild*. Washington (DC): Island Press.
- 14 Ghazoul, J., McLeish, M., 2001. Reproductive ecology of tropical forest trees in logged and
15 fragmented habitats in Thailand and Costa Rica. *Trop. For. Canopies Ecol. Manag.* 69, 335–
16 345. https://doi.org/10.1007/978-94-017-3606-0_27
- 17 Gribel, R., Hay, J.D., 1993. Pollination ecology of *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae) in Central
18 Brazil cerrado vegetation. *J. Trop. Ecol.* 9, 199–211.
19 <https://doi.org/10.1017/S0266467400007173>
- 20 Hoffmann, W.A., 2000. Post-Establishment Seedling Success in the Brazilian Cerrado: A
21 Comparison of Savanna and Forest Species¹. *Biotropica* 32, 62–69.
22 <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2000.tb00448.x>

- 1 Hoffmann, W.A., Adasme, R., Haridasan, M., T. de Carvalho, M., Geiger, E.L., Pereira, M.A.B.,
2 Gotsch, S.G., Franco, A.C., 2009. Tree topkill, not mortality, governs the dynamics of
3 savanna–forest boundaries under frequent fire in central Brazil. *Ecology* 90, 1326–1337.
4 <https://doi.org/10.1890/08-0741.1>
- 5 Hoffmann, W.A., Franco, A.C., 2003. Comparative growth analysis of tropical forest and savanna
6 woody plants using phylogenetically independent contrasts. *J. Ecol.* 10.
- 7 Hoffmann, W.A., Orthen, B., Franco, A.C., 2004. Constraints to seedling success of savanna and
8 forest trees across the savanna-forest boundary. *Oecologia* 140, 252–260.
9 <https://doi.org/10.1007/s00442-004-1595-2>
- 10 Hoffmann, W.A., Orthen, B., Kielse, P., Nascimento, V.D., 2003. Comparative fire ecology of
11 tropical savanna and forest trees. *Functional Ecology* 17, 720-726.
- 12 Houle, D., 1992. Comparing Evolvability and Variability of Quantitative Traits. *Genetics* 130, 195-
13 204.
- 14 Keller, L., Waller, D.M., 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends Ecol. Evol.* 17, 230–
15 241. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)02489-8](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)02489-8)
- 16 Kitajima, K., Fenner, M., 2000. Ecology of seedling regeneration, in: Fenner, M. (Ed.), *Seeds: The*
17 *Ecology of Regeneration in Plant Communities*. CABI, Wallingford, pp. 331–359.
18 <https://doi.org/10.1079/9780851994321.0331>
- 19 Klink, C.A., Machado, R.B., 2005. Conservation of the Brazilian Cerrado. *Conserv. Biol.* 19, 707–
20 713. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2005.00702.x>
- 21 Labouche, A.-M., Richards, S.A., Pannell, J.R., 2017. Effects of pollination intensity on offspring
22 number and quality in a wind-pollinated herb. *J. Ecol.* 105, 197–208.
23 <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12659>

1 Leinonen, T., Cano, J.M., MäKinen, H., Merilä, J., 2006. Contrasting patterns of body shape and
2 neutral genetic divergence in marine and lake populations of threespine sticklebacks. *J. Evol.*
3 *Biol.* 19, 1803–1812. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2006.01182.x>

4 Leinonen, T., O’Hara, R.B., Cano, J.M., Merilä, J., 2008. Comparative studies of quantitative trait
5 and neutral marker divergence: a meta-analysis: $Q_{ST} - F_{ST}$ meta-analysis. *J. Evol. Biol.* 21,
6 1–17. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2007.01445.x>

7 Lemke, T.O., 1984. Foraging Ecology of the Long-Nosed Bat, *Glossophaga Soricina*, With
8 Markl, J.S., Schleuning, M., Forget, P.M., Jordano, P., Lambert, J.E., Traveset, A., Wright, S.J.,
9 Böhning-Gaese, K., 2012. Meta-Analysis of the Effects of Human Disturbance on Seed
10 Dispersal by Animals: Human Effects on Animal Seed Dispersal. *Conserv. Biol.* 26, 1072–
11 1081. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2012.01927.x>

12 Melo, F.P.L., Martínez-Salas, E., Benítez-Malvido, J., Ceballos, G., 2010. Forest fragmentation
13 reduces recruitment of large-seeded tree species in a semi-deciduous tropical forest of
14 southern Mexico. *J. Trop. Ecol.* 26, 35–43. <https://doi.org/10.1017/S0266467409990435>

15 Mousadik, A.E., Petit, R.J., 1996. High level of genetic differentiation for allelic richness among
16 populations of the argan tree (*Argania spinosa* (L.) Skeels) endemic to Morocco. *Theor. Appl.*
17 *Genet.* 92, 832–839.

18 Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of
19 individuals. *Genetics* 89, 583–590.

20 Oliveira, P.S., Marquis, R.J. (Eds.), 2002. The cerrados of Brazil: ecology and natural history of a
21 neotropical savanna. Columbia University Press, New York.

22 R Development Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing
23 (R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria). www.R-project.org/. 2017.

- 1 Reed, D.H., Frankham, R., 2001. How closely correlated are molecular and quantitative measures of
2 genetic variation? A meta-analysis. *Evolution* 55, 1095–1103.
- 3 Rodríguez-Cabal, M.A., Aizen, M.A., Novaro, A.J., 2007. Habitat fragmentation disrupts a plant-
4 disperser mutualism in the temperate forest of South America. *Biol. Conserv.* 139, 195–202.
5 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2007.06.014>
- 6 Roff, D.A., 1997. *Evolutionary quantitative genetics*. Chapman & Hall, New York.
- 7 Sæther, B.-E., Engen, S., Møller, A.P., Visser, M.E., Matthysen, E., Fiedler, W., Lambrechts, M.M.,
8 Becker, P.H., Brommer, J.E., Dickinson, J., du Feu, C., Gehlbach, F.R., Merilä, J., Rendell,
9 W., Robertson, R.J., Thomson, D., Török, J., 2005. TIME TO EXTINCTION OF BIRD
10 POPULATIONS. *Ecology* 86, 693–700. <https://doi.org/10.1890/04-0878>
- 11 Sano, E.E., Rosa, R., Brito, J.L.S., Ferreira, L.G., 2010. Land cover mapping of the tropical savanna
12 region in Brazil. *Environ. Monit. Assess.* 166, 113–124. [https://doi.org/10.1007/s10661-009-](https://doi.org/10.1007/s10661-009-0988-4)
13 [0988-4](https://doi.org/10.1007/s10661-009-0988-4)
- 14 Scariot, A., Sousa-Silva, J.C., Felfili, J.M., 2005. *Cerrado: Ecologia, biodiversidade e Conservação*,
15 1o. ed. Ministério do Meio Ambiente, Brasília.
- 16 Sebbenn, A.M., Kageyama, P.Y., Machado, J.A.R., 1998. Parâmetros genéticos na conservação da
17 cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão Genetic Parameters in the Conservation of
18 Cabreuva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. *Sci. For.* 53, 31–38.
- 19 Silva, J.F., Farinas, M.R., Felfili, J.M., Klink, C.A., 2006. Spatial heterogeneity, land use and
20 conservation in the cerrado region of Brazil. *J. Biogeogr.* 33, 536–548.
21 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2005.01422.x>
- 22 Spitze, K., 1993. Population Structure in *Daphnia obtusa*: Quantitative Genetic and Allozymic
23 Variation. *Genetics* 135, 367–374.

1 Strassburg, B.B.N., Brooks, T., Feltran-Barbieri, R., Iribarrem, A., Crouzeilles, R., Loyola, R.,
2 Latawiec, A.E., Oliveira Filho, F.J.B., Scaramuzza, C.A. de M., Scarano, F.R., Soares-Filho,
3 B., Balmford, A., 2017. Moment of truth for the Cerrado hotspot. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 0099.
4 <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0099>

5 Taki, H., Kevan, P.G., Ascher, J.S., 2007. Landscape effects of forest loss in a pollination system.
6 *Landsc. Ecol.* 22, 1575–1587. <https://doi.org/10.1007/s10980-007-9153-z>

7 Taylor, P.D., Fahrig, L., Henein, K., Merriam, G., 1993. Connectivity Is a Vital Element of
8 Landscape Structure. *Oikos* 68, 571. <https://doi.org/10.2307/3544927>

9 Thompson, P.L., Rayfield, B., Gonzalez, A., 2017. Loss of habitat and connectivity erodes species
10 diversity, ecosystem functioning, and stability in metacommunity networks. *Ecography* 40,
11 98–108. <https://doi.org/10.1111/ecog.02558>

12 Uriarte, M., Anciães, M., da Silva, M.T.B., Rubim, P., Johnson, E., Bruna, E.M., 2011. Disentangling
13 the drivers of reduced long-distance seed dispersal by birds in an experimentally fragmented
14 landscape. *Ecology* 92, 924–937. <https://doi.org/10.1890/10-0709.1>

15 Uriarte, M., Bruna, E.M., Rubim, P., Anciães, M., Jonckheere, I., 2010. Effects of forest
16 fragmentation on the seedling recruitment of a tropical herb: assessing seed vs. safe-site
17 limitation. *Ecology* 91, 1317–1328. <https://doi.org/10.1890/09-0785.1>

18 Valdivia, C.E., Simonetti, J.A., Henríquez, C.A., 2006. Depressed Pollination of *Lapageria rosea*
19 Ruiz et Pav. (Philesiaceae) in the Fragmented Temperate Rainforest of Southern South
20 America. *Biodivers. Conserv.* 15, 1845–1856. <https://doi.org/10.1007/s10531-004-6683-4>

21 Vieira, R.F., Costa, T. da S.A., Silva, D.B., Ferreira, F.R., Sano, S.M., 2006. Frutas Nativas da
22 Região Centro-Oeste do Brasil, 1a Edição. ed. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia,
23 Brasília.

- 1 Wagner, H.H., Fortin, M.-J., 2013. A conceptual framework for the spatial analysis of landscape
2 genetic data. *Conserv. Genet.* 14, 253–261. <https://doi.org/10.1007/s10592-012-0391-5>
- 3 Willi, Y., Van Buskirk, J., Hoffmann, A.A., 2006. Limits to the Adaptive Potential of Small
4 Populations. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 37, 433–458.
5 <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.37.091305.110145>
- 6 Wood, S. 2014. mgcv: GAMs with GCV/AIC/REML smoothness estimation and GAMMs by
7 PQL. Available from <http://cran.r-project.org/web/packages/mgcv/>
- 8 Wright, S., 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics* 16, 97–159.
- 9 Young, A., Boyle, T., Brown, T., 1996. The population genetic consequences of habitat
10 fragmentation for plants. *Trends Ecol. Evol.* 11, 413–418. <https://doi.org/10.1016/0169->
11 [5347\(96\)10045-8](https://doi.org/10.1016/0169-5347(96)10045-8)
- 12 Zardo, R.N., Henriques, R.P.B., 2011. Growth and fruit production of the tree *Caryocar brasiliense* in
13 the Cerrado of central Brazil. *Agrofor. Syst.* 82, 15–23. <https://doi.org/10.1007/s10457-011->
14 [9380-9](https://doi.org/10.1007/s10457-011-9380-9)
- 15 Zuur, A.F., Ieno, E.N., Walker, N.J., Saveliev, A.A., Simth, G.M. (Eds.), 2009. Mixed effects models
16 and extensions in ecology with R, Statistics for biology and health. Springer, New York, NY.

1 **9.MATERIAL SUPLEMENTAR**

2

3 **Tabela S1.** Correlação de Pearson entre as variáveis preditoras calculadas para análise a nível de nó
 4 (*buffer* de 500m) e análise à nível de *link* (*buffers* de 2km, 4km e 6km) em 10 sítios inseridos em
 5 cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. PLAND= quantidade de habitat; FI=
 6 isolamento funcional; CONN= conectividade funcional; LPI= índice da maior mancha; PR= riqueza
 7 de classes; PRD= densidade da diversidade de classes. SHDI= índice de diversidade de Shannon;
 8 SIDI = índice de diversidade de Simpson; SHEI = índice de equabilidade de Shannon; SIEI= índice
 9 de equabilidade de Simpson. Métricas selecionadas para o presente estudo foram: PLAND, CONN e
 10 SHDI para análise a nível de nó e PLAND e SHDI para análises a nível de *link*. Valores abaixo da
 11 diagonal são os coeficientes de correlação (R^2) e os valores de p estão acima da diagonal. * $p < 0.05$.

12

Escala	PLAND	FI	CONN	LPI	PR	PRD	SHDI	SIDI	SHEI	SIEI
500m	PLAND	0.003*	0.547	0.517	0.009*	0.001*	0.771	0.660	0.148	0.413
	-0.827	FI	0.022*	0.063	0.014*	0.042*	0.249	0.137	0.009*	0.045*
	-0.217	0.707	CONN	0.060	0.199	0.923	0.188	0.090	0.033*	0.037*
	0.233	-0.606	-0.612	LPI	0.918	0.367	0.003*	0.000*	0.002*	0.000*
	0.766	-0.743	-0.444	0.038	PR	0.268	0.428	0.648	0.565	0.973
	-0.871	0.650	-0.035	-0.320	-0.388	PRD	0.373	0.377	0.130	0.289
	-0.106	0.403	0.454	-0.837	0.283	0.316	SHDI	0.000*	0.000*	0.000*
	-0.159	0.504	0.563	-0.909	0.165	0.314	0.986	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.124	0.499	0.628	-0.872	0.156	0.239	0.977	0.991	0.000*	0.000*
	-0.493	0.772	0.673	-0.855	-0.207	0.512	0.878	0.919	SHEI	0.000*
-0.292	0.642	0.662	-0.921	-0.012	0.372	0.948	0.984	0.969	SIEI	
-0.360	0.724	0.763	-0.881	-0.159	0.349	0.885	0.936	0.982	0.982	
2km	PLAND	0.005*	0.03*	0.014*	0.057	0.057	0.120	0.108	0.105	0.103
	-0.973	FI	0.013*	0.053	0.126	0.126	0.258	0.234	0.233	0.226
	0.914	-0.950	CONN	0.044*	0.090	0.090	0.242	0.209	0.214	0.201
	0.947	-0.874	0.888	LPI	0.011*	0.011*	0.032*	0.026*	0.023*	0.023*
	-0.867	0.772	-0.819	-0.955	PR	0.000*	0.013*	0.007*	0.012*	0.007*
	-0.867	0.772	-0.819	-0.955	1.000	PRD	0.013*	0.007*	0.012*	0.007*
	-0.779	0.627	-0.643	-0.910	0.951	0.951	SHDI	0.000*	0.000*	0.000*
	-0.795	0.651	-0.678	-0.923	0.967	0.967	0.998	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.687	0.512	-0.535	-0.845	0.909	0.909	0.990	0.984	0.003*	0.003*
	-0.799	0.652	-0.672	-0.928	0.954	0.954	0.998	0.997	SHEI	0.003*
-0.801	0.659	-0.686	-0.928	0.968	0.968	0.998	1.000	0.998	SIEI	
-0.705	0.534	-0.559	-0.863	0.914	0.914	0.993	0.986	0.989	0.985	

4km	PLAND	0.003*	0.005*	0.042*	0.014*	0.015*	0.054	0.053	0.048*	0.052
	-0.980	FI	0.000*	0.039*	0.003*	0.003*	0.042*	0.049*	0.043*	0.049*
	0.976	-0.998	CONN	0.052	0.006*	0.006*	0.059	0.067	0.059	0.068
	0.891	-0.897	0.875	LPI	0.017*	0.017*	0.003*	0.001*	0.001*	0.001*
	-0.947	0.982	-0.970	-0.941	PR	0.000*	0.012*	0.018*	0.015*	0.019*
	-0.947	0.982	-0.970	-0.941	1.000	PRD	0.012*	0.018*	0.015*	0.019*
	-0.872	0.891	-0.863	-0.983	0.953	0.953	SHDI	0.000*	0.000*	0.000*
	-0.873	0.880	-0.851	-0.989	0.939	0.939	0.997	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.788	0.799	-0.762	-0.963	0.885	0.885	0.984	0.987	0.003*	0.002*
	-0.882	0.891	-0.863	-0.992	0.946	0.946	0.998	1.000	SHEI	0.000*
	-0.875	0.879	-0.850	-0.990	0.937	0.937	0.996	1.000	0.999	SIEI
-0.797	0.797	-0.761	-0.969	0.877	0.877	0.980	0.988	0.984	0.988	
6km	PLAND	0.00*	0.003*	0.034*	0.288	0.288	0.110	0.097	0.086	0.092
	-0.990	FI	0.004*	0.014*	0.382	0.383	0.081	0.079	0.063	0.075
	0.982	-0.976	CONN	0.060	0.247	0.248	0.183	0.173	0.152	0.166
	0.906	-0.948	0.862	LPI	0.725	0.726	0.013*	0.019*	0.009*	0.018*
	0.597	-0.508	0.637	0.217	PR	0.000*	0.990	0.922	0.913	0.904
	0.597	-0.508	0.637	0.217	1.000	PRD	0.988	0.920	0.911	0.902
	-0.792	0.831	-0.706	-0.951	-0.008	-0.010	SHDI	0.001*	0.000*	0.001*
	-0.809	0.834	-0.717	-0.937	-0.061	-0.063	0.994	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.720	0.751	-0.617	-0.891	0.070	0.068	0.987	0.990	0.003*	0.002*
	-0.825	0.858	-0.741	-0.960	-0.068	-0.070	0.998	0.996	SHEI	0.000*
	-0.816	0.839	-0.725	-0.938	-0.075	-0.077	0.993	1.000	0.996	SIEI
-0.744	0.769	-0.640	-0.898	0.028	0.025	0.987	0.994	0.985	0.993	

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12

1 **Tabela S2_** Estimativas de média e da variação de tamanho e peso de sementes de *C. brasiliense*. As
 2 sementes foram coletadas em 10 sítios amostrais com presença de savana em regiões próximas à cidade
 3 de Goiânia, Goiás, Brasil. **N**= número de sementes medidas; **DLS**= diâmetro longitudinal da semente
 4 (mm); **DTS**= diâmetro transversal da semente (mm); **MS** = massa da semente (g); **CV**= coeficiente de
 5 variação (%).

Sítio	N	DLS			DTS			MS		
		Média	Var	CV	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	250	34.833	9.928	9.046	21.756	6.157	11.405	9.563	6.663	26.992
P1F2	215	32.501	12.533	10.893	20.465	6.689	12.638	7.495	5.215	30.468
P2F3	240	33.067	11.890	10.428	21.180	3.534	8.876	8.373	5.392	27.732
P2F4	245	33.222	11.979	10.418	20.398	5.983	11.992	7.817	6.790	33.336
P3F5	340	31.172	15.527	12.641	20.227	6.330	12.439	6.826	6.318	36.823
P3F6	66	30.239	15.755	13.126	19.847	8.996	15.113	7.311	9.593	42.367
P4F7	299	32.914	14.820	11.696	20.377	6.983	12.968	7.108	5.501	32.997
P4F8	285	33.377	9.475	9.222	20.393	5.954	11.965	7.467	4.064	26.996
P5F9	314	32.473	11.634	10.503	20.368	5.117	11.106	6.759	6.191	36.814
P5F10	306	32.297	16.237	12.477	20.395	7.146	13.107	6.124	3.989	32.616
Geral	2560	32.734	13.893	11.387	20.566	6.300	12.204	7.414	6.503	34.396

6

7 **Tabela S3_** Estimativas de média e da variação da germinação e tempo de emergência de sementes
 8 de *C. brasiliense*. As sementes para o experimento foram coletadas em 10 sítios amostrais com
 9 presença de savana em regiões próximas à cidade de Goiânia, Goiás, Brasil. **PEM**=porcentagem de
 10 emergência (%); **TEM**= tempo de emergência (dias); **VAR**= variância; **CV**= coeficiente de variação
 11 (%).

Site	PEM			TEM		
	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	18.777	15.318	208.436	48.341	462.530	44.489
P1F2	16.418	13.791	226.194	42.219	117.209	25.643
P2F3	5.532	5.248	414.124	37.308	141.731	31.911
P2F4	4.018	3.874	489.857	44.222	184.444	30.711
P3F5	5.172	4.922	428.915	40.571	146.571	29.840
P3F6	12.000	10.776	273.551	39.167	37.767	15.691
P4F7	13.780	11.928	250.637	49.441	915.406	61.195
P4F8	18.672	15.249	209.134	46.512	698.875	56.838
P5F9	8.711	7.980	324.294	47.167	295.884	36.469
P5F10	9.924	8.973	301.856	43.038	71.558	19.655
Geral	10.999	9.793	284.527	45.252	408.654	44.672

12

13

1 **Tabela S4_** Amostragem por sítio e por planta-mãe das sementes medidas, plantadas e germinadas
 2 em casa de vegetação para análise da variabilidade genética quantitativa de *C. brasiliense* em sítios
 3 inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. **NSM**= número de sementes
 4 medidas; **NSP**= número de sementes plantadas; **NSG**= número de sementes que germinaram; **%** =
 5 porcentagem de germinação.

6

Sítio	Planta-mãe	NSM	NSP	NSG	%
P1F1	M1	38	37	8	21.622
	M2	17	17	6	35.294
	M3	12	12	3	25.000
	M4	29	25	8	32.000
	M5	23	23	7	30.435
	M6	26	25	0	0.000
	M7	25	25	0	0.000
	M8	34	25	3	12.000
	M9	15	15	7	46.667
	M10	31	25	1	4.000
Total		250	229	43	18.777
P1F2	M1	23	23	2	8.696
	M2	43	43	22	51.163
	M3	19	19	3	15.789
	M4	19	19	3	15.789
	M5	29	25	0	0.000
	M6	32	25	3	12.000
	M7	22	22	0	0.000
	M8	28	25	0	0.000
Total		215	201	33	16.418
P2F3	M1	19	19	2	10.526
	M2	20	20	0	0.000
	M3	25	25	1	4.000
	M4	24	24	1	4.167
	M5	21	21	0	0.000
	M6	41	41	5	12.195
	M7	19	19	1	5.263
	M8	16	16	0	0.000
	M9	30	25	3	12.000
	M10	25	25	0	0.000
		240	235	13	5.532

	M1	21	21	0	0.000
	M2	22	22	0	0.000
	M3	21	21	0	0.000
	M4	32	25	0	0.000
	M5	19	19	4	21.053
P2F4	M6	28	25	0	0.000
	M7	34	25	3	12.000
	M8	27	25	2	8.000
	M9	23	23	0	0.000
	M10	18	18	0	0.000
	Total	245	224	9	4.018
	M1	28	25	0	0.000
	M2	31	25	0	0.000
	M3	47	47	4	8.511
	M4	41	25	1	4.000
	M5	43	43	3	6.977
P3F5	M6	30	25	1	4.000
	M7	38	25	0	0.000
	M8	26	25	1	4.000
	M9	27	25	3	12.000
	M10	29	25	2	8.000
	Total	340	290	15	5.172
	M1	27	25	6	24.000
P3F6	M2	39	25	0	0.000
		66	50	6	12.000
	M1	22	22	1	4.545
	M2	28	25	1	4.000
	M3	37	25	14	56.000
	M4	19	19	0	0.000
	M5	30	25	5	20.000
P4F7	M6	38	38	1	2.632
	M7	30	25	0	0.000
	M8	35	25	5	20.000
	M9	32	25	6	24.000
	M10	28	25	2	8.000
	Total	299	254	35	13.780
	M1	27	25	5	20.000
P4F8	M2	37	25	0	0.000
	M3	32	25	0	0.000
	M4	30	25	1	4.000

	M5	30	25	17	68.000
	M6	32	25	13	52.000
	M7	24	24	1	4.167
	M8	27	25	6	24.000
	M9	17	17	0	0.000
	M10	29	25	2	8.000
	Total	285	241	45	18.672
	M1	21	21	2	9.524
	M2	19	19	1	5.263
	M3	38	25	1	4.000
	M4	31	25	1	4.000
	M5	33	25	5	20.000
P5F9	M6	14	14	0	0.000
	M7	43	43	6	13.953
	M8	44	44	9	20.455
	M9	25	25	0	0.000
	M10	46	46	0	0.000
	Total	314	262	25	8.711
	M1	36	25	0	0.000
	M2	39	39	1	2.564
	M3	32	25	4	16.000
	M4	34	25	10	40.000
	M5	24	24	2	8.333
P5F10	M6	27	25	1	4.000
	M7	28	25	0	0.000
	M8	24	24	4	16.667
	M9	35	25	2	8.000
	M10	27	25	2	8.000
	Total	306	287	26	9.059

1
2
3
4
5
6
7
8

1 **Tabela S5_** Estimativas de média e da variação da altura em plântulas de *C. brasiliense*. As plântulas
 2 são provenientes de experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento foram
 3 coletadas em 10 sítios amostrais com presença de savana em regiões próximas à cidade de Goiânia,
 4 Goiás, Brasil. **ALTI**= altura inicial (cm); **ALTF**= altura final (cm); **TCA**= taxa de crescimento em
 5 altura (cm/mês); **VAR**= variância; **CV**= coeficiente de variação (%).

Site	ALTI			ALTF			TCA		
	Média	Var	CV	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	6.900	5.874	35.126	16.703	14.631	22.901	2.680	1.514	47.753
P1F2	8.075	3.858	24.324	16.597	12.656	21.435	2.413	0.910	39.534
P2F3	7.777	7.402	34.984	15.185	18.265	28.145	2.101	0.648	38.316
P2F4	7.213	3.118	24.484	15.663	22.320	30.164	2.037	2.962	84.481
P3F5	8.415	8.715	35.079	17.877	7.512	15.331	2.466	0.745	34.988
P3F6	7.650	1.399	15.461	16.917	28.662	31.647	2.521	1.274	44.782
P4F7	6.661	7.060	39.892	15.656	28.099	33.858	2.424	1.124	46.025
P4F8	6.874	5.468	34.018	15.288	11.217	21.907	2.382	1.119	50.549
P5F9	7.725	7.809	36.174	18.246	27.930	28.965	3.052	1.079	34.039
P5F10	7.081	7.965	39.857	14.112	31.554	39.806	1.981	1.155	54.245
Geral	7.285	6.237	34.282	16.118	19.890	27.669	2.464	1.221	44.847

6

7 **Tabela S6_** Estimativas de média e da variação do diâmetro de plântulas de *C. brasiliense*. As plântulas
 8 são provenientes de experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento foram coletadas
 9 em 10 sítios amostrais com presença de savana em regiões próximas à cidade de Goiânia, Goiás, Brasil.
 10 **DAI**= diâmetro inicial (mm); **DAF**= diâmetro final (mm); **TCD**= taxa de crescimento em diâmetro
 11 (mm/mês); **VAR**= variância; **CV**= coeficiente de variação (%).

Site	DAI			DAF			TCD		
	Média	Var	CV	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	3.810	0.730	22.424	5.719	1.069	18.073	0.476	0.101	66.860
P1F2	3.717	0.374	16.451	5.385	1.263	20.867	0.473	0.058	51.424
P2F3	3.841	0.497	18.352	5.839	2.721	28.247	0.539	0.128	68.759
P2F4	4.523	1.257	24.790	6.143	1.019	16.433	0.446	0.131	78.987
P3F5	4.058	0.558	18.399	6.063	0.473	11.346	0.582	0.038	20.708
P3F6	4.072	0.489	17.172	5.785	0.382	10.689	0.519	0.042	39.354
P4F7	3.659	0.532	19.941	5.253	1.644	24.413	0.450	0.159	89.082
P4F8	4.046	0.485	17.216	6.064	1.220	18.214	0.573	0.151	72.420
P5F9	4.248	0.671	19.282	6.253	1.410	18.987	0.559	0.050	39.812
P5F10	3.697	0.564	20.308	5.277	1.424	22.614	0.418	0.056	56.416
Geral	3.896	0.603	19.926	5.718	1.397	20.670	0.510	0.101	62.205

12

13

1 **Tabela S7_** Estimativas de média e da variação das folhas de plântulas de *C. brasiliense*
 2 provenientes de experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento foram
 3 coletadas em 10 sítios amostrais com presença de savana em regiões próximas à cidade de
 4 Goiânia, Goiás, Brasil. **NF**= número de folhas (contagem); **CF**= comprimento foliar (mm); **LF**=
 5 largura foliar (mm); **VAR**= variância; **CV**= coeficiente de variação (%).

Site	NF			CF			LF		
	Média	Var	CV	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	4.231	1.656	30.415	77.068	82.441	11.781	48.020	39.106	13.023
P1F2	4.031	1.709	32.426	75.241	144.084	15.953	47.918	88.349	19.616
P2F3	4.917	1.902	28.047	74.769	51.321	9.581	47.730	18.536	9.020
P2F4	5.000	2.571	32.071	72.504	63.595	10.999	48.254	94.083	20.101
P3F5	4.846	0.641	16.521	80.681	43.546	8.179	49.764	22.235	9.475
P3F6	5.500	1.500	22.268	81.464	49.409	8.629	46.250	15.616	8.544
P4F7	3.781	1.789	35.376	73.252	117.886	14.822	46.265	62.655	17.109
P4F8	4.317	0.822	21.001	77.644	106.562	13.295	48.383	39.531	12.995
P5F9	4.292	1.868	31.844	79.032	170.239	16.509	48.599	43.247	13.532
P5F10	4.458	2.259	33.713	66.818	187.553	20.496	42.964	74.067	20.031
Geral	4.316	1.678	30.013	75.452	125.040	14.820	47.366	54.018	15.517

6

7

8 **Tabela S8_** Estimativas de média e variação do comprimento e massa da raiz de plântulas de *C.*
 9 *brasiliense* provenientes de experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento
 10 foram coletadas em 10 sítios amostrais com presença de savana em regiões próximas à cidade de
 11 Goiânia, Goiás, Brasil. **CR**= comprimento da raiz (mm); **MVR**= massa fresca da raiz (g); **MSR**=
 12 massa seca da raiz (g); **VAR**= variância; **VC**= coeficiente de variação (%).

Site	CR			MVR			MSR		
	Média	Var	CV	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	25.741	18.381	16.656	8.565	13.337	42.637	3.444	2.899	49.430
P1F2	23.634	19.727	18.793	8.184	10.681	39.932	3.085	1.693	42.171
P2F3	24.942	10.874	13.221	9.538	8.196	30.017	3.767	2.085	38.337
P2F4	23.963	6.317	10.489	9.584	4.129	21.201	3.838	1.513	32.050
P3F5	26.723	10.879	12.342	9.422	4.433	22.347	3.638	0.955	26.865
P3F6	24.650	5.123	9.182	7.428	4.521	28.624	2.897	0.625	27.302
P4F7	23.639	13.860	15.749	8.079	9.265	37.675	3.168	2.022	44.887
P4F8	24.298	9.850	12.917	8.623	7.969	32.737	3.355	1.729	39.193
P5F9	25.102	10.644	12.997	9.320	6.183	26.678	3.513	1.257	31.917
P5F10	24.263	23.303	19.896	8.806	10.839	37.387	3.309	2.772	50.316
Geral	24.609	14.911	15.691	8.663	9.111	34.842	3.361	1.942	41.464

13

1

2 **Tabela S9_** Estimativas de média e variação da massa e comprimento da parte aérea de plântulas de
 3 *C. brasiliense* provenientes de experimento em casa de vegetação. As sementes para o experimento
 4 foram coletadas em 10 sítios amostrais com presença de savana em regiões próximas à cidade de
 5 Goiânia, Goiás, Brasil. **CPA**= comprimento da parte aérea (mm); **MVA**= massa fresca da parte aérea (g);
 6 **MSA**= massa seca da parte aérea (g); **VAR**= variância; **CV**= coeficiente de variação (%).

Site	CPA			MVA			MAS		
	Média	Var	CV	Média	Var	CV	Média	Var	CV
P1F1	18.885	16.404	21.447	7.934	6.006	30.890	2.589	0.738	33.182
P1F2	18.316	19.142	23.888	6.676	7.649	41.426	2.348	1.042	43.463
P2F3	17.783	6.751	14.610	7.838	2.884	21.670	2.639	0.510	27.049
P2F4	17.113	32.727	33.430	8.208	8.845	36.236	3.071	1.877	44.611
P3F5	19.838	9.098	15.204	8.598	1.755	15.409	3.072	0.485	22.667
P3F6	17.133	9.579	18.064	7.246	6.186	34.325	2.667	0.799	33.520
P4F7	17.948	24.195	27.406	7.397	8.000	38.239	2.514	1.012	40.014
P4F8	16.808	11.361	20.054	7.550	4.286	27.421	2.606	0.622	30.262
P5F9	20.522	18.240	20.811	9.141	5.657	26.018	3.158	1.094	33.122
P5F10	16.551	26.759	31.255	6.609	11.135	50.489	2.277	1.696	57.189
Geral	18.121	18.512	23.744	7.625	6.729	34.020	2.622	0.983	37.815

7

8

9

10

11

12

13

14

15

16

17

18

19

1 **Tabela S10.** Seleção de modelos a nível de nó para a variância de 20 caracteres medidos de
2 sementes e plântulas de *C. brasiliense* em 10 pontos amostrados no estado de Goiás, Brasil.
3 PLAND= porcentagem de cobertura de savana, CONN= conectividade funcional, SHDI= índice
4 de diversidade de Shannon, NE= tamanho efetivo populacional, NULO= modelo nulo. Modelos
5 em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05
6 para primeira variável do modelo, p2= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05
7 para segunda variável do modelo.

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p1	p2	R ²
Diâmetro longitudinal da semente	PLAND	M1	0.0	0.13	0.40	-	0
	CONN	M2	0.0	0.13	0.50	-	0
	SHDI	M3	0.0	0.13	0.53	-	0
	Ne	M4	0.0	0.13	0.39	-	0
	PLAND+CONN	M5	0.0	0.13	0.40	0.50	0
	PLAND+Ne	M6	0.0	0.13	0.40	0.39	0
	CONN+Ne	M7	0.0	0.13	0.49	0.39	0
	Null	M0	0.0	0.12	-	-	-
Diâmetro transversal da semente	PLAND	M1	7.6	0.02	0.74	-	0
	CONN	M2	7.6	0.02	0.45	-	0
	SHDI	M3	0.0	0.86	0.03*	-	0.41
	Ne	M4	7.6	0.02	1.00	-	0
	PLAND+CONN	M5	7.6	0.02	0.74	0.45	0
	PLAND+Ne	M6	7.6	0.02	0.74	1.00	0
	CONN+Ne	M7	7.6	0.02	0.45	1.00	0
	Null	M0	7.1	0.03	-	-	-
Massa da semente	PLAND	M1	0.1	0.19	0.06	-	0.43
	CONN	M2	0.0	0.20	0.02*	-	0.49
	SHDI	M3	6.2	0.01	0.19	-	0.13
	Ne	M4	8.2	0.00	0.35	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.0	0.20	0.48	0.02*	0.49
	PLAND+Ne	M6	0.1	0.19	0.06	0.73	0.43
	CONN+Ne	M7	0.0	0.20	0.02*	0.95	0.49
	Null	M0	9.5	0.00	-	-	-
Tempo para emergência das plântulas	PLAND	M1	0.4	0.16	0.31	-	0.03
	CONN	M2	0.9	0.13	0.41	-	0.01
	SHDI	M3	1.2	0.11	0.49	-	0.00
	Ne	M4	1.2	0.11	0.98	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.0	0.20	0.29	0.38	0.04
	PLAND+Ne	M6	0.4	0.16	0.31	0.89	0.03
	CONN+Ne	M7	0.9	0.13	0.42	0.99	0.00
	Null	M0	8.0	0.00	-	-	-
Porcentagem de emergência	PLAND	M1	4.0	0.06	0.66	-	0.00

	CONN	M2	4.9	0.04	0.53	-	0.00
	SHDI	M3	1.1	0.24	0.04*	-	0.06
	Ne	M4	2.9	0.10	0.14	-	0.08
	PLAND+CONN	M5	4.0	0.06	0.21	0.53	0.06
	PLAND+Ne	M6	0.0	0.41	0.11	0.07	0.31
	CONN+Ne	M7	2.9	0.10	0.64	0.14	0.08
	Null	M0	9.4	0.00	-	-	-
Altura inicial	PLAND	M1	2.3	0.10	0.34	-	0.00
	CONN	M2	2.3	0.10	0.50	-	0.00
	SHDI	M3	2.3	0.10	0.47	-	0.00
	Ne	M4	2.3	0.10	0.82	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	2.3	0.10	0.34	0.50	0.00
	PLAND+Ne	M6	2.3	0.10	0.34	0.82	0.00
	CONN+Ne	M7	2.3	0.10	0.49	0.82	0.00
	Null	M0	0.0	0.31	-	-	-
Altura final	PLAND	M1	0.1	0.20	0.16	-	0.17
	CONN	M2	2.1	0.08	0.46	-	0.00
	SHDI	M3	2.1	0.08	0.45	-	0.00
	Ne	M4	2.1	0.08	0.94	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.1	0.20	0.16	0.60	0.17
	PLAND+Ne	M6	0.0	0.21	0.15	0.80	0.19
	CONN+Ne	M7	2.1	0.08	0.46	0.94	0.00
	Null	M0	1.9	0.08	-	-	-
Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	1.9	0.08	0.76	-	0.00
	CONN	M2	1.9	0.08	0.77	-	0.00
	SHDI	M3	1.9	0.08	0.75	-	0.00
	Ne	M4	0.0	0.22	0.24	-	0.09
	PLAND+CONN	M5	1.9	0.08	0.76	0.77	0.00
	PLAND+Ne	M6	0.0	0.22	0.70	0.24	0.09
	CONN+Ne	M7	0.0	0.22	0.91	0.24	0.09
	Null	M0	6.5	0.01	-	-	-
Diâmetro inicial	PLAND	M1	24.8	<0.001	0.58	-	0.00
	CONN	M2	24.8	<0.001	0.69	-	0.00
	SHDI	M3	24.8	<0.001	0.54	-	0.00
	Ne	M4	13.1	0.00	0.02*	-	0.64
	PLAND+CONN	M5	0.0	1.00	0.00*	0.00*	0.83
	PLAND+Ne	M6	13.1	0.00	0.34	0.02*	0.64
	CONN+Ne	M7	13.2	0.00	0.88	0.02*	0.64
	Null	M0	28.5	<0.001	-	-	-
Diâmetro final	PLAND	M1	7.6	0.01	0.10	-	0.25
	CONN	M2	0.0	0.32	0.00*	-	0.39
	SHDI	M3	7.4	0.01	0.04*	-	0.49
	Ne	M4	13.6	<0.001	-	-	-

	PLAND+CONN	M5	0.0	0.32	0.69	0.00*	0.39
	PLAND+Ne	M6	6.4	0.01	0.07	1.00	0.30
	CONN+Ne	M7	0.0	0.32	0.00*	0.52	0.39
	Null	M0	14.8	<0.001	-	-	-
Taxa de crescimento em diâmetro	3333PLAND	M1	10.2	0.00	0.04	-	0.30
	CONN	M2	1.5	0.24	0.01*	-	0.59
	SHDI	M3	15.0	<0.001	0.65	-	0.00
	Ne	M4	15.0	<0.001	0.51	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.0	0.52	0.17	0.01*	0.61
	PLAND+Ne	M6	10.4	0.00	0.05	0.69	0.27
	CONN+Ne	M7	1.5	0.24	0.01*	0.94	0.59
	Null	M0	16.3	<0.001	-	-	-
Número de folhas	PLAND	M1	2.6	0.09	0.46	-	0.00
	CONN	M2	2.6	0.09	0.35	-	0.00
	SHDI	M3	0.0	0.31	0.10	-	0.23
	Ne	M4	2.6	0.09	0.93	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	2.6	0.09	0.46	0.35	0.00
	PLAND+Ne	M6	2.6	0.09	0.46	0.93	0.00
	CONN+Ne	M7	2.6	0.09	0.34	0.93	0.00
	Null	M0	1.0	0.18	-	-	-
Comprimento foliar	PLAND	M1	9.9	0.01	0.00*	-	0.74
	CONN	M2	3.6	0.12	0.00*	-	0.84
	SHDI	M3	22.3	<0.01	0.42	-	0.00
	Ne	M4	15.4	<0.01	0.03*	-	0.41
	PLAND+CONN	M5	3.4	0.13	0.30	0.00*	0.85
	PLAND+Ne	M6	7.8	0.02	0.03*	0.15	0.77
	CONN+Ne	M7	0.0	0.73	0.00*	0.09	0.84
	Null	M0	23.8	<0.01	-	-	-
Largura foliar	PLAND	M1	13.8	<0.01	0.93	-	0.00
	CONN	M2	8.2	0.01	0.05	-	0.23
	SHDI	M3	2.6	0.21	0.01*	-	0.42
	Ne	M4	13.8	<0.01	0.74	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	8.2	0.01	0.87	0.05	0.23
	PLAND+Ne	M6	13.8	<0.01	0.94	0.74	0.00
	CONN+Ne	M7	0.0	0.76	0.02*	0.09	0.53
	Null	M0	15.2	<0.01	-	-	-
Massa verde da raiz	PLAND	M1	7.7	0.01	0.79	-	0.00
	CONN	M2	7.3	0.01	0.32	-	0.02
	SHDI	M3	7.7	0.01	1.00	-	0.00
	Ne	M4	0.6	0.29	0.02*	-	0.41
	PLAND+CONN	M5	7.3	0.01	0.79	0.32	0.02
	PLAND+Ne	M6	0.0	0.39	0.30	0.02*	0.43
	CONN+Ne	M7	0.6	0.29	0.52	0.02*	0.41

	Null	M0	8.2	0.01	-	-	-
Massa seca da raiz	PLAND	M1	1.5	0.08	0.90	-	0.00
	CONN	M2	0.8	0.12	0.29	-	0.04
	SHDI	M3	1.5	0.08	0.46	-	0.00
	Ne	M4	0.3	0.16	0.19	-	0.09
	PLAND+CONN	M5	0.8	0.12	0.97	0.29	0.04
	PLAND+Ne	M6	0.3	0.16	0.95	0.19	0.09
	CONN+Ne	M7	0.0	0.18	0.30	0.20	0.10
	Null	M0	1.5	0.09	-	-	-
Comprimento da raiz	PLAND	M1	4.9	0.02	0.50	-	0.00
	CONN	M2	3.5	0.05	0.20	-	0.09
	SHDI	M3	4.9	0.02	0.97	-	0.00
	Ne	M4	0.0	0.28	0.04*	-	0.33
	PLAND+CONN	M5	3.5	0.05	0.61	0.21	0.09
	PLAND+Ne	M6	0.0	0.28	0.90	0.04*	0.33
	CONN+Ne	M7	0.0	0.28	0.44	0.04*	0.33
	Null	M0	6.0	0.01	-	-	-
Massa verde da parte aérea	PLAND	M1	1.3	0.09	0.38	-	0.00
	CONN	M2	0.0	0.17	0.18	-	0.10
	SHDI	M3	1.3	0.09	0.55	-	0.00
	Ne	M4	1.3	0.09	0.54	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.0	0.17	0.44	0.18	0.10
	PLAND+Ne	M6	1.3	0.09	0.38	0.55	0.00
	CONN+Ne	M7	0.0	0.17	0.18	0.69	0.10
	Null	M0	0.8	0.12	-	-	-
Massa seca da parte aérea	PLAND	M1	3.8	0.07	0.27	-	0.06
	CONN	M2	3.3	0.09	0.23	-	0.07
	SHDI	M3	0.0	0.49	0.12	-	0.25
	Ne	M4	5.0	0.04	0.70	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	2.6	0.13	0.30	0.24	0.11
	PLAND+Ne	M6	4.0	0.07	0.29	0.60	0.05
	CONN+Ne	M7	3.3	0.09	0.23	0.49	0.07
	Null	M0	7.2	0.01	-	-	-
Comprimento da parte aérea	PLAND	M1	6.5	0.03	0.50	-	0.00
	CONN	M2	4.4	0.08	0.18	-	0.10
	SHDI	M3	0.0	0.68	0.08	-	0.25
	Ne	M4	6.5	0.03	0.66	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	4.4	0.08	0.55	0.18	0.10
	PLAND+Ne	M6	6.5	0.03	0.50	0.66	0.00
	CONN+Ne	M7	4.4	0.08	0.18	0.41	0.10
	Null	M0	7.7	0.01	-	-	-

1 **Tabela S11.** Seleção de modelos a nível de *link* na escala de 2km para 20 caracteres medidos de
 2 sementes e plântulas de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.
 3 PLAND= porcentagem de cobertura de savana, SHDI= índice de diversidade de Shannon,
 4 NULO= modelo nulo. Modelos em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da
 5 probabilidade à nível de significância de 0.05 para primeira variável do modelo, p2= valor da
 6 probabilidade à nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

7

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p	R ²
Diâmetro longitudinal da semente	PLAND	M1	0	0.33	0.92	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.98	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Diâmetro transversal da semente	PLAND	M1	0	0.33	0.86	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.53	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Massa da semente	PLAND	M1	0	0.33	0.98	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.99	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Tempo para emergência das plântulas	PLAND	M1	0	0.33	0.49	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.86	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Porcentagem de emergência	PLAND	M1	4.1	0.1	0.66	0
	SHDI	M2	0	0.79	0.23	0.4
	Null	M0	4.1	0.1	-	-
Altura inicial	PLAND	M1	0	0.33	1	0
	SHDI	M2	0	0.33	1	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Altura final	PLAND	M1	0	0.33	0.85	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.46	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	0	0.81	0.03*	0.89
	SHDI	M2	2.9	0.19	0.09.	0.78
	Null	M0	13.4	<0.001	-	-
Diâmetro inicial	PLAND	M1	0	0.51	0.29	0.16
	SHDI	M2	1.5	0.24	0.49	0
	Null	M0	1.5	0.24	-	-
Diâmetro final	PLAND	M1	0	0.4	0.34	0.06
	SHDI	M2	0.6	0.3	0.48	0
	Null	M0	0.6	0.3	-	-
Taxa de crescimento em diâmetro	PLAND	M1	0	0.987	0.06.	0.88
	SHDI	M2	8.7	0.012	0.18	0.51

	Null	M0	14.1	<0.001	-	-
Número de folhas	PLAND	M1	0	0.33	0.97	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.99	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Comprimento foliar	PLAND	M1	0	0.941	0.11	0.74
	SHDI	M2	5.8	0.0514	0.23	0.37
	Null	M0	9.5	0.0082	-	-
Largura foliar	PLAND	M1	0	0.33	0.99	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.96	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Massa verde da raiz	PLAND	M1	0.8	0.29	0.77	0
	SHDI	M2	0	0.42	0.38	0.08
	Null	M0	0.8	0.29	-	-
Massa seca da raiz	PLAND	M1	0	0.33	0.56	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.48	0
	Null	M0	0	0.33	-	-
Comprimento da raiz	PLAND	M1	0.3	0.31	0.98	0
	SHDI	M2	0	0.37	0.4	0.03
	Null	M0	0.3	0.31	-	-
Massa verde da parte aérea	PLAND	M1	0	0.768	0.07.	0.68
	SHDI	M2	2.6	0.214	0.21	0.46
	Null	M0	7.5	0.018	-	-
Massa seca da parte aérea	PLAND	M1	1.8	0.23	0.39	0
	SHDI	M2	0	0.55	0.3	0.18
	Null	M0	1.8	0.23	-	-
Comprimento da parte aérea	PLAND	M1	0	0.33	0.76	0
	SHDI	M2	0	0.33	0.76	0
	Null	M0	0	0.33	-	-

1

2

3

4

5

6

7

8

1 **Tabela S12.** Seleção de modelos a nível de *link* na escala de 4km para 20 caracteres medidos de
 2 sementes e plântulas de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.
 3 PLAND= porcentagem de cobertura de savana, SHDI= índice de diversidade de Shannon,
 4 NULO= modelo nulo. Modelos em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da
 5 probabilidade à nível de significância de 0.05 para primeira variável do modelo, p2= valor da
 6 probabilidade à nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p	R ²
Diâmetro longitudinal da semente	PLAND	M1	0.00	0.33	0.93	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.80	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Diâmetro transversal da semente	PLAND	M1	0.00	0.33	0.74	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	1.00	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Massa da semente	PLAND	M1	0.00	0.33	0.97	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.80	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Tempo para emergência das plântulas	PLAND	M1	0.00	0.33	0.70	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.86	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Porcentagem de emergência	PLAND	M1	0.00	0.33	0.57	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.52	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Altura inicial	PLAND	M1	0.00	0.33	1.00	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.80	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Altura final	PLAND	M1	0.00	0.93	0.22	0.55
	SHDI	M2	6.50	0.04	0.77	0.00
	Null	M0	6.50	0.04	-	-
Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	0.70	0.41	0.02*	0.90
	SHDI	M2	0.00	0.59	0.04*	0.90
	Null	M0	14.70	<0.001	-	-
Diâmetro inicial	PLAND	M1	0.00	0.61	0.24	0.28
	SHDI	M2	2.00	0.23	0.37	0.06
	Null	M0	2.60	0.17	-	-
Diâmetro final	PLAND	M1	0.00	0.48	0.31	0.13
	SHDI	M2	1.20	0.26	0.46	0.00
	Null	M0	1.20	0.26	-	-
Taxa de crescimento em diâmetro	PLAND	M1	0.00	0.97	0.04*	0.87
	SHDI	M2	6.90	0.03	0.14	0.58
	Null	M0	13.20	0.00	-	-
Número de folhas	PLAND	M1	0.00	0.33	0.99	0.00

	SHDI	M2	0.00	0.33	0.76	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Comprimento foliar	PLAND	M1	0.00	0.99	0.06	0.86
	SHDI	M2	9.00	0.01	0.21	0.39
	Null	M0	12.80	0.00	-	-
Largura foliar	PLAND	M1	0.00	0.33	0.96	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.91	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Massa verde da raiz	PLAND	M1	0.00	0.33	0.53	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.60	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Massa seca da raiz	PLAND	M1	12.80	0.00	0.61	0.00
	SHDI	M2	0.00	1.00	0.07	0.85
	Null	M0	12.80	0.00	-	-
Comprimento da raiz	PLAND	M1	8.30	0.02	0.89	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.97	0.14	0.67
	Null	M0	8.30	0.02	-	-
Massa verde da parte aérea	PLAND	M1	0.50	0.43	0.08	0.71
	SHDI	M2	0.00	0.56	0.12	0.70
	Null	M0	8.60	0.01	-	-
Massa seca da parte aérea	PLAND	M1	2.90	0.19	0.25	0.33
	SHDI	M2	0.00	0.78	0.15	0.57
	Null	M0	6.20	0.04	-	-
Comprimento da parte aérea	PLAND	M1	0.00	0.33	0.76	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.45	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-

1
2
3
4
5
6
7
8
9

1 **Tabela S13.** Seleção de modelos a nível de *link* na escala de 6km para 20 caracteres medidos de
 2 sementes e plântulas de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.
 3 PLAND= porcentagem de cobertura de savana, SHDI= índice de diversidade de Shannon,
 4 NULO= modelo nulo. Modelos em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade
 5 à nível de significância de 0.05 para primeira variável do modelo, p2= valor da probabilidade à
 6 nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p	R ²
Diâmetro longitudinal da semente	PLAND	M1	0.20	0.32	0.94	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.36	0.75	0.00
	Null	M0	0.20	0.32	-	-
Diâmetro transversal da semente	PLAND	M1	0.00	0.33	0.86	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.88	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Massa da semente	PLAND	M1	0.00	0.33	0.98	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.94	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Tempo para emergência das plântulas	PLAND	M1	0.00	0.33	0.63	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.85	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Porcentagem de emergência	PLAND	M1	0.00	0.33	0.61	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.41	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Altura inicial	PLAND	M1	0.00	0.33	1.00	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.92	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Altura final	PLAND	M1	0.00	0.33	0.76	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.54	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Taxa de crescimento em altura	PLAND	M1	0.00	0.83	0.02*	0.90
	SHDI	M2	3.20	0.17	0.08.	0.80
	Null	M0	14.00	<0.001	-	-
Diâmetro inicial	PLAND	M1	0.00	0.60	0.22	0.29
	SHDI	M2	1.80	0.25	0.34	0.09
	Null	M0	2.70	0.16	-	-
Diâmetro final	PLAND	M1	0.00	0.50	0.29	0.15
	SHDI	M2	1.40	0.25	0.39	0.00
	Null	M0	1.40	0.25	-	-
Taxa de crescimento em diâmetro	PLAND	M1	0.00	0.96	0.04*	0.88
	SHDI	M2	6.50	0.04	0.11	0.63
	Null	M0	13.30	0.00	-	-
Número de folhas	PLAND	M1	0.00	0.33	0.10	0.00

	SHDI	M2	0.00	0.33	0.93	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Comprimento foliar	PLAND	M1	0.00	0.97	0.06	0.85
	SHDI	M2	7.20	0.03	0.14	0.52
	Null	M0	12.40	0.00	-	-
Largura foliar	PLAND	M1	0.00	0.33	0.99	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	1.00	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Massa verde da raiz	PLAND	M1	0.00	0.33	0.62	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.44	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Massa seca da raiz	PLAND	M1	0.00	0.33	0.62	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.57	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-
Comprimento da raiz	PLAND	M1	0.60	0.30	0.89	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.40	0.37	0.00
	Null	M0	0.60	0.30	-	-
Massa verde da parte aérea	PLAND	M1	0.00	0.80	0.07	0.71
	SHDI	M2	2.90	0.19	18.00	0.50
	Null	M0	8.10	0.01	-	-
Massa seca da parte aérea	PLAND	M1	7.30	0.03	0.32	0.10
	SHDI	M2	0.00	0.96	0.09	0.71
	Null	M0	8.30	0.02	-	-
Comprimento da parte aérea	PLAND	M1	0.00	0.33	0.71	0.00
	SHDI	M2	0.00	0.33	0.49	0.00
	Null	M0	0.00	0.33	-	-

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10

1
2
3

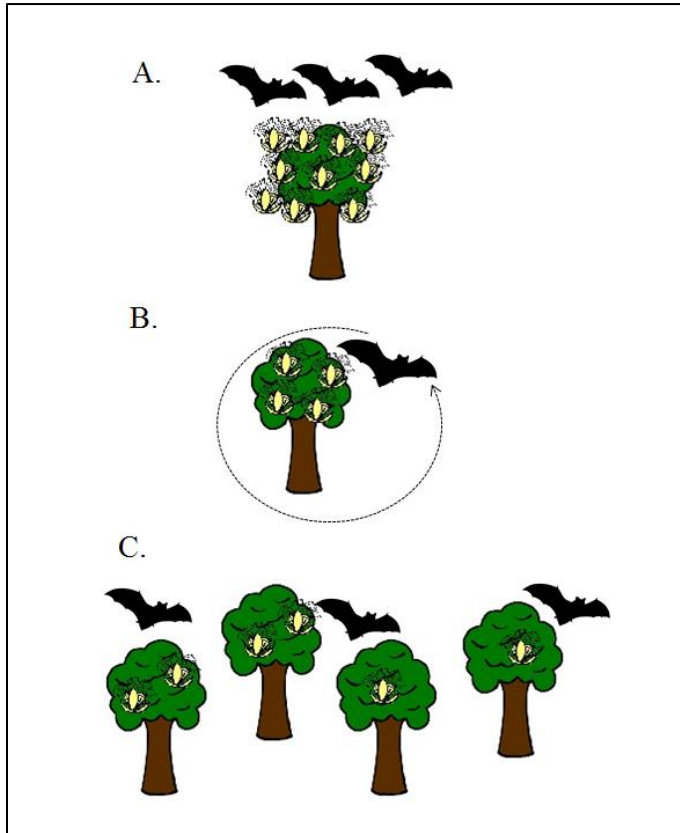


Figura S1. Estratégias de polinização em *Caryocar brasiliense* pelo morcego *Glossophaga soricina* de acordo com a disponibilidade de recurso (néctar) disponível. (A) comportamento de forragemaneto em grupo, quando a árvore apresenta muitas flores; (B) territorial, quando as plantas de pequi apresentam número intermediário de flores; (C) solitário em linhas de captura, quando as arvores apresentam poucas flores (Lemke 1984,

4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14

CAPÍTULO 02

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23

**EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA DIVERSIDADE GENÉTICA NEUTRA
DE INDIVÍDUOS ADULTOS E JUVENIS DE *Caryocar brasiliense* Camb.
(Caryocaraceae)**

1 **CAPÍTULO 02: EFEITO DA ESTRUTURA DA PAISAGEM NA DIVERSIDADE**
2 **GENÉTICA NEUTRA DE INDIVÍDUOS ADULTOS E JUVENIS DE *Caryocar brasiliense***
3 **Camb. (CARYOCARACEAE)**

4 **Aluna:** Tatiana Souza do Amaral¹

5 **Orientadora:** Rosane Garcia Collevatti¹

6 **Co-orientador:** Milton Cezar Ribeiro²

7 **Colaboradores:** Juliana Silveira dos Santos²

8 Felipe Martello²

9 Fernanda Fraga Rosa¹

10 ¹Laboratório de Genética e Biodiversidade, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás

11 ²Laboratório de Ecologia Espacial e Conservação, Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, São Paulo

12
13 **1. RESUMO**

14 A perda da conectividade e a redução na quantidade de habitat causados pelo processo de
15 fragmentação podem levar a redução da diversidade genética em populações de plantas por meio
16 da redução no fluxo gênico e deriva genética. Entretanto, devido ao longo tempo de vida das
17 árvores, o tempo desde o início da fragmentação pode não ter sido suficiente para causar a
18 redução da diversidade genética. Neste estudo investigamos a presença de um *time-lag* nos
19 efeitos da alteração da paisagem na diversidade genética de *Caryocar brasiliense* Camb.
20 (*Caryocaraceae*). Para isto, testamos como a quantidade de habitat, a conectividade funcional, a
21 heterogeneidade e o tamanho efetivo populacional em 10 sítios amostrais de cinco paisagens
22 afetam a diversidade e a diferenciação genética em adultos e juvenis de *C. brasiliense*. Os
23 juvenis tiveram menor diversidade genética que os adultos. A riqueza alélica e a diferenciação
24 genética dos adultos foram melhor explicadas pela heterogeneidade da paisagem. A riqueza
25 alélica e a diversidade genética dos juvenis foram melhor explicadas pela quantidade de habitat e

1 conectividade funcional. A diferença entre a diversidade genética dos adultos e juvenis, que
2 representa a perda de diversidade genética entre um estágio e o outro, também foi afetada pela
3 conectividade funcional. Os nossos resultados mostraram que a perda da conectividade entre os
4 remanescentes de savana tem influência sobre a diversidade genética de *C. brasiliense*,
5 enfatizando a importância do fluxo gênico para a manutenção da diversidade genética nesta
6 espécie. Entretanto, a redução da diversidade genética foi detectada principalmente nos juvenis,
7 evidenciando um efeito de *time-lag*, e corroborando a hipótese de que espécies de vida longa,
8 como é o caso de *C. brasiliense*, requerem um longo período de fragmentação para que as
9 mudanças na heterozigosidade sejam detectadas.

10 **Palavras-chave:** conectividade, fluxo gênico, plântulas, *time-lag*

11

12

13

2. ABSTRACT

14

15

16

17

18

19

20

21

22

23

24

25

Habitat and connectivity loss caused by fragmentation process can decrease genetic diversity in plant populations through reduced gene flow and genetic drift. However, due to the long lifetime of many trees species, the time since the onset of fragmentation may not have been enough to cause the reduction of genetic diversity. In this study we investigated the presence of a time-lag in the effects of landscape alteration on the genetic diversity of *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae). For this, we tested how the amount of habitat, functional connectivity, heterogeneity and effective population size in 10 sample sites of five landscapes affected the diversity and genetic differentiation in adults and juveniles of *C. brasiliense*. Juveniles had less genetic diversity than adults. The allelic richness and genetic differentiation of adults were better explained by landscape heterogeneity. The allelic richness and genetic diversity of juveniles were best explained by the amount of habitat and functional connectivity. The difference between the genetic diversity of adults and juveniles, which represents the loss of genetic

1 diversity between one stage and the other, was also affected by functional connectivity. Our
2 results showed that the loss of connectivity among savanna remnants influences the genetic
3 diversity of *C. brasiliense*, emphasizing the importance of gene flow for the maintenance of
4 genetic diversity in this species. However, the reduction of genetic diversity was detected mainly
5 in juveniles, evidencing a time-lag effect and corroborating the hypothesis that long-lived
6 species, such as *C. brasiliense*, require a long period of fragmentation so that changes in
7 heterozygosity are detected.

8 **Key-words:** conectivity, gene flow, seedlings, time-lag

9

10 3. INTRODUÇÃO

11 A perda e fragmentação de habitats são consideradas, atualmente, as duas maiores
12 ameaças à biodiversidade (Foley, 2005; Butchart et al., 2010). Esses processos modificam a
13 estrutura da paisagem diminuindo a conectividade entre as áreas de habitat e alterando a
14 quantidade de habitat disponível para as espécies. A perda de conectividade e a redução no
15 tamanho populacional gerados pela fragmentação podem afetar diversos processos ecológicos,
16 como a dispersão (e.g., Uriarte et al., 2011) e a polinização (e.g., Quesada et al., 2004),
17 resultando na redução de diversidade biológica e genética (Young et al., 1996; Fahrig, 2003;
18 Frankham et al., 2008; Thompson et al., 2017).

19 Os padrões e níveis de diversidade genética e diferenciação populacional são
20 determinados por deriva, seleção, e pelo fluxo gênico (Holderegger and Wagner, 2008) que
21 ocorre por meio da dispersão dos indivíduos. Uma vez que a estrutura da paisagem influencia a
22 dispersão dos indivíduos, facilitando ou dificultando o movimento deles (Eycott et al., 2012), a
23 persistência das populações irá depender da habilidade dos indivíduos em se movimentar pela

1 paisagem. Desta forma, identificar padrões e alterações nas paisagens é essencial para
2 compreender processos ecológicos de manutenção das populações, bem como a redução de
3 diversidade e diferenciação populacional das espécies.

4 Apesar do aumento, nos últimos anos, no número de estudos sobre o efeito da
5 fragmentação e da perda de habitat na diversidade genética (Manel and Holderegger, 2013), seus
6 impactos na diversidade genética ainda são pouco compreendidos. Aguilar et al. (2008) em um
7 estudo de meta-análise, concluiu que a fragmentação diminui a diversidade genética de
8 populações de plantas. Entretanto, diversos estudos não encontraram redução da diversidade
9 genética devido à fragmentação (Hall et al., 1996; Collevatti et al., 2001; Bacles et al., 2005;
10 Winkler et al., 2011; Carvalho et al., 2015). A grande variação nos padrões encontrados do efeito
11 da fragmentação sobre a diversidade genética pode ser devido aos efeitos da estrutura da
12 paisagem variarem conforme a espécie. Cada espécie percebe a paisagem de acordo com sua
13 capacidade de deslocamento, seus requerimentos e seu comportamento (Prevedello and Vieira,
14 2010; Eycott et al., 2012).

15 Para espécies de plantas que são polinizadas e dispersas por animais o potencial de
16 deslocamento de seus propágulos depende da resposta dos seus polinizadores e dispersores às
17 alterações na paisagem (García et al., 2007; Auffret et al., 2017), o que pode dificultar ainda
18 mais a detecção dos efeitos de alterações na paisagem sobre estas espécies de plantas. Outra
19 possível explicação é que devido ao longo tempo de vida das árvores, o tempo de fragmentação
20 pode não ter sido suficiente para detectar a redução de diversidade genética (Kramer et al.,
21 2008). Alguns estudos realizados com plântulas demonstraram que a diversidade genética nas
22 plântulas é menor que nos adultos reprodutivos, que podem estar no local desde antes a
23 fragmentação (Sebbenn et al., 2011; Quesada et al., 2013; Martins et al., 2016).

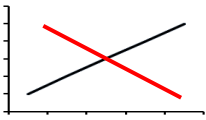
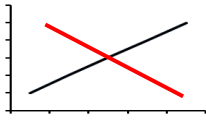
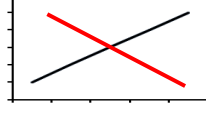
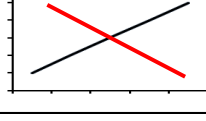
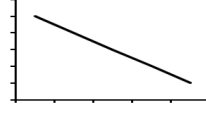
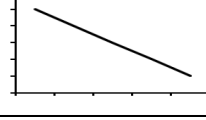
1 O Cerrado, bioma situado na região central do Brasil, tem sido fragmentado intensamente
2 nos últimos 50 anos, período onde quase metade da sua extensão foi convertida principalmente
3 em áreas para pastagem e agricultura (Klink and Machado, 2005; Strassburg et al., 2017). Em
4 Goiás, cerca de 60% de sua área já foi transformada e sua vegetação natural perdida (Silva et al.,
5 2006). Atualmente as áreas protegidas são pequenas, isoladas e mal distribuídas, o que as torna
6 muitas vezes ineficientes em proteger o bioma (Scariot et al., 2005).

7 O *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae), árvore popularmente conhecida como
8 pequi, é uma espécie endêmica e com ampla distribuição nas savanas do Cerrado. Possui flores
9 hermafroditas e autocompatíveis. Apresenta sistema de cruzamento misto, com alta variação nas
10 taxas de autopolinização e polinização cruzada (Collevatti et al., 2010). A polinização cruzada é
11 feita principalmente por morcegos das espécies *Glossophaga soricina* e *Anoura geoffroyi* (Gribel
12 and Hay, 1993). A distância de dispersão do pólen é pequena (Collevatti et al., 2010) e uma alta
13 proporção de sementes provenientes de autopolinização são abortadas (Collevatti et al., 2009). A
14 dispersão das suas sementes se dá por mamíferos como a anta (*Tapirus terrestris*), o lobo-guará
15 (*Chrysocyon brachyurus*), a cotia (*Dasyprocta* sp.) e o veado (*Mazama americana* e *Mazama*
16 *gouazoubira*), e aves como a ema (*Rhea americana*) e a gralha (*Cyanocorax cristatellus*)
17 (Collevatti et al., 2010b; Zardo and Henriques, 2011).

18 Apesar Collevatti et al. (2001a) de não terem encontrado evidências do efeito da
19 fragmentação na diversidade genética de indivíduos adultos em escala geográfica, a
20 fragmentação afeta o endocruzamento biparental em *C. brasiliense* (Collevatti et al., 2001b). A
21 estrutura de parentesco afeta os padrões de mortalidade, influenciando o recrutamento de
22 plântulas de *C. brasiliense*. A taxa de mortalidade é maior em indivíduos espacialmente
23 próximos, que são mais aparentados entre si devido a dispersão limitada de suas sementes

1 (Collevatti and Hay, 2011). Além disso, a heterozigosidade tem grande influência na
2 sobrevivência de *C. brasiliense*. Indivíduos jovens com maior proporção de locos heterozigotos
3 apresentam menor probabilidade de morte (Collevatti and Hay, 2011). Assim, para esta espécie,
4 a sobrevivência das plântulas é fortemente influenciada pelo genótipo do indivíduo.

5 Desta forma, o presente estudo buscou avaliar os padrões de diversidade genética neutra
6 de adultos e juvenis de *C. brasiliense* e responder às seguintes questões: 1) existe efeito da
7 estrutura da paisagem na diversidade genética neutra? 2) existe um *time-lag* dos efeitos da
8 fragmentação, no qual encontramos maiores evidências de redução de diversidade genética nas
9 progênies? Devido a influência que a perda e fragmentação de habitat exerce sobre o movimento
10 dos organismos, e conseqüentemente ao fluxo gênico, nossa hipótese é que a diversidade
11 genética é maior em paisagens com maior porcentagem de habitat, mais conectadas e com maior
12 heterogeneidade (Figura 2.1). Além das variáveis da paisagem, nós também analisamos os
13 efeitos do tamanho efetivo populacional na diversidade genética do *C. brasiliense*, no qual
14 esperamos que populações com maiores tamanhos efetivos populacionais tenham maior
15 diversidade genética (Figura 2.1). Além disso, devido ao longo ciclo de vida da espécie estudada
16 e o curto tempo de fragmentação do Cerrado, nós esperamos encontrar uma maior redução de
17 diversidade genética nos juvenis, pois o tempo de fragmentação pode não ter sido suficiente para
18 afetar a diversidade genética dos indivíduos adultos.

Abordagem	Variáveis resposta	Variáveis preditivas	Predição
Nível de nó	Diversidade genética neutra (AR , He , f)	Quantidade de habitat	
	Diversidade genética neutra (AR , He , f)	Conectividade funcional	
	Diversidade genética neutra (AR , He , f)	Diversidade de unidades	
	Diversidade genética neutra (AR , He , f)	Tamanho efetivo populacional	
Nível de link	Diferenciação genética (F_{ST} , G_{ST} , Jost'D)	Porcentagem de cobertura	
	Diferenciação genética (F_{ST} , G_{ST} , Jost'D)	Diversidade de unidades	

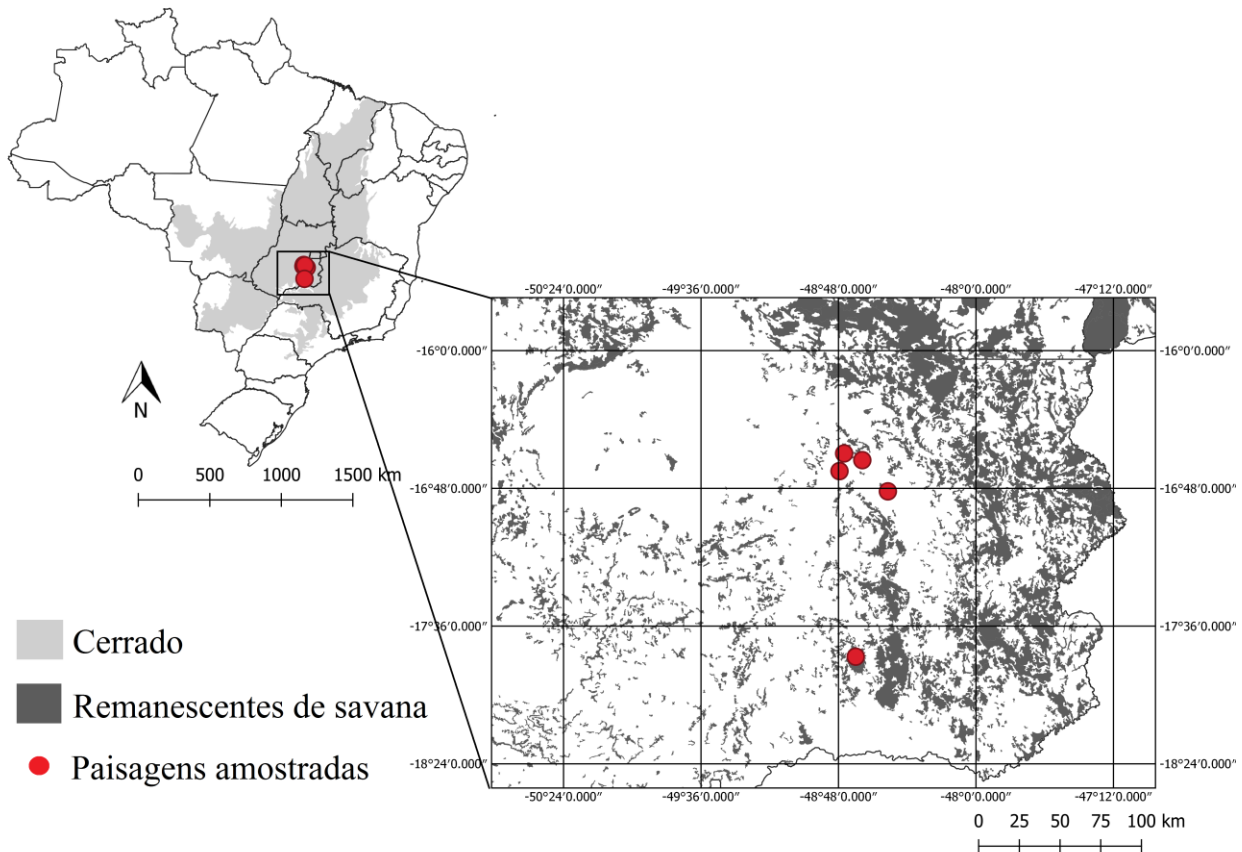
1
2 **Figura 2.1.** Predições das relações esperadas entre as variáveis resposta e preditivas nos níveis de nó e
3 *link* para *Caryocar brasiliense*. As linhas pretas contínuas representam a riqueza alélica (AR), a
4 heterozigosidade esperada (He) e os parâmetros de diferenciação genética (F_{ST} , G_{ST} e Jost'D). A linha
5 contínua vermelha representa o coeficiente de endogamia (f).
6

7 **4. MATERIAL E MÉTODOS**

8 **4.1. Desenho amostral e seleção das paisagens**

9 Para este estudo, nós selecionamos cinco paisagens localizadas próximos ao município de
10 Goiânia, no estado de Goiás (Tabela 2.1, Figura 2.2). Entre as paisagens amostradas, duas estão
11 em unidades de conservação (Floresta Nacional de Silvânia e Parque Estadual de Serra de
12 Caldas) e três estão localizados em áreas privadas, cercadas por áreas de pastagem e agricultura.

1 Nas unidades de conservação selecionamos dois sítios amostrais dentro da área de savana e nas
2 áreas privadas selecionamos dois sítios amostrais, sendo um em cada fragmento de savana. No
3 total foram considerados 10 sítios amostrais (Figura 2.3).



5 **Figura 2.2.** Área de estudo, localizada no Estado de Goiás, Brasil. A área cinza claro a abrangência do
6 bioma Cerrado no Brasil. As áreas em cinza escuro correspondem aos remanescentes de savana. Os sítios
7 vermelhos representam as cinco paisagens amostradas.

8

9 Para as análises da estrutura da paisagem foram criados *buffers* de 500 metros de raio ao
10 redor de cada sítio amostrado (linha tracejada na Figura 2.3). Nas unidades de conservação
11 (Figuras 2.3C e 2.3E) os *buffers* foram criados ao redor do único fragmento de savana
12 amostrado. Para as análises nas escalas de 2, 4 e 6km, identificamos a localização do ponto
13 médio entre os dois sítios amostrados e geramos um conjunto de *buffers* com os raios de 2, 4 e

1 6km ao redor de cada sítio. As paisagens definitivas tiveram valores de quantidade de habitat
2 variando entre 15% a 100 % (Tabela 2.1).

3

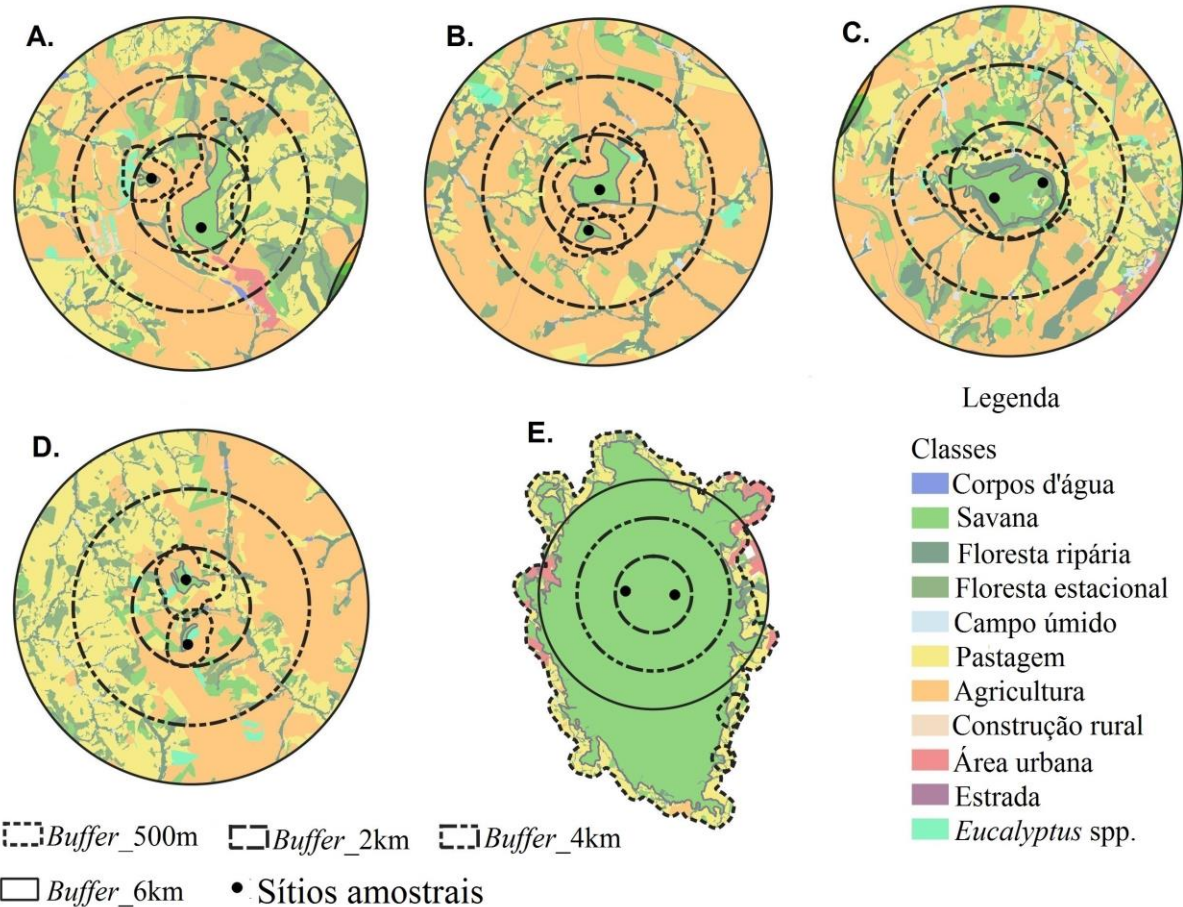


Figura 2.3. Delineamento amostral e delimitação das paisagens. Os círculos pretos representam os diferentes sítios amostrados em áreas de savana, totalizando 10 sítios amostrais. Os polígonos tracejados ao redor de cada sítio correspondem aos *buffers* de 500m. Os círculos maiores correspondem aos *buffers* de 2km, 4km e 6km realizados a partir do ponto médio entre 2 sítios amostrais. **A=** Paisagem 1, **B=** Paisagem 2, **C=** Paisagem 3 (Floresta Nacional de Silvânia), **D=** Paisagem 4, **E=** Paisagem 5 (Parque Nacional de Serra de Caldas Novas).

O uso e cobertura do solo em cada paisagem foi identificado por meio de um mapeamento na escala de 1:5000, a partir de imagens do Google Earth (<http://earth.google.com>)

1 disponíveis no software ArcGis (www.esri.com). O método de classificação utilizado foi de
2 interpretação visual, com auxílio de mapas obtidos no Laboratório de Processamento de Imagens
3 e Geoprocessamento da Universidade Federal de Goiás (<https://www.lapig.iesa.ufg.br/lapig/>),
4 com checagem e validação no campo. Os *buffers* foram gerados e classificados no programa
5 ArcGis 10.3 (www.esri.com), sendo que cada paisagem foi classificada com 11 diferentes classes
6 de cobertura e uso da terra, que correspondem a: corpos d'água, savana, floresta ripária, floresta
7 estacional, campo úmido, pastagem, agricultura, construção rural, área urbana, estradas, linha
8 férrea e plantação de eucalipto (Figura 2.3).

9

10 **4.2.Obtenção dos dados genéticos**

11 Em cada sítio amostral coletamos amostras de folhas de cerca de 60 indivíduos adultos e
12 60 indivíduos juvenis de *C. brasiliense* (Tabela 2.1) para obtenção dos genótipos utilizando
13 marcadores microssatélites. Todos os indivíduos amostrados foram georreferenciados.

14 O DNA foi extraído do tecido das folhas seguindo o protocolo de extração Cationic
15 Hexadecyl Trimethyl Ammonium, proposto por (Doyle and Doyle, 1987). Genotipamos os
16 indivíduos utilizando nove locos microssatélites previamente desenvolvidos e otimizados para *C.*
17 *brasiliense* (Collevatti et al., 1999). Os primers *forward* foram marcados com fluorescência: 6-
18 FAM azul (cb06, cb9 e cb12); HEX, verde (cb03, cb11 e cb13) e NED, amarelo (cb05, cb20 e
19 cb23) (Material Suplementar Tabela S1). As reações em cadeia de polimerase (PCR) foram feitas
20 em um volume total de 10 μ L, contendo os seguintes reagentes: 1X tampão (10 μ M Tris-HCl, pH
21 8.3; 50 μ M KCl; 1.5 μ M MgCl₂); 250 μ M de cada DNTP; 0.3 μ g de BSA; 0.5 μ M de cada primer
22 (*forward* e *reverse*), 1U Taq DNA Polimerase (Phoneutria, BR) e 10ng de DNA.

1
2
3
4
5
6
7

Tabela 2.110. Localização das cinco sítios e dez sítios amostrais de coleta para análise dos efeitos da estrutura da paisagem na diversidade genética neutra de *Caryocar brasiliense* no estado de Goiás, Brasil. **Cobertura de savana**= porcentagem de cobertura de savana; **Amostragem: Nadultos**= quantidade de adultos amostrados e genotipados; **Njuvenis**= quantidade de juvenis amostrados no campo e genotipados.

Paisagem	Localidade	Cobertura de savana	SítioSítio amostral	Altitude (m)	Coordenadas		Amostragem	
					Latitude	Longitude	N adultos	N juvenis
P1	Leopoldo de Bulhões	30%	P1F1	1058	16°36'23.98"	48°45'47.30"	65	60
			P1F2	1061	16°35'35.81"	48°46'51.18"	60	60
P2	Vianópolis	20%	P2F3	985	16°49'44.23"	48°30'55.41"	62	60
			P2F4	969	16°48'59.79"	48°30'45.56"	66	60
P3	Silvânia	50%	P3F5	945	16°38'9.03"	48°39'0.50"	60	60
			P3F6	972	16°38'29.19"	48°39'57.53"	62	52
P4	Silvânia	10%	P4F7	1022	16°42'39.02"	48°47'41.49"	61	59
			P4F8	1030	16°41'30.99"	48°47'49.31"	67	53
P5	Caldas Novas	100%	P5F9	1030	17°46'36.74"	48°41'20.53"	60	29
			P5F10	981.5	17°46'34.83"	48°42'52.94"	60	36

8
9
10
11

1 As ampliações foram realizadas em termocicladores Gene Amp PCR System 9700 (*Applied*
2 *Byosystems, CA*), nas seguintes condições, conforme Collevatti et al. (2010): 96°C por dois minutos (um
3 ciclo); 94°C por um minuto; 54°C ou 56°C por um minuto (de acordo com cada primer); 72°C por um
4 minuto (35 ciclos) e 72°C por uma hora (um ciclo). Os resultados obtidos da PCR foram então
5 analisados em um analisador automático ABI 3500 (*Applied Byosystems, CA, USA*). Para visualização e
6 determinação dos genótipos, utilizamos o software GeneMapper 3.5 (*Applied Byosystems, CA*).

7 A partir dos genótipos obtidos, estimamos os parâmetros de diversidade e diferenciação genética.
8 Nós estimamos a riqueza alélica rarefeita (Mousadik and Petit, 1996), heterozigosidade observada (*Ho*)
9 e esperada (*He*) sob equilíbrio de Hardy-Weinberg e o coeficiente de endogamia *f* (Nei, 1978).
10 Realizamos um teste T pareado para verificar se as diferenças observadas nos parâmetros genéticos entre
11 os estágios de vida são maiores que as esperadas por uma associação aleatória. Calculamos também a
12 diferença da diversidade genética entre os estágios adulto e juvenil, para verificar se houve perda da
13 diversidade genética da fase adulta, que representa a geração no início da fragmentação, para os juvenis,
14 que representam a geração atual, e que variável influenciou essa perda. Usamos essa diferença (*diff*)
15 como uma variável resposta.

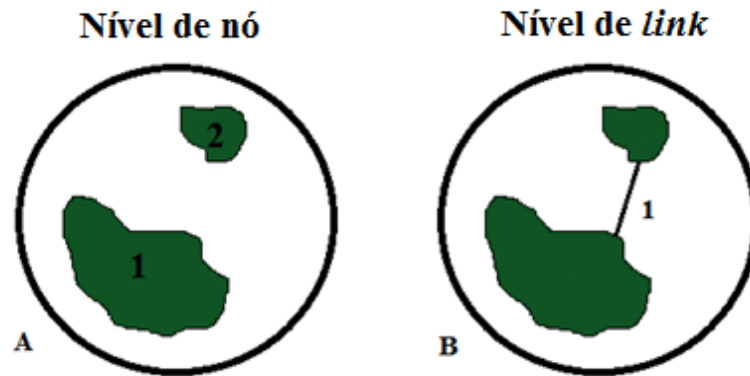
16 A diferenciação genética entre os pares de sítios para cada estágio de vida dentro de cada
17 paisagem foi estimada usando três medidas: *F_{ST}* de Wright (Weir and Cockerham, 1984), *G'_{ST}* (Hedrick,
18 2005) e Jost'D (Jost, 2008). As análises de diversidade e endogamia foram realizadas utilizando o
19 pacote “Hierfstat” (Goudet, 2005) e as análises de diferenciação genética foram feitas com o pacote
20 “mmod” (Winter, 2012), ambas implementadas no software R versão 3.4.2 (R Core Team, 2017).

21

22 **4.3.Efeitos da estrutura da paisagem na diversidade e diferenciação genética neutra**

23 A influência da estrutura da paisagem sobre a diversidade e diferenciação genética neutra foi
24 medida nos níveis de nó e *link* (Wagner and Fortin, 2013, Figura 2.4). No nível de nó relacionamos os

1 parâmetros genéticos (AR e He), o coeficiente de endogamia (f) e a diferença entre os dois estágios ($diff$)
2 com variáveis preditoras calculadas no sítio em que as variáveis respostas foram medidas. Para isto,
3 geramos um *buffer* de 500m ao redor do fragmento focal (Figura 2.3) e calculamos as seguintes
4 métricas: a quantidade de habitat (porcentagem de cobertura de savana), o tamanho do fragmento de
5 savana, a dominância, a riqueza, a densidade de riqueza, o índice de diversidade de Shannon, o índice de
6 diversidade de Simpson, o índice de equabilidade de Shannon, o índice de equabilidade de Simpson, o
7 isolamento funcional e a conectividade funcional (Tabela 2.2).



8

9 **Figura 2.4.** Duas formas de abordagem para a análise das variáveis genéticas: A) nível de nó e B) nível de *link*.
10 Os círculos em preto representam paisagens e as manchas verdes representam fragmentos. No nível de nó as
11 variáveis resposta (e.g., AR , He , f) em cada sítio (e.g., 1, 2 na Figura A) são relacionados às variáveis da paisagem
12 do mesmo local. No nível de *link*, a diferenciação genética (e.g., F_{ST} , G_{ST} , Jost'D) entre pares de sítios (e.g., 1
13 Figura B) são relacionadas às variáveis da paisagem ao redor de cada *link*.

14

15

16

17

18

19

1 **Tabela 2.2.** Descrição, como foram calculadas e os softwares utilizados para calcular as métricas da
 2 paisagem relacionadas a quantidade de habitat, conectividade e heterogeneidade para cinco paisagens e
 3 dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.

Métricas da paisagem	Descrição	Como foram calculadas	Softwares
Porcentagem de cobertura (PLAND)	Mede a quantidade de vegetação nativa	PLAND = total e a porcentagem de área de savana dentro do buffer	FragStats
Tamanho do fragmento (TA)	Tamanho do fragmento	TA= área de cada fragmento (em hectares) selecionado	FragStats
Riqueza (PR)	Mede o número de variedades de classes dentro da paisagem	PR= número de classes de classes na paisagem	FragStats
Densidade da riqueza (PRD)	Padroniza a riqueza de classes pela área (100 hectares)	$PRD = \frac{n}{A} (10000)(100)$ onde, n é o número de classes e A é a área total da paisagem	FragStats
Índice de diversidade de Shannon (SHDI)	Medida de diversidade de classes na paisagem	$SHDI = - \sum_{i=1}^n p_i \log_b p_i$ onde, pi é a proporção da área ocupada pela classe <i>i</i>	FragStats
Índice de diversidade de Simpson (SIDI)	Medida de diversidade de classes na paisagem	$SIDI = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$ onde, pi é a proporção da área ocupada pela classe <i>i</i>	FragStats
Índice de equabilidade de Shannon (SHEI)	Mede a distribuição da área da paisagem entre as classes	$SHEI = \frac{SHDI}{\ln n}$ onde, n é o número de classes	FragStats
Índice de equabilidade de Simpson (SIEI)	Mede a distribuição da área da paisagem entre as classes	$SIEI = \frac{SIDI}{1 - \left(\frac{1}{n}\right)}$ onde, n é o número de classes	FragStats
Índice de fragmento maior (LPI)	Mede a porcentagem da paisagem ocupada pelo maior fragmento (de qualquer classe)	$LPI = \frac{\max_i}{A} (100)$ onde, max_i é a área da maior classe, e A é a área da paisagem	FragStats

Isolamento funcional (FI)	Mede a distância euclidiana média entre todos os fragmentos da paisagem.	Mede a distância euclidiana entre todos os fragmentos que são correspondentes ao habitat na paisagem. Para obter uma medida média de isolamento da paisagem foram sorteados mil pontos aleatórios dentro de uma paisagem nas diferentes escalas analisadas. Foram obtidos os valores de cada um desses pontos e foi calculada a média desses valores.	LSMetrics
Conectividade funcional (CONN)	Mede a quantidade de área funcionalmente conectada na paisagem	O algoritmo cria um buffer em torno de cada fragmento. Dentro deste buffer as manchas de habitat são agrupadas, somamos a área de habitat e subtraímos o tamanho da área do fragmento do total da área de habitat, para obter a conectividade funcional estrita. O resultado dessa métrica é um mapa onde o valor de cada fragmento corresponde a quantidade de área funcionalmente conectada a ele. Para obter uma medida para a paisagem, nós somamos a área total conectada de cada fragmento por paisagem. O tamanho de buffer estabelecido foi de 500m.	LSMetrics

1

2

3

4

5

6

7

8

9

10

11

12

13

14

Para o nível de *link*, geramos três buffers (2km, 4km e 6km) ao redor do sítio médio entre dois sítios amostrais (Figura 2.3) e calculamos as métricas da paisagem dentro de cada *buffer*. No nível de *link*, as métricas da paisagem foram relacionadas à diferenciação genética (F_{ST} , G_{ST} e Jost'D) entre os pares de sítios focais dentro dos buffers. As métricas calculadas para o nível de *link* foram as mesmas calculadas para o nível de nó, exceto tamanho do fragmento. Como algumas métricas da paisagem são correlacionadas entre si, calculamos o índice de correlação de Pearson e eliminamos as variáveis com coeficiente de correlação >0.8 (Material Suplementar Tabela S2). Selecionamos variáveis que representam a quantidade de habitat e conectividade, que são variáveis conhecidamente importantes para riqueza e diversidade biológica (Taylor et al., 1993; Fahrig, 2003, 2017; Thompson et al., 2017). Devido a ampla variedade de possíveis dispersores do pequi, selecionamos também uma variável que represente a heterogeneidade da paisagem, uma vez que diferentes espécies podem perceber a paisagem de uma forma mais complexa, utilizando a matriz como uma fonte de recursos ou como habitat complementar (Prevedello and Vieira, 2010; e.g., Antongiovanni and Metzger, 2005; Anderson et al., 2007; Lyra-Jorge

1 et al., 2008). Além disso, a delimitação do que é matriz e habitat varia conforme a espécie (Metzger,
2 2001), por isso, o que determinamos como habitat para o pequi pode não ser o habitat preferencial dos
3 seus potenciais dispersores. Desta forma, as variáveis selecionadas para o nível de nó foram:
4 porcentagem de cobertura de savana (PLAND), conectividade funcional (CONN) e heterogeneidade
5 estimada a partir do índice de diversidade de Shannon (SHDI). Para o nível de *link* selecionamos
6 porcentagem de cobertura de savana (PLAND) e heterogeneidade da paisagem (SHDI). Utilizamos as
7 mesmas variáveis para os *buffers* à nível de *link* (2km, 4km e 6km), para efeito de comparação entre
8 eles.

9 Além das métricas de paisagem, nós utilizamos o tamanho efetivo populacional (N_e) como uma
10 variável preditiva para o nível de nó. O tamanho efetivo populacional representa o tamanho de uma
11 população ideal (população infinita com acasalamentos aleatórios, com taxas de mutação, migração ou
12 seleção negligenciáveis) que perde a diversidade genética por deriva genética na mesma taxa que a
13 população atual (Wright, 1931). O tamanho efetivo populacional foi calculado para cada sítio pelo
14 método de Coancestria Molecular, no programa NeEstimator 2.01 (Do et al., 2014).

15 Para avaliar o efeito da estrutura da paisagem e o tamanho efetivo populacional sobre a
16 diversidade e diferenciação genética neutra de adultos e juvenis, nós geramos um conjunto de modelos
17 (Tabela 2.3) levando em consideração as variáveis de paisagem selecionadas após a análise de
18 correlação de Pearson (Material Suplementar Tabela S2). Nós criamos também um modelo nulo para
19 concorrer com nosso conjunto de modelos. Como a relação de algumas variáveis resposta com as
20 variáveis preditoras se mostraram não-lineares, nós comparamos a performance do GLM (*Generalized*
21 *Linear Models*) e GAM (*Generalized Additive Models*) utilizando o AIC e o ajuste residual dos modelos
22 (Zuur et al., 2009). Os modelos aditivos tiveram melhor performance e, portanto, utilizamos estes
23 modelos para as análises.

1

2 **Tabela 2.311.** Lista dos modelos concorrentes usados para explicar diversidade e diferenciação genética
 3 quantitativa em cinco paisagens (nível de *link*) e 10 sítios amostrais (nível de nó) de *C. brasiliense*. **PLAND**=
 4 quantidade de habitat (%); **CONN** = conectividade funcional (área in ha), **SHDI**= Índice de diversidade de
 5 Shannon; **NE**= tamanho efetivo populacional.

Abordagem	Escala	Variável resposta	Modelos	Sigla
Nível de nó	500m	Riqueza alélica (<i>AR</i>); Coeficiente de endogamia (<i>f</i>); Heterozigosidade esperada (<i>He</i>)	PLAND	M1
			CONN	M2
			SHDI	M3
			NE	M4
			PLAND+CONN	M5
			PLAND+NE	M6
			CONN+NE	M7
			NULL	M0
Nível de link	2km	F_{ST} ;	PLAND	M1
	4km	G_{ST} ;	SHDI	M2
	6km	Jost'D	NULL	M0

6

7

8

9

10 Para selecionar os modelos mais plausíveis, utilizamos dois critérios. O primeiro critério
 11 utilizado foi o Critério de Informação de Akaike corrigido para tamanhos amostrais pequenos (AICc).
 12 Para selecionar os modelos com base no AICc, calculamos o $\Delta AICc$, i.e. a diferença entre cada modelo
 13 e o melhor modelo encontrado, e o $wAICc$, que representa a contribuição relativa de cada modelo para
 14 explicar o padrão observado. Modelos com $\Delta AICc < 2$ foram considerados igualmente plausíveis para
 15 explicar o padrão observado (Burnham and Anderson, 2002). Usamos como segundo critério o valor de
 16 p , selecionando os modelos com $p < 0.05$. Desta forma, para avaliar o efeito dos modelos levamos em
 17 consideração o $\Delta AICc$, $wAICc$ e o $p < 0.05$. Os modelos generalizados aditivos foram realizados
 18 utilizando o pacote *mcgv* (Wood 2018) e as análises de seleção de modelos utilizando o pacote *bbmle*
 (Bolker 2017), ambos implementados no software R (R Development Core Team, 2017).

19

1 **5. RESULTADOS**

2

3 **5.1. Diversidade genética em indivíduos adultos e juvenis de *C. brasiliense***

4 A diversidade genética de *Caryocar brasiliense* foi alta tanto para adultos quanto para os juvenis
5 em todos os sítios amostrais. Para os adultos, *AR* variou entre 8.8 a 10.1 e *He* variou entre 0.774 a 0.857
6 (Tabela 2.4). Para os juvenis, *AR* e *He* variaram entre 8.2 a 9.9 e 0.723 a 0.845, respectivamente (Tabela
7 2.5). Entretanto, apesar da diversidade genética alta observada para os juvenis, a heterozigidade
8 esperada foi menor que nos adultos ($gl=9$, $t=1.8848$, $p=0.046$, Tabela 2,6).

9 **Tabela 2.4.** Estimativas de diversidade genética de indivíduos adultos de *Caryocar brasiliense* utilizando nove
10 locos microssatélites para os dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **N**= número de indivíduos
11 amostrados, **A**=número de alelos, **AR**= riqueza alélica, **He**= heterozigidade esperada, **f**= coeficiente de
12 endogamia.

Sítio	N	A	AR	He	f
P1F1	71	15.4	10.1	0.8234	0.1028
P1F2	64	14.9	10.1	0.8528	0.0451
P2F3	69	12.4	8.8	0.8171	0.0537
P2F4	66	14.2	9.8	0.8304	0.1799
P3F5	70	14.3	9.8	0.8411	0.0522
P3F6	63	13.3	9.8	0.8566	0.0275
P4F7	67	14.8	9.8	0.8050	0.1002
P4F8	70	14.8	9.4	0.8294	0.0871
P5F9	57	12.8	9.3	0.8090	0.1697
P5F10	63	12.6	8.9	0.7739	0.0251
Média	66	14.0	9.592	0.824	0.084

13

14 O coeficiente de endogamia (*f*) foi baixo para os dois estágios de vida, variando de 0.025 a 0.18
15 para os adultos (Tabela 2.4) e entre entre 0.0322 a 0.145 para os juvenis (Tabela 2.5).

16

1 **Tabela 2.5.** Estimativas de diversidade genética de indivíduos juvenis de *Caryocar brasiliense* utilizando nove
 2 locos microssatélites para os dez sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **N**= número de indivíduos
 3 amostrados, **A**=número de alelos, **AR**= riqueza alélica, **He**= heterozigiosidade esperada, **f**= coeficiente de
 4 endogamia.

Sítio	n	A	AR	He	f
P1F1	57	13.8	9.9	0.818	0.0828
P1F2	55	13.0	9.3	0.804	0.0322
P2F3	55	11.9	9.3	0.823	0.0351
P2F4	47	12.4	9.8	0.842	0.1152
P3F5	56	13.0	9.9	0.829	0.084
P3F6	33	10.8	9.4	0.845	0.036
P4F7	25	9.6	8.6	0.818	0.145
P4F8	38	12.3	9.8	0.810	0.0948
P5F9	29	10.1	8.8	0.794	0.0994
P5F10	31	9.6	8.2	0.723	0.0712
Média	43	11.7	9.282	0.811	0.080

5

6 **Tabela 2.6.** Teste t pareado dos parâmetros genéticos de adultos e juvenis de *Caryocar brasiliense* utilizando
 7 nove locos microssatélites para 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. **AR**= riqueza alélica, **He**=
 8 heterozigiosidade esperada, **f**= coeficiente de endogamia. **gl**= graus de liberdade. * $p < 0.05$.

9

Variáveis	gl	t	p
<i>AR</i>	9	1.63	0.069
<i>He</i>	9	1.89	0.046*
<i>f</i>	9	0.37	0.361

10

11 **5.2. Diferenciação genética em indivíduos adultos e juvenis de *C. brasiliense***

12 A diferenciação genética total entre as populações foi baixa para as adultas ($F_{ST} = 0.059$) e para
 13 os juvenis ($F_{ST} = 0.067$). Nos adultos, o F_{ST} , o G_{ST} e o Jost'D variaram entre 0.003 a 0.028, 0.021 a
 14 0.190 e 0.021 a 0.190, respectivamente (Tabela 2.7). Para os juvenis o F_{ST} , o G_{ST} e o Jost'D variaram
 15 entre 0.015 a 0.031, 0.106 a 0.234 e 0.086 a 0.195, respectivamente (Tabela 2.7). Os três parâmetros
 16 mostraram os mesmos padrões de diferenciação tanto para os adultos quanto para os juvenis, com

1 valores diferentes, mas com os mesmos pares de populações com as maiores e menores diferenciações
 2 genéticas.

3 **Tabela 2.712.** Estimativas de diferenciação genética entre pares de sítios dentro da mesma paisagem de adultos e
 4 juvenis de *Caryocar brasiliense* utilizando nove locos microssatélites para os dez sítios amostrados no estado de
 5 Goiás, Brasil.

Paisagem	Adultos			Juvenis		
	F_{ST}	G'_{ST}	Jost'D	F_{ST}	G'_{ST}	Jost'D
P1	0.010	0.067	0.056	0.029	0.180	0.146
P2	0.028	0.190	0.190	0.031	0.234	0.195
P3	0.003	0.021	0.021	0.015	0.109	0.091
P4	0.014	0.088	0.088	0.016	0.106	0.086
P5	0.023	0.128	0.128	0.026	0.125	0.095

6

7 **5.3. Efeitos da estrutura da paisagem na diversidade e diferenciação genética**

8 Nas análises a nível de nó encontramos efeito nos adultos para a riqueza alélica, que aumentou
 9 com aumento da heterogeneidade da paisagem ($wAICc= 0.96$, $p=0.00$) (Tabela 2.8, Figura 2.5). Para os
 10 juvenis, tanto a riqueza alélica ($wAICc= 0.38$, $p=0.03$) quanto a heterozigosidade esperada ($wAICc=$
 11 0.27 , $p_{(PLAND)}=0.04$, $p_{(CONN)}= 0.06$) foram afetadas pela quantidade de habitat (Tabela 2.8).

12

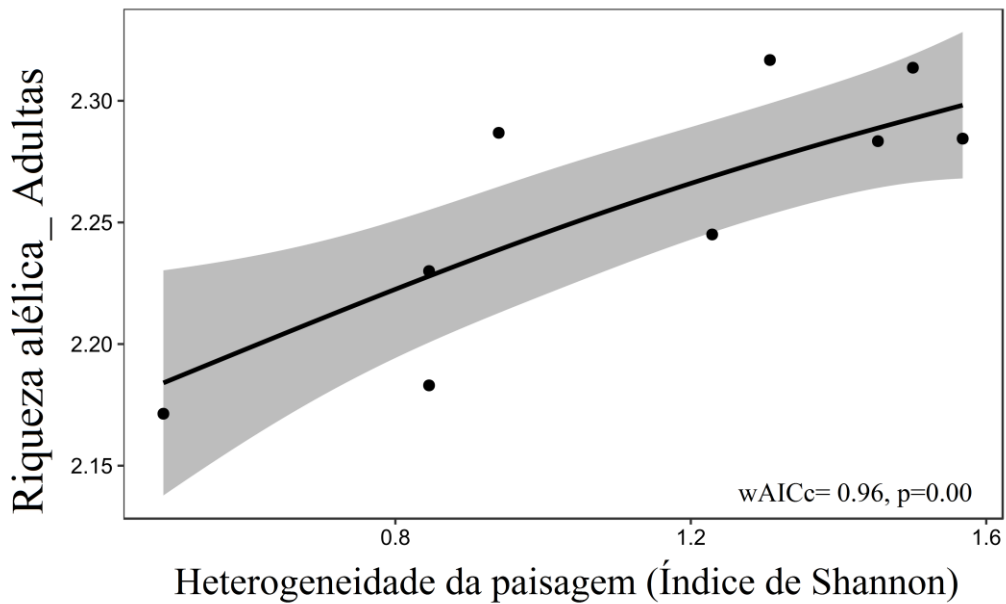
13 **Tabela 2.8.** Modelos selecionados ($\Delta AIC < 2$ e $p < 0.05$) a nível de nó mostrando a relação da quantidade de
 14 habitat (PLAND), conectividade funcional (CONN) e diversidade de classes (SHDI) com a riqueza alélica (AR) e
 15 heterozigosidade esperada (He) estimada para adultos e juvenis de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no
 16 estado de Goiás, Brasil. $p_1 = p$ da primeira variável, $p_2 = p$ da segunda variável.

Estágio	Variável resposta	Modelo	Sigla	ΔAIC	$wAIC$	p_1	p_2	R^2
				c	c			
Adultos	Riqueza alélica	SHDI	M3	0	0.96	0.00*	-	0.62
Juvenis	Riqueza alélica	PLAND	M1	0	0.38	0.03*	-	0.49
	Heterozigosidade esperada	PLAND+CON						
		N	M5	0.4	0.27	0.04*	0.06.	0.6
<i>diff</i>	Heterozigosidade esperada	CONN	M2	0	0.35	0.04*	-	0.47

17

1 A riqueza alélica dos juvenis foi maior nos sítios com quantidade de habitat intermediário
2 (Figura 2.6). A heterozigosidade esperada foi menor em sítios com maior quantidade de habitat,
3 entretanto o aumento na conectividade funcional aumentou a diversidade genética, reduzindo o efeito da
4 quantidade de habitat (Figura 2.7). A conectividade funcional influenciou também a redução da
5 diversidade genética observada nos juvenis, medida por meio da diferença entre a diversidade genética
6 dos adultos e dos juvenis. Sítios com menores níveis de conectividade funcional apresentaram as
7 maiores diferenças na diversidade genética entre os dois estágios, com os adultos tendo os maiores
8 valores de *He* comparado aos juvenis (Figura 2.8), evidenciando que a redução na conectividade
9 funcional pode ser um fator importante para redução da diversidade genética em *Caryocar brasiliense*.

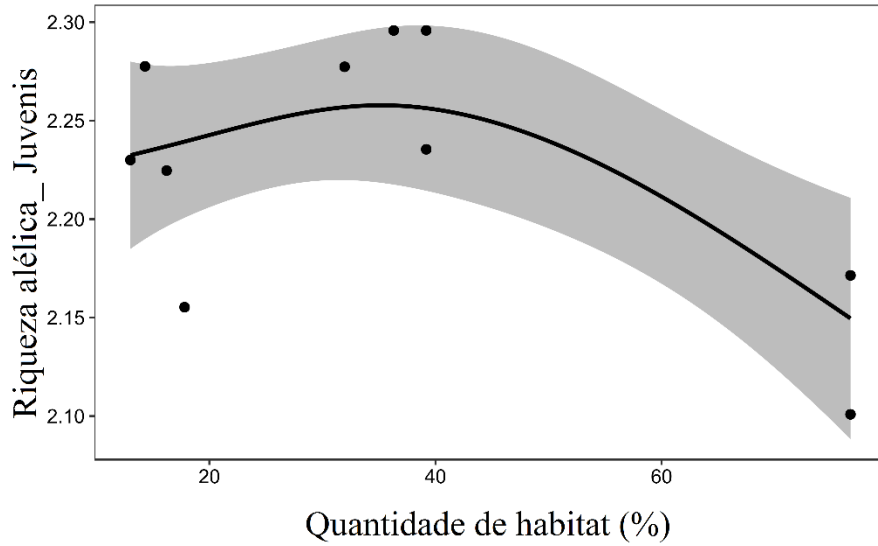
10



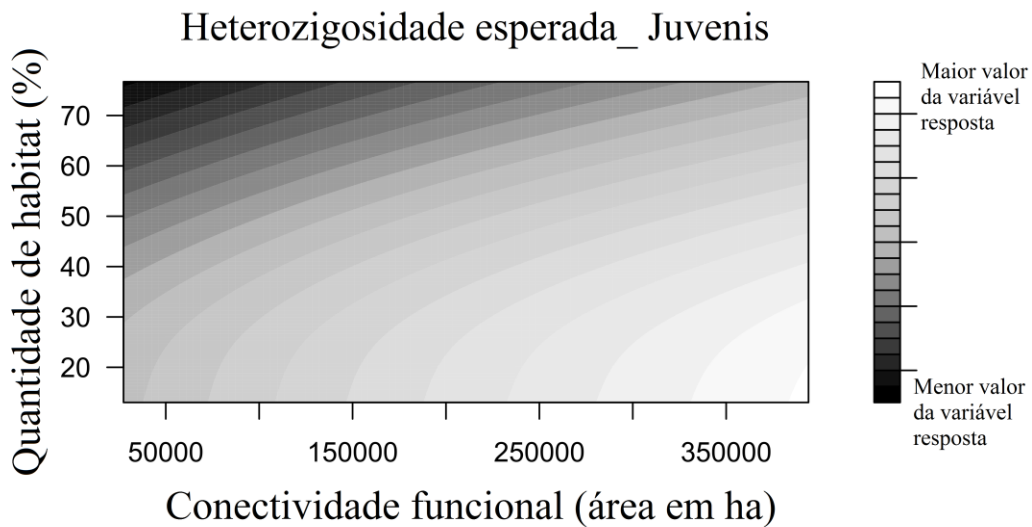
11

12 **Figura 2.5.** Relação entre a heterogeneidade da paisagem e a riqueza alélica de adultos ($wAICc= 0.96, p=0.00$)
13 de *Caryocar brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.

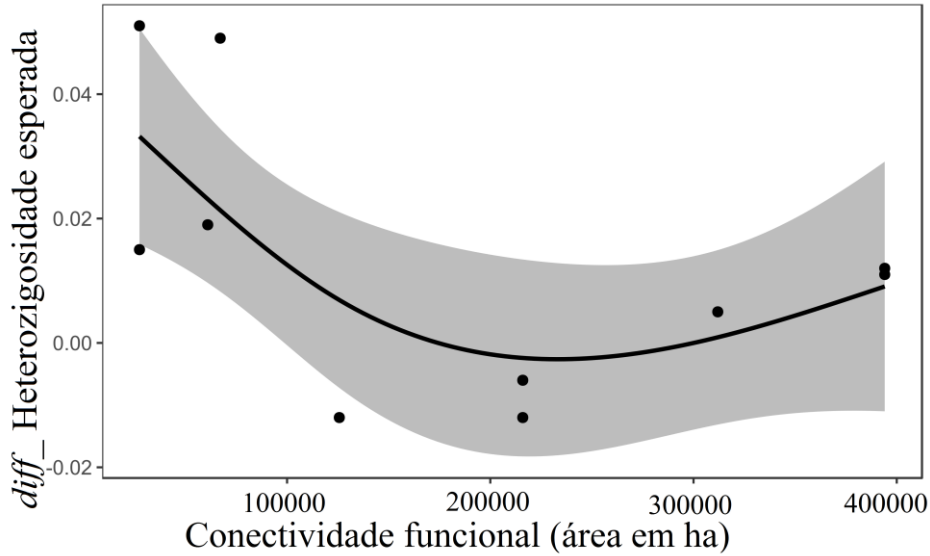
14



1
 2 **Figura 2.65.** Relação entre a quantidade de habitat e a riqueza alélica de juvenis ($wAICc= 0.38$, $p=0.03$) de
 3 *Caryocar brasiliense* observada para 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil.
 4



5
 6 **Figura 2.7.** Modelo mostrando os efeitos aditivos da quantidade de habitat e conectividade funcional na
 7 heterozigidade esperada de juvenis ($wAICc= 0.27$, $p_{(PLAND)}= 0.04$, $p_{(CONN)}= 0.06$) de *Caryocar brasiliense* em
 8 10 sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado de Goiás, Brasil. PLAND= quantidade de habitat;
 9 CONN= conectividade funcional. As cores barra à direita representam os valores esperados do modelo.



1

2 **Figura 2.8.** Relação entre conectividade funcional e a diferença na diversidade genética de adultas e juvenis
 3 ($wAICc= 0.35$, $p=0.04$) de *Caryocar brasiliense* observada em 10 sítios inseridos em cinco paisagens amostradas
 4 no estado de Goiás, Brasil.

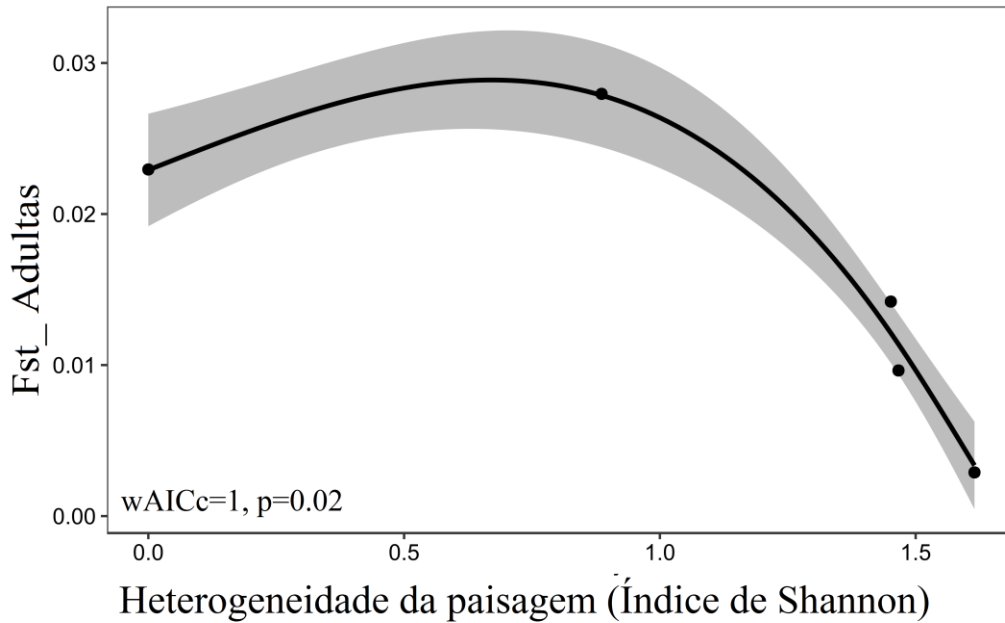
5

6 Para as análises a nível de *link*, os resultados dos modelos foram similares para F_{ST} , G_{ST} e Jost'D
 7 (Tabela 2.9), nos quais os pares de sítios com maior diversidade de classes apresentaram menor
 8 diferenciação genética. Entretanto esta relação não é linear (Figura 2.9, modelo com F_{ST}). Nenhuma
 9 variável foi significativa para as escalas de 4 e 6km (Material Suplementar Tabelas S6 a S8). Para os
 10 juvenis todos os modelos, inclusive o modelo nulo, foram igualmente plausíveis para explicar a
 11 diferenciação genética entre os sítios (Material Suplementar Tabela S6 a S8).

12 **Tabela 13.9.** Modelos selecionados ($\Delta AICc < 2$ e $p < 0.05$) a nível de *link* mostrando a relação da diversidade de classes
 13 (SHDI) com diferenciação genética estimada para adultos de *C. brasiliense* em pares de sítios amostrais em 5
 14 paisagens no estado de Goiás, Brasil.

Escala	Variável resposta	Modelo	Sigla	$\Delta AICc$	$wAICc$	P	R ²
2km	$F_{ST_Adultos}$	SHDI	M2	0	1	0.02*	0.96
	$G'_{ST_Adultos}$	SHDI	M2	0	1	0.00**	0.98
	Jost'D_Adultos	SHDI	M2	0	1	0.02*	0.95

15



1

2 **Figura 2.9.** Relação entre a heterogeneidade da paisagem e a diferenciação genética de adultos ($wAICc = 1$,
 3 $p=0.02$) de *Caryocar brasiliense* observada em pares de sítios inseridos em cinco paisagens amostradas no estado
 4 de Goiás, Brasil. Este mesmo padrão foi observado para os parâmetros $G'st$ e $Jost'D$.

5

6

7 **6. DISCUSSÃO**

8

9 Conforme esperado, encontramos efeito da estrutura da paisagem na diversidade genética de *C.*
 10 *brasiliense*. A heterogeneidade da paisagem afetou a riqueza alélica dos adultos, e a quantidade de
 11 habitat e conectividade funcional influenciaram a heterozigosidade dos juvenis e a perda de diversidade
 12 na observada na geração atual. O tamanho efetivo populacional não foi relacionado com nenhuma
 13 variável resposta. Também não observamos influencia da conectividade e da quantidade de habitat no
 14 coeficiente de endogamia nos dois estágios de vida analisados. A diferenciação genética dos adultos foi
 15 relacionada com a heterogeneidade da paisagem, entretanto não encontramos efeito da estrutura da
 16 paisagem no nível de *link* para os juvenis.

16

17

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22

Caryocar brasiliense apresentou altos níveis de diversidade genética e baixos níveis de endogamia tanto para adultos quanto para juvenis nos sítios amostrais analisados, corroborando com os resultados encontrados por Collevatti et al. (2001a) para esta espécie. Entretanto, apesar da alta diversidade e baixa endogamia encontramos evidências do efeito da perda de conectividade e de habitat para *C. brasiliense*, sobretudo para os juvenis. Embora nos últimos anos tenha aumentado o número de estudos sobre os efeitos da paisagem na diversidade genética de plantas (Aguilar et al., 2008; DiBattista, 2008; Vranckx et al., 2012), os resultados ainda são controversos e pouco compreendidos. Diversos estudos não encontraram efeitos da fragmentação e perda de habitat na variabilidade genética das espécies estudadas (Bacles et al., 2005; Moreira et al., 2009; Carvalho et al., 2015), inclusive para *C. brasiliense* (Collevatti et al., 2001a). Uma das possíveis razões para a falta de evidências destes efeitos pode ser o longo tempo de vida das árvores, que podem estar presente nos remanescentes de habitat desde antes a fragmentação, sem haver tempo suficiente para detectar a perda da diversidade genética (Kramer et al., 2008; Vranckx et al., 2012). À vista disso, estudos comparando a diversidade genética de adultos e plântulas de espécies arbóreas tem demonstrado que a diversidade genética nas plântulas é menor que em adultos (Sebbenn et al., 2011; Quesada et al., 2013; Martins et al., 2016), o que corrobora com o resultado encontrado, no qual a diversidade genética dos juvenis foi menor que nos adultos. Além disso, a riqueza alélica dos dois estágios de vida teve efeito da estrutura da paisagem, entretanto a diversidade genética dos juvenis foi afetada. Este resultado corrobora com a hipótese de que o tempo de fragmentação não foi suficiente para detectar efeitos na diversidade genética dos adultos, uma vez que a *AR* tende a responder mais rápido à fragmentação do que a *He* devido à perda de alelos raros (Keyghobadi et al., 2005).

1 Níveis intermediários de quantidade de habitat tiveram as maiores riquezas alélicas e
2 heterozigosidades nos juvenis. Este padrão observado pode ser consequência do comportamento de
3 *Glossophaga soricina*, que tem comportamento versátil dependendo da quantidade de recurso (néctar)
4 disponível (Lemke, 1984; Aguiar et al., 2014, Material Suplementar Figura S1). Esta espécie de
5 morcego tem tendência de forrageamento territorialista quando as plantas de pequi apresentam número
6 intermediário de flores ou de forragear em grupo em árvores com muitas flores. Em ambos tipos de
7 comportamento eles permanecem na mesma mancha de árvores por um longo tempo (Lemke, 1984;
8 Gribel and Hay, 1993; Aguiar et al., 2014). A alta densidade e distribuição espacial agregada do pequi
9 pode fazer com que fragmentos maiores, com maior disponibilidade de plantas, juntamente com a
10 estratégia de floração dos indivíduos formem pequenos demes, restringindo o fluxo gênico (Collevatti et
11 al., 2010a). Quando as árvores apresentam poucas flores, ou estão menos agregadas, *G. soricina*
12 apresenta um comportamento de forrageamento solitário, em linhas de captura (Aguiar et al., 2014;
13 Lemke, 1984) Este comportamento pode promover o fluxo destes morcegos entre demes ou entre
14 fragmentos, tornando a conectividade funcional um elemento importante da paisagem. Ao facilitar o
15 movimento dos polinizadores, e também possivelmente dos dispersores, as áreas de habitat mais
16 conectadas na paisagem podem aumentar o fluxo gênico e consequentemente a diversidade genética de
17 *C. brasiliense*. Assim, quanto maior a área de savana conectada ao fragmento foco, maior o fluxo dos
18 animais entre os fragmentos. A importância da conectividade funcional para a manutenção da
19 diversidade genética em *Caryocar brasiliense* foi demonstrada pelas maiores perdas de diversidade
20 genética da geração atual em relação aos adultos nos sítios com menor conectividade funcional,
21 evidenciando que a redução na conectividade funcional pode ser um fator importante que leva à perda de
22 diversidade genética em *C. brasiliense*. Entretanto, para que o fluxo entre as populações seja efetivo, as
23 sementes precisam chegar, destacando a importância da dispersão de sementes, e se estabelecer no local

1 (Auffret et al., 2017). Talvez por isso áreas de savana mais conectadas, que são o habitat do pequi, sejam
2 mais importantes que a heterogeneidade para a manutenção da diversidade genética dos juvenis,
3 evidenciando também a importância de fatores locais para a persistência da espécie.

4 Apesar da redução de diversidade genética nos juvenis, não encontramos evidências de efeito da
5 estrutura da paisagem na diferenciação genética entre os pares de sítio dentro das paisagens. Este
6 resultado foi contrário ao esperado, pois assim como para *AR*, a diferenciação genética tende a responder
7 mais rápido que alterações na heterozigosidade (Carvalho et al., 2015; Keyghobadi et al., 2005). A falta
8 de evidências de diferenciação genética pode estar relacionada ao baixo número de paisagens
9 amostradas (n=5). No entanto, a diferenciação genética dos adultos foi explicada pela heterogeneidade,
10 assim como riqueza alélica dos adultos. Este padrão deve ser analisado melhor, para verificar se a
11 diversidade de classes mudou com a fragmentação, uma vez que era esperado que a diferenciação
12 genética dos juvenis fosse alterada em decorrência dos impactos que o requerimento, comportamento e
13 movimento dos diferentes dispersores nas diferentes classes poderiam causar na dispersão das sementes.

14 Não encontramos evidências do efeito da fragmentação na endogamia. A falta de relação entre as
15 variáveis preditoras e o coeficiente de endogamia pode ser efeito da seleção contra homozigotos nos
16 primeiros estágios de vida (Vranckx et al., 2012). Para o pequi, essa seleção ocorre na fase de produção
17 dos frutos e na fase de estabelecimento da plântula (Collevatti et al., 2009; Collevatti and Hay, 2011).
18 Durante a fase de produção de frutos, grande parte das sementes provenientes de autofecundação são
19 abortadas, e sementes abortadas que não são geradas por autofecundação são sementes provenientes de
20 doadores de pólen com parentesco muito próximo com a planta-mãe (Collevatti et al., 2009). Na fase de
21 plântula e juvenil, indivíduos com menor proporção de locos heterozigostos tem maior probabilidade de
22 morte, e a taxa de mortalidade é maior em indivíduos espacialmente próximos, que geralmente são mais
23 aparentados entre si devido a dispersão limitada de suas sementes (Collevatti and Hay, 2011).

1 Não foi encontrado efeito do tamanho efetivo populacional na diversidade e diferenciação
2 genética de *C. brasiliense*. Para a diversidade genética neutra, o tamanho efetivo histórico pode ser uma
3 fator mais relevante que o tamanho efetivo contemporâneo para explicar a diferenciação e diversidade
4 genética (Carvalho et al., 2015).

5

6 **7.CONCLUSÃO**

7 Nossas análises demonstraram que a conectividade funcional é um elemento essencial das
8 paisagens estudadas, contribuindo para a manutenção da diversidade genética de *C. brasiliense*,
9 destacando relevância dos processos de polinização e dispersão no fluxo gênico em áreas fragmentadas.
10 Nossos resultados evidenciaram também que os efeitos da perda e fragmentação de habitats na
11 diversidade genética de *Caryocar brasiliense* foram mais pronunciados nos juvenis que nos adultos. Este
12 *time-lag* entre a fragmentação e a redução de diversidade genética pode gerar um débito de extinção
13 genético (Honnay et al., 2006), levando a uma mitigação dos efeitos da fragmentação (Kuussaari et al.,
14 2009). Levar em consideração diferentes atributos da história de vida, como estágio de vida, e fatores
15 ecológicos, como a distribuição espacial da espécie e o comportamento dos polinizadores e dispersores
16 na paisagem, podem ajudar a melhorar a resposta genética em razão de alterações na paisagem.

17

18 **8.REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

19 Aguiar, L.M.S., Bernard, E., Machado, R.B., 2014. Habitat use and movements of *Glossophaga soricina*
20 and *Lonchophylla dekeyseri* (Chiroptera: Phyllostomidae) in a Neotropical savannah. *Zool.*
21 *Curitiba* 31, 223–229. <https://doi.org/10.1590/S1984-46702014000300003>
22 Aguilar, R., Ashworth, L., Galetto, L., Aizen, M.A., 2006. Plant reproductive susceptibility to habitat
23 fragmentation: review and synthesis through a meta-analysis. *Ecol. Lett.* 9, 968–980.
24 <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2006.00927.x>

- 1 Aguilar, R., Quesada, M., Ashworth, L., Herrerias-Diego, Y., Lobo, J., 2008. Genetic consequences of
2 habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological
3 approaches. *Mol. Ecol.* 17, 5177–5188. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03971.x>
- 4 Alvarado, F., Escobar, F., Williams, D.R., Arroyo-Rodríguez, V., Escobar-Hernández, F., 2018. The
5 role of livestock intensification and landscape structure in maintaining tropical biodiversity. *J.*
6 *Appl. Ecol.* 55, 185–194. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12957>
- 7 Anderson, J., Rowcliffe, J.M., Cowlishaw, G., 2007. Does the matrix matter? A forest primate in a
8 complex agricultural landscape. *Biol. Conserv.* 135, 212–222.
9 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2006.10.022>
- 10 Antongiovanni, M., Metzger, J.P., 2005. Influence of matrix habitats on the occurrence of insectivorous
11 bird species in Amazonian forest fragments. *Biol. Conserv.* 122, 441–451.
12 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2004.09.005>
- 13 Auffret, A.G., Rico, Y., Bullock, J.M., Hooftman, D.A.P., Pakeman, R.J., Soons, M.B., Suárez-Esteban,
14 A., Traveset, A., Wagner, H.H., Cousins, S.A.O., 2017. Plant functional connectivity -
15 integrating landscape structure and effective dispersal. *J. Ecol.* 105, 1648–1656.
16 <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12742>
- 17 Bacles, C.F.E., Burczyk, J., Lowe, A.J., Ennos, R.A., 2005. HISTORICAL AND CONTEMPORARY
18 MATING PATTERNS IN REMNANT POPULATIONS OF THE FOREST TREEFRAXINUS
19 EXCELSIOR L. *Evolution* 59, 979–990. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2005.tb01037.x>
- 20 Bekessy, S.A., Ennos, R.A., Burgman, M.A., Newton, A.C., Ades, P.K., 2003. Neutral DNA markers
21 fail to detect genetic divergence in an ecologically important trait. *Biol. Conserv.* 110, 267–275.
22 [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(02\)00225-2](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(02)00225-2)

1 Bennett, A.F., Saunders, D.A., 2010. Habitat fragmentation and landscape change, in: Sodhi, N.S.,
2 Ehrlich, P.R. (Eds.), *Conservation Biology for All*. Oxford University Press, pp. 88–106.
3 <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780199554232.003.0006>

4 Boscolo, D., Metzger, J.P., 2009. Is bird incidence in Atlantic forest fragments influenced by landscape
5 patterns at multiple scales? *Landsc. Ecol.* 24, 907–918. <https://doi.org/10.1007/s10980-009->
6 9370-8

7 Boulding, E.G., Hay, T., 2001. Genetic and demographic parameters determining population persistence
8 after a discrete change in the environment. *Heredity* 86, 313. <https://doi.org/10.1046/j.1365->
9 2540.2001.00829.x

10 Burnham, K.P., Anderson, D.R., 2002. *Model selection and multimodel inference: a practical*
11 *information-theoretic approach*, 2nd ed. ed. Springer, New York.

12 Butchart, S.H.M., Walpole, M., Collen, B., van Strien, A., Scharlemann, J.P.W., Almond, R.E.A.,
13 Baillie, J.E.M., Bomhard, B., Brown, C., Bruno, J., Carpenter, K.E., Carr, G.M., Chanson, J.,
14 Chenery, A.M., Csirke, J., Davidson, N.C., Dentener, F., Foster, M., Galli, A., Galloway, J.N.,
15 Genovesi, P., Gregory, R.D., Hockings, M., Kapos, V., Lamarque, J.-F., Leverington, F., Loh, J.,
16 McGeoch, M.A., McRae, L., Minasyan, A., Morcillo, M.H., Oldfield, T.E.E., Pauly, D., Quader,
17 S., Revenga, C., Sauer, J.R., Skolnik, B., Spear, D., Stanwell-Smith, D., Stuart, S.N., Symes, A.,
18 Tierney, M., Tyrrell, T.D., Vie, J.-C., Watson, R., 2010. Global Biodiversity: Indicators of
19 Recent Declines. *Science* 328, 1164–1168. <https://doi.org/10.1126/science.1187512>

20 Carvajal-Rodríguez, A., Rolán-Alvarez, E., Caballero, A., 2005. Quantitative variation as a tool for
21 detecting human-induced impacts on genetic diversity. *Biol. Conserv.* 124, 1–13.
22 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2004.12.008>

1 Carvalho, C.S., Ribeiro, M.C., Côrtes, M.C., Galetti, M., Collevatti, R.G., 2015. Contemporary and
2 historic factors influence differently genetic differentiation and diversity in a tropical palm.
3 *Heredity* 115, 216–224. <https://doi.org/10.1038/hdy.2015.30>

4 Cheptou, P.-O., Hargreaves, A.L., Bonte, D., Jacquemyn, H., 2017. Adaptation to fragmentation:
5 evolutionary dynamics driven by human influences. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 372,
6 20160037. <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0037>

7 Collevatti, R.G., Brondani, R.V., Grattapaglia, D., 1999. Development and characterization of
8 microsatellite markers for genetic analysis of a Brazilian endangered tree species. *Heredity* 83,
9 748–756.

10 Collevatti, Rosane G., Estolano, R., Garcia, S.F., Hay, J.D., 2010. Short-distance pollen dispersal and
11 high self-pollination in a bat-pollinated neotropical tree. *Tree Genet. Genomes* 6, 555–564.
12 <https://doi.org/10.1007/s11295-010-0271-4>

13 Collevatti, R.G., Estolano, R., Garcia, S.F., Hay, J.D., 2009. Seed abortion in the bat pollinated
14 Neotropical tree species, *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae). *Botany* 87, 1110–1115.
15 <https://doi.org/10.1139/B09-054>

16 Collevatti, Rosane G., Grattapaglia, D., Hay, J.D., 2001. Population genetic structure of the endangered
17 tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. *Mol. Ecol.*
18 10, 349–356.

19 Collevatti, Rosane Garcia, Grattapaglia, D., Hay, J.D., 2001. High resolution microsatellite based
20 analysis of the mating system allows the detection of significant biparental inbreeding in
21 *Caryocar brasiliense*, an endangered tropical tree species 86, 60–67.

22 Collevatti, R.G., Grattapaglia, D., Hay, John.D., 2002. Evidences for multiple maternal lineages of
23 *Caryocar brasiliense* populations in the Brazilian Cerrado based on the analysis of chloroplast

1 DNA sequences and microsatellite haplotype variation: PHYLOGEOGRAPHY OFC.
2 BRASILIENSE. Mol. Ecol. 12, 105–115. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01701.x>

3 Collevatti, R.G., Hay, J.D., 2011a. Kin structure and genotype-dependent mortality: a study using the
4 neotropical tree *Caryocar brasiliense*: Kin structure and genotype-dependent mortality. J. Ecol.
5 99, 757–763. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2745.2011.01796.x>

6 Collevatti, R.G., Hay, J.D., 2011b. Kin structure and genotype-dependent mortality: a study using the
7 neotropical tree *Caryocar brasiliense*: Kin structure and genotype-dependent mortality. J. Ecol.
8 99, 757–763. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2745.2011.01796.x>

9 Collevatti, Rosane Garcia, Lima, J.S., Soares, T.N., Telles, M.P. de C., 2010. Spatial Genetic Structure
10 and Life History Traits in Cerrado Tree Species: Inferences for Conservation. Nat. Conserv. 08,
11 54–59. <https://doi.org/10.4322/natcon.00801008>

12 Collinge, S.K., 2009. Ecology of fragmented landscapes. Johns Hopkins University Press, Baltimore.

13 Cramer, J.M., Mesquita, R.C.G., Bentos, T.V., Moser, B., Williamson, G.B., 2007. Forest
14 Fragmentation Reduces Seed Dispersal of *Duckeodendron cestroides*, a Central Amazon
15 Endemic. Biotropica 39, 709–718. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2007.00317.x>

16 Crawford, K.M., Whitney, K.D., 2010. Population genetic diversity influences colonization success. Mol.
17 Ecol. 19, 1253–1263.

18 DiBattista, J.D., 2008. Patterns of genetic variation in anthropogenically impacted populations. Conserv.
19 Genet. 9, 141–156. <https://doi.org/10.1007/s10592-007-9317-z>

20 Do, C., Waples, R.S., Peel, D., Macbeth, G.M., Tillett, B.J., Ovenden, J.R., 2014. NeEstimator v2: re-
21 implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e)
22 from genetic data. Mol. Ecol. Resour. 14, 209–214. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157>

23 Doyle, J.J., Doyle, J.L., 1987. Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus 12, 13–15.

- 1 Eycott, A.E., Stewart, G.B., Buyung-Ali, L.M., Bowler, D.E., Watts, K., Pullin, A.S., 2012. A meta-
2 analysis on the impact of different matrix structures on species movement rates. *Landsc. Ecol.*
3 27, 1263–1278. <https://doi.org/10.1007/s10980-012-9781-9>
- 4 Fahrig, L., 2017a. Ecological Responses to Habitat Fragmentation Per Se. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*
5 48, 1–23. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022612>
- 6 Fahrig, L., 2017b. Ecological Responses to Habitat Fragmentation Per Se. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*
7 48, 1–23. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022612>
- 8 Fahrig, L., 2003a. Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 34,
9 487–515. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132419>
- 10 Fahrig, L., 2003b. Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 34,
11 487–515. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132419>
- 12 Ferreira, G.A., Naves, R.V., Chaves, L.J., Veloso, V.D.R., Souza, E.R.B.D., 2015. PRODUÇÃO DE
13 FRUTOS DE POPULAÇÕES NATURAIS DE PEQUIZEIRO NO ESTADO DE GOIÁS. *Rev.*
14 *Bras. Frutic.* 37, 121–129. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-404/13>
- 15 Foley, J.A., 2005. Global Consequences of Land Use. *Science* 309, 570–574.
16 <https://doi.org/10.1126/science.1111772>
- 17 Fontúrbel, F.E., Candia, A.B., Malebrán, J., Salazar, D.A., González-Browne, C., Medel, R., 2015.
18 Meta-analysis of anthropogenic habitat disturbance effects on animal-mediated seed dispersal.
19 *Glob. Change Biol.* 21, 3951–3960. <https://doi.org/10.1111/gcb.13025>
- 20 Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D.A., 2008. *Fundamentos de Genética da Conservação*, 1st ed.
21 SBG (Sociedade Brasileira de Genética), Ribeirão Preto, SP.

1 Galetti, M., Donatti, C.I., Pires, A.S., Guimarães, P.R., Jordano, P., 2006. Seed survival and dispersal of
2 an endemic Atlantic forest palm: the combined effects of defaunation and forest fragmentation.
3 *Bot. J. Linn. Soc.* 151, 141–149. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.2006.00529.x>

4 García, C., Jordano, P., Arroyo, J.M., Godoy, J.A., 2009. Maternal genetic correlations in the seed rain:
5 effects of frugivore activity in heterogeneous landscapes. *J. Ecol.* 97, 1424–1435.
6 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2745.2009.01577.x>

7 García, C., Jordano, P., Godoy, J.A., 2007. Contemporary pollen and seed dispersal in a *Prunus*
8 mahaleb population: patterns in distance and direction: POLLEN AND SEED DISPERSAL
9 PATTERNS IN PRUNUS MAHALEB. *Mol. Ecol.* 16, 1947–1955.
10 <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03126.x>

11 Ghazoul, J., McLeish, M., 2001. Reproductive ecology of tropical forest trees in logged and fragmented
12 habitats in Thailand and Costa Rica. *Trop. For. Canopies Ecol. Manag.* 69, 335–345.
13 https://doi.org/10.1007/978-94-017-3606-0_27

14 Goudet, J., 2005. hierfstat, a package for r to compute and test hierarchical F-statistics. *Mol. Ecol. Notes*
15 5, 184–186. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00828.x>

16 Gribel, R., Hay, J.D., 1993. Pollination ecology of *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae) in Central
17 Brazil cerrado vegetation. *J. Trop. Ecol.* 9, 199–211.
18 <https://doi.org/10.1017/S0266467400007173>

19 Guimarães, P.R., Galetti, M., Jordano, P., 2008. Seed Dispersal Anachronisms: Rethinking the Fruits
20 Extinct Megafauna Ate. *PLoS ONE* 3, e1745. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001745>

21 Hall, P., Walker, S., Bawa, K., 1996. Effect of Forest Fragmentation on Genetic Diversity and Mating
22 System in a Tropical Tree, *Pithecellobium elegans*. *Conserv. Biol.* 10, 757–768.
23 <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.1996.10030757.x>

- 1 Hedrick, P.W., 2005. A STANDARDIZED GENETIC DIFFERENTIATION MEASURE. *Evolution* 59,
2 1633–1638. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2005.tb01814.x>
- 3 Holderegger, R., Kamm, U., Gugerli, F., 2006. Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for
4 landscape genetics. *Landsc. Ecol.* 21, 797–807. <https://doi.org/10.1007/s10980-005-5245-9>
- 5 Holderegger, R., Wagner, H.H., 2008. Landscape genetics. *BioScience* 58, 199–207.
6 <https://doi.org/10.1641/B580306>
- 7 Honnay, O., Coart, E., Butaye, J., Adriaens, D., Van Glabeke, S., Roldán-Ruiz, I., 2006. Low impact of
8 present and historical landscape configuration on the genetics of fragmented *Anthyllis vulneraria*
9 populations. *Biol. Conserv.* 127, 411–419. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.09.006>
- 10 Janzen, D.H., Martin, P.S., 1982. Neotropical Anachronisms: The Fruits the Gomphotheres Ate. *Science*
11 215, 19–27. <https://doi.org/10.1126/science.215.4528.19>
- 12 Jost, L., 2008. G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Mol. Ecol.* 17, 4015–4026.
13 <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03887.x>
- 14 Jump, A.S., Penuelas, J., 2006. Genetic effects of chronic habitat fragmentation in a wind-pollinated
15 tree. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 103, 8096–8100. <https://doi.org/10.1073/pnas.0510127103>
- 16 Keller, L., Waller, D.M., 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends Ecol. Evol.* 17, 230–241.
17 [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)02489-8](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)02489-8)
- 18 Keyghobadi, N., Roland, J., Matter, S.F., Strobeck, C., 2005. Among- and within-patch components of
19 genetic diversity respond at different rates to habitat fragmentation: an empirical demonstration.
20 *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* 272, 553–560. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2976>
- 21 Kitajima, K., Fenner, M., 2000. Ecology of seedling regeneration., in: Fenner, M. (Ed.), *Seeds: The*
22 *Ecology of Regeneration in Plant Communities*. CABI, Wallingford, pp. 331–359.
23 <https://doi.org/10.1079/9780851994321.0331>

- 1 Klink, C.A., Machado, R.B., 2005. Conservation of the Brazilian Cerrado. *Conserv. Biol.* 19, 707–713.
2 <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2005.00702.x>
- 3 Kramer, A.T., Ison, J.L., Ashley, M.V., Howe, H.F., 2008. The Paradox of Forest Fragmentation
4 Genetics: Paradox of Fragmentation Genetics. *Conserv. Biol.* 22, 878–885.
5 <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.00944.x>
- 6 Kuussaari, M., Bommarco, R., Heikkinen, R.K., Helm, A., Krauss, J., Lindborg, R., Öckinger, E., Pärtel,
7 M., Pino, J., Rodà, F., Stefanescu, C., Teder, T., Zobel, M., Steffan-Dewenter, I., 2009.
8 Extinction debt: a challenge for biodiversity conservation. *Trends Ecol. Evol.* 24, 564–571.
9 <https://doi.org/10.1016/j.tree.2009.04.011>
- 10 Labouche, A.-M., Richards, S.A., Pannell, J.R., 2017. Effects of pollination intensity on offspring
11 number and quality in a wind-pollinated herb. *J. Ecol.* 105, 197–208.
12 <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12659>
- 13 Leinonen, T., Cano, J.M., MäKinen, H., Merilä, J., 2006. Contrasting patterns of body shape and neutral
14 genetic divergence in marine and lake populations of threespine sticklebacks. *J. Evol. Biol.* 19,
15 1803–1812. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2006.01182.x>
- 16 Leinonen, T., O’Hara, R.B., Cano, J.M., Merilä, J., 2008. Comparative studies of quantitative trait and
17 neutral marker divergence: a meta-analysis: $Q_{ST} - F_{ST}$ meta-analysis. *J. Evol. Biol.* 21, 1–17.
18 <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2007.01445.x>
- 19 Lemke, T.O., 1984. Foraging Ecology of the Long-Nosed Bat, *Glossophaga Soricina*, With Respect to
20 Resource Availability. *Ecology* 65, 538–548. <https://doi.org/10.2307/1941416>
- 21 Levins, R., 1969. Some Demographic and Genetic Consequences of Environmental Heterogeneity for
22 Biological Control. *Bull. Entomol. Soc. Am.* 15, 237–240. <https://doi.org/10.1093/besa/15.3.237>

- 1 Lyra-Jorge, M.C., Ciocheti, G., Pivello, V.R., 2008. Carnivore mammals in a fragmented landscape in
2 northeast of São Paulo State, Brazil. *Biodivers. Conserv.* 17, 1573–1580.
3 <https://doi.org/10.1007/s10531-008-9366-8>
- 4 Lyra-Jorge, M.C., Ribeiro, M.C., Ciocheti, G., Tambosi, L.R., Pivello, V.R., 2010. Influence of multi-
5 scale landscape structure on the occurrence of carnivorous mammals in a human-modified
6 savanna, Brazil. *Eur. J. Wildl. Res.* 56, 359–368. <https://doi.org/10.1007/s10344-009-0324-x>
- 7 Manel, S., Holderegger, R., 2013. Ten years of landscape genetics. *Trends Ecol. Evol.* 28, 614–621.
8 <https://doi.org/10.1016/j.tree.2013.05.012>
- 9 Manel, S., Schwartz, M.K., Luikart, G., Taberlet, P., 2003. Landscape genetics: combining landscape
10 ecology and population genetics. *Trends Ecol. Evol.* 18, 189–197. [https://doi.org/10.1016/S0169-
11 5347\(03\)00008-9](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00008-9)
- 12 Markl, J.S., Schleuning, M., Forget, P.M., Jordano, P., Lambert, J.E., Traveset, A., Wright, S.J.,
13 Böhning-Gaese, K., 2012. Meta-Analysis of the Effects of Human Disturbance on Seed
14 Dispersal by Animals: Human Effects on Animal Seed Dispersal. *Conserv. Biol.* 26, 1072–1081.
15 <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2012.01927.x>
- 16 Martensen, A.C., Ribeiro, M.C., Banks-Leite, C., Prado, P.I., Metzger, J.P., 2012. Associations of Forest
17 Cover, Fragment Area, and Connectivity with Neotropical Understory Bird Species Richness and
18 Abundance: Modulators of Avifaunal Composition. *Conserv. Biol.* 26, 1100–1111.
19 <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2012.01940.x>
- 20 Martins, K., Kimura, R.K., Francisconi, A.F., Gezan, S., Kainer, K., Christianini, A.V., 2016. The role
21 of very small fragments in conserving genetic diversity of a common tree in a hyper fragmented
22 Brazilian Atlantic forest landscape. *Conserv. Genet.* 17, 509–520.
23 <https://doi.org/10.1007/s10592-015-0800-7>

- 1 Melo, F.P.L., Martínez-Salas, E., Benítez-Malvido, J., Ceballos, G., 2010. Forest fragmentation reduces
2 recruitment of large-seeded tree species in a semi-deciduous tropical forest of southern Mexico.
3 *J. Trop. Ecol.* 26, 35–43. <https://doi.org/10.1017/S0266467409990435>
- 4 Metzger, J.P., 2006. Estrutura da paisagem: o uso adequado de métricas, in: *Métodos de estudos em*
5 *biologia da Conservação e manejo da vida silvestre*. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, p.
6 652.
- 7 Metzger, J.P., 2001. O que é ecologia de paisagens? *Biota Neotropica* 1, 1–9.
8 <https://doi.org/10.1590/S1676-06032001000100006>
- 9 Moreira, P.A., Fernandes, G.W., Collevatti, R.G., 2009. Fragmentation and spatial genetic structure in
10 *Tabebuia ochracea* (Bignoniaceae) a seasonally dry Neotropical tree. *For. Ecol. Manag.* 258,
11 2690–2695. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2009.09.037>
- 12 Mousadik, A.E., Petit, R.J., 1996. High level of genetic differentiation for allelic richness among
13 populations of the argan tree (*Argania spinosa* (L.) Skeels) endemic to Morocco. *Theor. Appl.*
14 *Genet.* 92, 832–839.
- 15 Nason, J.D., Hamrick, J.L., 1997. Reproductive and Genetic Consequences of Forest Fragmentation:
16 Two Case Studies of Neotropical Canopy Trees. *J. Hered.* 88, 264–276.
17 <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a023104>
- 18 Nathan, R., Muller-Landau, H.C., 2000. Spatial patterns of seed dispersal, their determinants and
19 consequences for recruitment. *Trends Ecol. Evol.* 15, 278–285. [https://doi.org/10.1016/S0169-](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(00)01874-7)
20 [5347\(00\)01874-7](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(00)01874-7)
- 21 Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of
22 individuals. *Genetics* 89, 583–590.

- 1 Pardini, R., de Souza, S.M., Braga-Neto, R., Metzger, J.P., 2005. The role of forest structure, fragment
2 size and corridors in maintaining small mammal abundance and diversity in an Atlantic forest
3 landscape. *Biol. Conserv.* 124, 253–266. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.01.033>
- 4 Prevedello, J.A., Vieira, M.V., 2010. Does the type of matrix matter? A quantitative review of the
5 evidence. *Biodivers. Conserv.* 19, 1205–1223. <https://doi.org/10.1007/s10531-009-9750-z>
- 6 Quesada, M., Herrerías-Diego, Y., Lobo, J.A., Sánchez-Montoya, G., Rosas, F., Aguilar, R., 2013.
7 Long-term effects of habitat fragmentation on mating patterns and gene flow of a tropical dry
8 forest tree, *Ceiba aesculifolia* (Malvaceae: Bombacoideae). *Am. J. Bot.* 100, 1095–1101.
9 <https://doi.org/10.3732/ajb.1200542>
- 10 Quesada, M., Stoner, K.E., Lobo, J.A., Herrerias-Diego, Y., Palacios, C., Munguia-Rosas, M.A., 2004.
11 Effects of Forest Fragmentation on Pollinator Activity and Consequences for Plant Reproductive
12 Success and Mating Patterns in Bat-pollinated Bombacaceous Trees 8.
- 13 Reed, D.H., Frankham, R., 2001. How closely correlated are molecular and quantitative measures of
14 genetic variation? A meta-analysis. *Evolution* 55, 1095–1103.
- 15 Ribeiro, M.C., Metzger, J.P., Martensen, A.C., Ponzoni, F.J., Hirota, M.M., 2009. The Brazilian Atlantic
16 Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for
17 conservation. *Biol. Conserv.* 142, 1141–1153. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.02.021>
- 18 Ricketts, T.H., 2001. The Matrix Matters: Effective Isolation in Fragmented Landscapes. *Am. Nat.* 158,
19 87–99.
- 20 Rodríguez-Cabal, M.A., Aizen, M.A., Novaro, A.J., 2007. Habitat fragmentation disrupts a plant-
21 disperser mutualism in the temperate forest of South America. *Biol. Conserv.* 139, 195–202.
22 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2007.06.014>
- 23 Roff, D.A., 1997. *Evolutionary quantitative genetics*. Chapman & Hall, New York.

1 Rossetti, M.R., Tschamntke, T., Aguilar, R., Batáry, P., 2017. Responses of insect herbivores and
2 herbivory to habitat fragmentation: a hierarchical meta-analysis. *Ecol. Lett.* 20, 264–272.
3 <https://doi.org/10.1111/ele.12723>

4 Sæther, B.-E., Engen, S., Møller, A.P., Visser, M.E., Matthysen, E., Fiedler, W., Lambrechts, M.M.,
5 Becker, P.H., Brommer, J.E., Dickinson, J., du Feu, C., Gehlbach, F.R., Merilä, J., Rendell, W.,
6 Robertson, R.J., Thomson, D., Török, J., 2005. TIME TO EXTINCTION OF BIRD
7 POPULATIONS. *Ecology* 86, 693–700. <https://doi.org/10.1890/04-0878>

8 Sano, E.E., Rosa, R., Brito, J.L.S., Ferreira, L.G., 2010. Land cover mapping of the tropical savanna
9 region in Brazil. *Environ. Monit. Assess.* 166, 113–124. [https://doi.org/10.1007/s10661-009-](https://doi.org/10.1007/s10661-009-0988-4)
10 [0988-4](https://doi.org/10.1007/s10661-009-0988-4)

11 Scariot, A., Sousa-Silva, J.C., Felfili, J.M., 2005. *Cerrado: Ecologia, biodiversidade e Conservação*, 1o.
12 ed. Ministério do Meio Ambiente, Brasília.

13 Sebbenn, A.M., Carvalho, A.C.M., Freitas, M.L.M., Moraes, S.M.B., Gaino, A.P.S.C., da Silva, J.M.,
14 Jolivet, C., Moraes, M.L.T., 2011. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong
15 spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree
16 *Copaifera langsdorffii* Desf. *Heredity* 106, 134–145. <https://doi.org/10.1038/hdy.2010.33>

17 Sebbenn, A.M., Kageyama, P.Y., Machado, J.A.R., 1998. Parâmetros genéticos na conservação da
18 cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão Genetic Parameters in the Conservation of
19 Cabreuva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. *Sci. For.* 53, 31–38.

20 Silva, J.F., Farinas, M.R., Felfili, J.M., Klink, C.A., 2006. Spatial heterogeneity, land use and
21 conservation in the cerrado region of Brazil. *J. Biogeogr.* 33, 536–548.
22 <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2005.01422.x>

1 Spitze, K., 1993. Population Structure in *Daphnia obtusa*: Quantitative Genetic and Allozymic Variation.
2 Genetics 135, 367–374.

3 Storfer, A., Murphy, M.A., Evans, J.S., Goldberg, C.S., Robinson, S., Spear, S.F., Dezzani, R.,
4 Delmelle, E., Vierling, L., Waits, L.P., 2007. Putting the ‘landscape’ in landscape genetics.
5 Heredity 98, 128–142. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800917>

6 Storfer, A., Murphy, M.A., Spear, S.F., Holderegger, R., Waits, L.P., 2010. Landscape genetics: where
7 are we now? Mol. Ecol. 19, 3496–3514. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04691.x>

8 Strassburg, B.B.N., Brooks, T., Feltran-Barbieri, R., Iribarrem, A., Crouzeilles, R., Loyola, R.,
9 Latawiec, A.E., Oliveira Filho, F.J.B., Scaramuzza, C.A. de M., Scarano, F.R., Soares-Filho, B.,
10 Balmford, A., 2017. Moment of truth for the Cerrado hotspot. Nat. Ecol. Evol. 1, 0099.
11 <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0099>

12 Taki, H., Kevan, P.G., Ascher, J.S., 2007. Landscape effects of forest loss in a pollination system.
13 Landsc. Ecol. 22, 1575–1587. <https://doi.org/10.1007/s10980-007-9153-z>

14 Taylor, P.D., Fahrig, L., Henein, K., Merriam, G., 1993. Connectivity Is a Vital Element of Landscape
15 Structure. Oikos 68, 571. <https://doi.org/10.2307/3544927>

16 Thompson, P.L., Rayfield, B., Gonzalez, A., 2017a. Loss of habitat and connectivity erodes species
17 diversity, ecosystem functioning, and stability in metacommunity networks. Ecography 40, 98–
18 108. <https://doi.org/10.1111/ecog.02558>

19 Thompson, P.L., Rayfield, B., Gonzalez, A., 2017b. Loss of habitat and connectivity erodes species
20 diversity, ecosystem functioning, and stability in metacommunity networks. Ecography 40, 98–
21 108. <https://doi.org/10.1111/ecog.02558>

22 Turner, M.G., 1989. Landscape Ecology: The Effect of Pattern on Process. Annu. Rev. Ecol. Syst. 2,
23 171–197.

- 1 Umetsu, F., Pardini, R., 2007. Small mammals in a mosaic of forest remnants and anthropogenic
2 habitats—evaluating matrix quality in an Atlantic forest landscape. *Landsc. Ecol.* 22, 517–530.
3 <https://doi.org/10.1007/s10980-006-9041-y>
- 4 Uriarte, M., Anciães, M., da Silva, M.T.B., Rubim, P., Johnson, E., Bruna, E.M., 2011. Disentangling
5 the drivers of reduced long-distance seed dispersal by birds in an experimentally fragmented
6 landscape. *Ecology* 92, 924–937. <https://doi.org/10.1890/10-0709.1>
- 7 Uriarte, M., Bruna, E.M., Rubim, P., Anciães, M., Jonckheere, I., 2010. Effects of forest fragmentation
8 on the seedling recruitment of a tropical herb: assessing seed vs. safe-site limitation. *Ecology* 91,
9 1317–1328. <https://doi.org/10.1890/09-0785.1>
- 10 Valdivia, C.E., Simonetti, J.A., Henríquez, C.A., 2006. Depressed Pollination of *Lapageria rosea* Ruiz et
11 Pav. (Philesiaceae) in the Fragmented Temperate Rainforest of Southern South America.
12 *Biodivers. Conserv.* 15, 1845–1856. <https://doi.org/10.1007/s10531-004-6683-4>
- 13 Vieira, R.F., Costa, T. da S.A., Silva, D.B., Ferreira, F.R., Sano, S.M., 2006. *Frutas Nativas da Região*
14 *Centro-Oeste do Brasil, 1a Edição.* ed. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília.
- 15 Vranckx, G., Jacquemyn, H., Muys, B., Honnay, O., 2012. Meta-Analysis of Susceptibility of Woody
16 Plants to Loss of Genetic Diversity through Habitat Fragmentation: Genetic Loss in Woody
17 Plants. *Conserv. Biol.* 26, 228–237. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2011.01778.x>
- 18 Wagner, H.H., Fortin, M.-J., 2013. A conceptual framework for the spatial analysis of landscape genetic
19 data. *Conserv. Genet.* 14, 253–261. <https://doi.org/10.1007/s10592-012-0391-5>
- 20 Weir, B.S., Cockerham, C.C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure.
21 *Evolution* 38, 1358–1370.

- 1 Willi, Y., Van Buskirk, J., Hoffmann, A.A., 2006. Limits to the Adaptive Potential of Small
2 Populations. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 37, 433–458.
3 <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.37.091305.110145>
- 4 Winkler, M., Koch, M., Hietz, P., 2011. High gene flow in epiphytic ferns despite habitat loss and
5 fragmentation. *Conserv. Genet.* 12, 1411–1420. <https://doi.org/10.1007/s10592-011-0239-4>
- 6 Winter, D.J., 2012. mmod : an R library for the calculation of population differentiation statistics. *Mol.*
7 *Ecol. Resour.* 12, 1158–1160. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03174.x>
- 8 Wright, S., 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics* 16, 97–159.
- 9 Young, A., Boyle, T., Brown, T., 1996. The population genetic consequences of habitat fragmentation
10 for plants. *Trends Ecol. Evol.* 11, 413–418. [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(96\)10045-8](https://doi.org/10.1016/0169-5347(96)10045-8)
- 11 Zardo, R.N., Henriques, R.P.B., 2011. Growth and fruit production of the tree *Caryocar brasiliense* in
12 the Cerrado of central Brazil. *Agrofor. Syst.* 82, 15–23. [https://doi.org/10.1007/s10457-011-](https://doi.org/10.1007/s10457-011-9380-9)
13 [9380-9](https://doi.org/10.1007/s10457-011-9380-9)
- 14 Zuur, A.F., Ieno, E.N., Walker, N.J., Saveliev, A.A., Simth, G.M. (Eds.), 2009. Mixed effects models
15 and extensions in ecology with R, Statistics for biology and health. Springer, New York, NY.

16
17
18
19
20
21
22
23
24
25

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17

9.MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1. Repetição dos motivos, amplitude, temperatura de pareamento para locos microssatélites desenvolvidos para *Caryocar brasiliense* e a combinação de primers para montagem das multiplex (Collevatti *et al.* 1999). pb= pares de base.

Locus	Motivo de repetição	Amplitude do tamanho do fragmento (pb)	Temperatura (°C)	Multiplex	Fluorescência
cb1	(AG) ₂₇	150-195	54	1	6-FAM, azul
cb3	(AG) ₂₅	130-175	56	1	HEX, verde
cb5	(AG) ₁₉	130-180	56	1	NED, amarelo
cb6	(AG) ₁₉	105-160	56	2	6-FAM, azul
cb11	(AG) ₂₈	135-185	56	2	HEX, verde
cb20	(AG) ₂₂	140-185	56	2	NED, amarelo
cb12	(AG) ₂₁ (AC) ₉	150-210	56	3	6-FAM, azul
cb13	(AG) ₁₅	125-170	54	3	HEX, verde
cb23	(AG) ₁₈	110-185	56	3	NED, amarelo
cb9	(AG) ₂₁	55-95	56	3	6-FAM, azul

1 **Tabela S2.** Correlação de Pearson entre as variáveis predictoras calculadas para análise a nível de nó
2 (500m) e análise à nível de *link* (2km, 4km e 6km) em cinco paisagens e 10 sítios amostrados no estado
3 de Goiás, Brasil. **PLAND**= porcentagem de cobertura de savana; **FI**= isolamento funcional; **CONN**=
4 conectividade funcional; **LPI**= dominância; **PR**= riqueza de classes; **PRD**= densidade da diversidade
5 de classes. **SHDI**= índice de diversidade de Shannon; **SIDI** = índice de diversidade de Simpson; **SHEI**
6 = índice de equabilidade de Shannon; **SIEI**= índice de equabilidade de Simpson. Métricas selecionadas
7 para o presente estudo foram: **PLAND**, **CONN** e **SHDI** para análise a nível de nó e **PLAND** e **SHDI**
8 para análises a nível de *link*. Valores abaixo da diagonal são os coeficientes de correlação (R^2) e os
9 valores de p estão acima da diagonal. * $p < 0.05$.

10

Escala	PLAND	FI	CONN	LPI	PR	PRD	SHDI	SIDI	SHEI	SIEI
500m	PLAND	0.003*	0.547	0.517	0.009*	0.001*	0.771	0.660	0.148	0.413
	-0.827	FI	0.022*	0.063	0.014*	0.042*	0.249	0.137	0.009*	0.045*
	-0.217	0.707	CONN	0.060	0.199	0.923	0.188	0.090	0.033*	0.037*
	0.233	-0.606	-0.612	LPI	0.918	0.367	0.003*	0.000*	0.002*	0.000*
	0.766	-0.743	-0.444	0.038	PR	0.268	0.428	0.648	0.565	0.973
	-0.871	0.650	-0.035	-0.320	-0.388	PRD	0.373	0.377	0.130	0.289
	-0.106	0.403	0.454	-0.837	0.283	0.316	SHDI	0.000*	0.000*	0.000*
	-0.159	0.504	0.563	-0.909	0.165	0.314	0.986	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.124	0.499	0.628	-0.872	0.156	0.239	0.977	0.991	0.000*	0.000*
	-0.493	0.772	0.673	-0.855	-0.207	0.512	0.878	0.919	SHEI	0.000*
	-0.292	0.642	0.662	-0.921	-0.012	0.372	0.948	0.984	0.969	SIEI
-0.360	0.724	0.763	-0.881	-0.159	0.349	0.885	0.936	0.982	0.982	
2km	PLAND	0.005*	0.03*	0.014*	0.057	0.057	0.120	0.108	0.105	0.103
	-0.973	FI	0.013*	0.053	0.126	0.126	0.258	0.234	0.233	0.226
	0.914	-0.950	CONN	0.044*	0.090	0.090	0.242	0.209	0.214	0.201
	0.947	-0.874	0.888	LPI	0.011*	0.011*	0.032*	0.026*	0.023*	0.023*
	-0.867	0.772	-0.819	-0.955	PR	0.000*	0.013*	0.007*	0.012*	0.007*
	-0.867	0.772	-0.819	-0.955	1.000	PRD	0.013*	0.007*	0.012*	0.007*
	-0.779	0.627	-0.643	-0.910	0.951	0.951	SHDI	0.000*	0.000*	0.000*
	-0.795	0.651	-0.678	-0.923	0.967	0.967	0.998	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.687	0.512	-0.535	-0.845	0.909	0.909	0.990	0.984	0.003*	0.003*
	-0.799	0.652	-0.672	-0.928	0.954	0.954	0.998	0.997	SHEI	0.003*
	-0.801	0.659	-0.686	-0.928	0.968	0.968	0.998	1.000	0.998	SIEI
-0.705	0.534	-0.559	-0.863	0.914	0.914	0.993	0.986	0.989	0.985	

4km	PLAND	0.003*	0.005*	0.042*	0.014*	0.015*	0.054	0.053	0.048*	0.052
	-0.980	FI	0.000*	0.039*	0.003*	0.003*	0.042*	0.049*	0.043*	0.049*
	0.976	-0.998	CONN	0.052	0.006*	0.006*	0.059	0.067	0.059	0.068
	0.891	-0.897	0.875	LPI	0.017*	0.017*	0.003*	0.001*	0.001*	0.001*
	-0.947	0.982	-0.970	-0.941	PR	0.000*	0.012*	0.018*	0.015*	0.019*
	-0.947	0.982	-0.970	-0.941	1.000	PRD	0.012*	0.018*	0.015*	0.019*
	-0.872	0.891	-0.863	-0.983	0.953	0.953	SHDI	0.000*	0.000*	0.000*
	-0.873	0.880	-0.851	-0.989	0.939	0.939	0.997	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.788	0.799	-0.762	-0.963	0.885	0.885	0.984	0.987	0.003*	0.002*
	-0.882	0.891	-0.863	-0.992	0.946	0.946	0.998	1.000	SHEI	0.000*
	-0.875	0.879	-0.850	-0.990	0.937	0.937	0.996	1.000	0.999	SIEI
	-0.797	0.797	-0.761	-0.969	0.877	0.877	0.980	0.988	0.984	0.988
6km	PLAND	0.00*	0.003*	0.034*	0.288	0.288	0.110	0.097	0.086	0.092
	-0.990	FI	0.004*	0.014*	0.382	0.383	0.081	0.079	0.063	0.075
	0.982	-0.976	CONN	0.060	0.247	0.248	0.183	0.173	0.152	0.166
	0.906	-0.948	0.862	LPI	0.725	0.726	0.013*	0.019*	0.009*	0.018*
	0.597	-0.508	0.637	0.217	PR	0.000*	0.990	0.922	0.913	0.904
	0.597	-0.508	0.637	0.217	1.000	PRD	0.988	0.920	0.911	0.902
	-0.792	0.831	-0.706	-0.951	-0.008	-0.010	SHDI	0.001*	0.000*	0.001*
	-0.809	0.834	-0.717	-0.937	-0.061	-0.063	0.994	SIDI	0.000*	0.000*
	-0.720	0.751	-0.617	-0.891	0.070	0.068	0.987	0.990	0.003*	0.002*
	-0.825	0.858	-0.741	-0.960	-0.068	-0.070	0.998	0.996	SHEI	0.000*
	-0.816	0.839	-0.725	-0.938	-0.075	-0.077	0.993	1.000	0.996	SIEI
	-0.744	0.769	-0.640	-0.898	0.028	0.025	0.987	0.994	0.985	0.993

1

2

3

1 **Tabela S3.** Seleção de modelos a nível de nó para os parâmetros genéticos estimados para adultos de *C. brasiliense* em
2 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. PLAND= porcentagem de cobertura de savana, CONN= conectividade
3 funcional, SHDI= índice de diversidade de Shannon, NE= tamanho efetivo populacional, NULO= modelo nulo. Modelos
4 em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para primeira variável
5 do modelo, p2= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p1	p2	R ²
Riqueza alélica	PLAND	M1	9.90	0.01	0.24	-	0.08
	CONN	M2	10.60	0.00	0.29	-	0.03
	SHDI	M3	0.00	0.96	0.00*	-	0.62
	Ne	M4	11.20	0.00	0.73	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	9.30	0.01	0.22	0.34	0.11
	PLAND+Ne	M6	9.30	0.01	0.22	0.89	0.11
	CONN+Ne	M7	10.60	0.00	0.28	0.82	0.03
	Null	M0	11.00	0.00	-	-	-
Coeficiente de endogamia	PLAND	M1	0.00	0.14	0.85	-	0.00
	CONN	M2	0.00	0.14	0.55	-	0.00
	SHDI	M3	0.00	0.14	0.46	-	0.00
	Ne	M4	0.00	0.14	0.55	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.00	0.14	0.85	0.55	0.00
	PLAND+Ne	M6	0.00	0.14	0.85	0.55	0.00
	CONN+Ne	M7	0.00	0.14	0.54	0.55	0.00
	Null	M0	2.80	0.03	-	-	-
Heterozigosidade esperada	PLAND	M1	2.30	0.14	0.09	-	0.28
	CONN	M2	3.80	0.07	0.12	-	0.20
	SHDI	M3	4.20	0.06	0.14	-	0.17
	Ne	M4	6.80	0.02	0.48	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.00	0.46	0.09	0.11	0.39
	PLAND+Ne	M6	1.90	0.18	0.08	0.94	0.30
	CONN+Ne	M7	3.80	0.07	0.12	0.89	0.20
	Null	M0	6.70	0.02	-	-	-

1 **Tabela S4.** Seleção de modelos a nível de nó para os parâmetros genéticos estimados para juvenis de *C. brasiliense* em
2 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. PLAND= porcentagem de cobertura de savana, CONN= conectividade
3 funcional, SHDI= índice de diversidade de Shannon, NE= tamanho efetivo populacional, NULO= modelo nulo. Modelos
4 em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para primeira variável
5 do modelo, p2= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p1	p2	R ²
Riqueza alélica	PLAND	M1	0.00	0.38	0.03*	-	0.49
	CONN	M2	4.40	0.04	0.07	-	0.30
	SHDI	M3	8.20	0.01	0.28	-	0.04
	Ne	M4	8.90	0.00	0.39	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	1.20	0.20	0.09	0.10	0.43
	PLAND+Ne	M6	0.30	0.32	0.03*	0.78	0.48
	CONN+Ne	M7	4.40	0.04	0.07.	0.83	0.30
	Null	M0	8.60	0.01	-	-	-
Coeficiente de endogamia	PLAND	M1	0.00	0.13	0.99	-	0.00
	CONN	M2	0.00	0.13	0.57	-	0.00
	SHDI	M3	0.00	0.13	0.73	-	0.00
	Ne	M4	0.00	0.13	0.4	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0.00	0.13	0.99	0.57	0.00
	PLAND+Ne	M6	0.00	0.13	0.99	0.40	0.00
	CONN+Ne	M7	0.00	0.13	0.57	0.40	0.00
	Null	M0	0.20	0.11	-	-	-
Heterozigosidade esperada	PLAND	M1	0.20	0.30	0.01*	-	0.62
	CONN	M2	4.20	0.04	0.03*	-	0.46
	SHDI	M3	10.70	0.00	0.27	-	0.05
	Ne	M4	7.40	0.01	0.07	-	0.29
	PLAND+CONN	M5	0.40	0.27	0.04*	0.06	0.60
	PLAND+Ne	M6	0.00	0.34	0.02*	0.30	0.62
	CONN+Ne	M7	4.10	0.04	0.05.	0.22	0.46
	Null	M0	11.10	0.00	-	-	-

1 **Tabela S5.** Seleção de modelos a nível de nó para a diferença entre a diversidade genética de adultos e juvenis de *C. brasiliense* em
2 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. PLAND= porcentagem de cobertura de savana, CONN= conectividade funcional,
3 SHDI= índice de diversidade de Shannon, NE= tamanho efetivo populacional, Null= modelo nulo. Modelos em negrito= modelos
4 com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para primeira variável do modelo, p2= valor da
5 probabilidade à nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p1	p2	R ²
Riqueza alélica	PLAND	M1	0	0.12	0.56	-	0.00
	CONN	M2	0	0.13	0.39	-	0.00
	SHDI	M3	0	0.13	0.41	-	0.00
	Ne	M4	0	0.12	0.56	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	0	0.13	0.56	0.39	0.00
	PLAND+Ne	M6	0	0.12	0.56	0.56	0.00
	CONN+Ne	M7	0	0.12	0.38	0.56	0.00
	Null	M0	0	0.12	-	-	-
Coeficiente de endogamia	PLAND	M1	1.2	0.11	0.95	-	0.00
	CONN	M2	1.2	0.11	0.83	-	0.00
	SHDI	M3	0	0.21	0.24	-	0.07
	Ne	M4	1.2	0.11	0.87	-	0.00
	PLAND+CONN	M5	1.2	0.11	0.95	0.83	0.00
	PLAND+Ne	M6	1.2	0.11	0.95	0.87	0.00
	CONN+Ne	M7	1.2	0.11	0.79	0.87	0.00
	Null	M0	1.2	0.11	-	-	-
Heterozigosidade esperada	PLAND	M1	7.6	0.0077	0.3	-	0.04
	CONN	M2	0	0.3522	0.04*	-	0.47
	SHDI	M3	7.8	0.0071	0.86	-	0.00
	Ne	M4	2.6	0.0958	0.04*	-	0.37
	PLAND+CONN	M5	0	0.3522	0.96	0.04*	0.47
	PLAND+Ne	M6	2.7	0.0925	0.55	0.04*	0.37
	CONN+Ne	M7	2.7	0.0925	0.45	0.04*	0.37
	Null	M0	21.2	<0.001	-	-	-

1 **Tabela S6.** Seleção de modelos a nível de *link* na escala de 2km para diferenciação genética estimada
2 para adultos e juvenis de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. PLAND=
3 porcentagem de cobertura de savana, SHDI= índice de diversidade de Shannon, NULO= modelo nulo.
4 Modelos em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de
5 0.05 para primeira variável do modelo, p2= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para
6 segunda variável do modelo.

Estágio	Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p	R²
Adultos	Fst	PLAND	M1	19.90	<0.01	0.57	0.00
		SHDI	M2	0.00	1.00	0.02*	0.96
		Null	M0	19.90	<0.01	-	-
	G'st	PLAND	M1	23.90	<0.01	0.79	0.00
		SHDI	M2	0.00	1.00	0.006**	0.98
		Null	M0	23.90	<0.01	-	-
	Jost'D	PLAND	M1	18.20	<0.01	0.77	0.00
		SHDI	M2	0.00	1.00	0.02*	0.95
		Null	M0	18.20	<0.01	-	-
Juvenis	Fst	PLAND	M1	2.00	0.21	0.82	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.58	0.32	0.21
		Null	M0	2.00	0.21	-	-
	G'st	PLAND	M1	0.00	0.33	0.69	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.43	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-
	Jost'D	PLAND	M1	0.00	0.33	0.59	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.45	0.00
		Null	M0	0.0	0.33	-	-

7

8

9

10

11

12

13

1 **Tabela S7.** Seleção de modelos a nível de *link* na escala de 4km para diferenciação genética estimada
 2 para adultos e juvenis de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. PLAND=
 3 porcentagem de cobertura de savana, SHDI= índice de diversidade de Shannon, NULO= modelo nulo.
 4 Modelos em negrito= modelos com $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de
 5 0.05 para primeira variável do modelo, p2= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para
 6 segunda variável do modelo.

Estágio	Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p	R²
Adultos	Fst	PLAND	M1	8.80	0.01	0.43	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.98	0.12	0.71
		Null	M0	8.80	0.01	-	-
	G'st	PLAND	M1	6.90	0.03	0.56	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.94	0.17	0.60
		Null	M0	6.90	0.03	-	-
	Jost'D	PLAND	M1	9.10	0.01	0.55	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.98	0.12	0.72
		Null	M0	9.10	0.01	-	-
Juvenis	Fst	PLAND	M1	0.00	0.33	0.77	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.69	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-
	G'st	PLAND	M1	0.00	0.33	0.66	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.79	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-
	Jost'D	PLAND	M1	0.00	0.33	0.58	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.75	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-

7
8
9
10
11
12
13
14

1 **Tabela S8.** Seleção de modelos a nível de *link* na escala de 6km para diferenciação genética estimada para adultos
2 e juvenis de *C. brasiliense* em 10 sítios amostrados no estado de Goiás, Brasil. PLAND= porcentagem de cobertura
3 de savana, SHDI= índice de diversidade de Shannon, NULO= modelo nulo. Modelos em negrito= modelos com
4 $\Delta AICc < 2$. p1= valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para primeira variável do modelo, p2=
5 valor da probabilidade à nível de significância de 0.05 para segunda variável do modelo.

6

Estágio	Variável resposta	Modelo	Abreviação	$\Delta AICc$	wAICc	p	R²
Adultos	Fst	PLAND	M1	11.80	0.00	0.47	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.99	0.07.	0.83
		Null	M0	11.80	0.00	-	-
	G'st	PLAND	M1	8.50	0.01	0.64	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.97	0.12	0.70
		Null	M0	8.50	0.01	-	-
	Jost'D	PLAND	M1	10.30	0.01	0.63	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.99	0.09.	0.78
		Null	M0	10.30	0.01	-	-
Juvenis	Fst	PLAND	M1	0.00	0.33	0.83	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.81	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-
	G'st	PLAND	M1	0.00	0.33	0.67	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.84	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-
	Jost'D	PLAND	M1	0.00	0.33	0.57	0.00
		SHDI	M2	0.00	0.33	0.84	0.00
		Null	M0	0.00	0.33	-	-

7

8

9

10

11

12

13

14

15

1

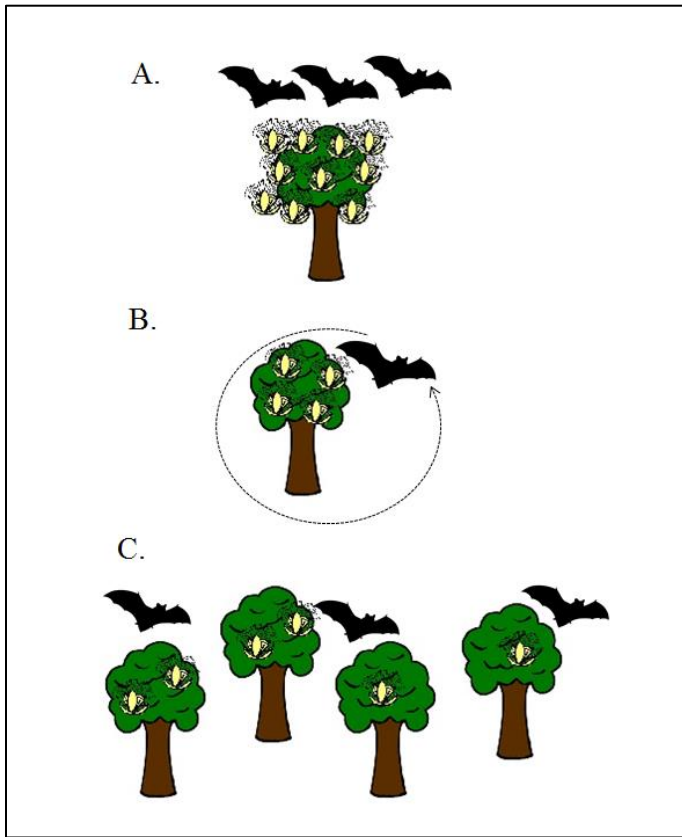


Figura S1. Estratégias de polinização em *Caryocar brasiliense* pelo morcego *Glossophaga soricina* de acordo com a disponibilidade de recurso (néctar) disponível. (A) comportamento de forragemaneio em grupo, quando a árvore apresenta muitas flores; (B) territorial, quando as plantas de pequi apresentam número intermediário de flores; (C) solitário em linhas de captura, quando as arvores apresentam poucas flores (Lemke 1984,

2

3

4

5

6

7

8

9

10

11

12

13

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A herdabilidade de *C. brasiliense* foi baixa para a maioria dos caracteres estudados, mostrando que existe um forte componente ambiental para os caracteres nos dez sítios amostrados. Entretanto, *C. brasiliense* ainda conserva uma alta variabilidade genética, demonstrada pelos altos valores de coeficiente de variação genética observados, o que indica que, apesar da baixa herdabilidade, esta espécie ainda possui potencial para evolução.

A conectividade funcional foi uma variável importante para explicar os padrões observados na diversidade genética de *Caryocar brasiliense*. A variabilidade genética quantitativa da maioria dos caracteres estudados, como caracteres relacionados as sementes, ao diâmetro das plântulas e aos caracteres foliares foi afetada pela conectividade funcional. A quantidade de habitat (%) foi importante para explicar os padrões de diferenciação genético-quantitativa para taxa de crescimento da altura e do diâmetro. A quantidade de habitat foi importante também para explicar a diversidade genética neutra dos juvenis. Os juvenis apresentaram menor diversidade genética que os adultos, e a redução na diversidade genética dos juvenis foi influenciada pela conectividade funcional. A redução da diversidade genética detectada principalmente nos juvenis evidencia um efeito de *time-lag*, e corrobora a hipótese de que espécies de vida longa, como é o caso de *C. brasiliense*, requerem um longo período de fragmentação para que as mudanças na heterozigosidade sejam detectadas. De forma geral o fluxo dos polinizadores e dispersores, e conseqüentemente o fluxo gênico, é um processo importante na manutenção do potencial evolutivo e diversidade genética desta espécie já que, a conectividade funcional foi a variável mais importante influenciando a diversidade genética neutra e adaptativa de *C. brasiliense*. Desta forma, nossos resultados demonstram que restaurar ou conservar áreas de habitat em lugares chave que viabilizem a conectividade da paisagem são essenciais para a conservação desta espécie.

GLOSSÁRIO

1

2

3 **Alelo:** diferentes formas de um gene.

4 **Anacronismo:** que não está de acordo com sua época. Os frutos anacrônicos, por exemplo, são frutos
5 que foram moldados para dispersão pela fauna pleistocênica, atualmente extinta. Estes frutos ainda não
6 responderam à ausência desta fauna, apresentando ainda características refletem adaptações de dispersão
7 pela megafauna.

8 **Aptidão:** sucesso reprodutivo, ou seja, o número de descendentes de um indivíduo com determinado
9 genótipo que sobrevive até a idade adulta em relação ao número de descendentes produzidos por outros
10 indivíduos com outros genótipos.

11 **Buffer:** área de tamanho pré-definido, delimitado em torno de uma ou mais populações.

12 **Caractere quantitativo:** são caracteres que podem ser medidos no indivíduo e possuem distribuição
13 contínua na população. Estes caracteres normalmente são controlados por vários genes (herança
14 poligênica).

15 **Composição da paisagem:** diz respeito à proporção de todas as classes de uso e cobertura da terra
16 presentes na paisagem.

17 **Conectividade funcional:** grau no qual a paisagem facilita ou dificulta o movimento de organismos
18 entre manchas de habitat.

19 **Configuração da paisagem:** como as classes se distribuem na paisagem.

20 **Deriva genética:** mudanças aleatórias na frequência gênica de uma população.

21 **Deme:** área na qual os acasalamentos entre um conjunto de indivíduos são ao acaso.

22 **Depressão endogâmica:** redução na reprodução e sobrevivência devido ao endocruzamento

23 **Dispersão:** movimento de um organismo do seu local de nascimento para um novo local

- 1 **Diversidade genética:** nível de variação genética em uma população.
- 2 **Endogamia:** é o acasalamento entre indivíduos aparentados em frequência maior que a esperada pelo
3 acaso.
- 4 **Elemento da paisagem:** porção homogênea e restrita de uma classe da paisagem que se distingue das
5 classes vizinhas. Cada classe pode ser formada por vários elementos. Por exemplo, a classe “pastagem”
6 pode ter vários elementos de pastagem.
- 7 **Fenótipo:** caracteres mensuráveis de um indivíduo devido ao genótipo e /ou ambiente.
- 8 **Fluxo gênico:** movimentação de genes entre populações.
- 9 **Herdabilidade:** proporção da variação de um caractere quantitativo devido a causa genéticas
- 10 **Matriz:** classe diferente do habitat preferencial da espécie em questão, que cerca as manchas de habitat
11 remanescentes.
- 12 **Migração:** movimento de um organismo para um novo local, seguido de reprodução.
- 13 **Paisagem:** é uma área espacialmente heterogênea, composta por elementos que interagem entre si.
- 14 **População ideal:** uma população conceitual infinita, com acasalamentos ao acaso, sem seleção, mutação
15 e fluxo gênico.
- 16 **Potencial evolutivo:** a capacidade de uma população de evoluir em resposta às mudanças ambientais.
- 17 **Seleção natural:** reprodução e sobrevivência diferencial de indivíduos, onde as formas dos organismos
18 mais adaptados às condições ambientais aumentam sua frequência em relação às formas menos
19 adaptadas ao longo das gerações.
- 20 **Tamanho efetivo populacional:** representa o tamanho de uma população ideal (população infinita com
21 acasalamentos aleatórios, com taxas de mutação, migração e seleção negligenciáveis) que perde a
22 diversidade genética por deriva genética na mesma taxa que a população atual.
- 23 **Classe da paisagem:** cada tipo do componente da paisagem, como os tipos de vegetação e uso de solo
24 por exemplo.