



FLÁVIA FREIRE DE SIQUEIRA

**A IMPORTÂNCIA DE PEQUENOS
ELEMENTOS DA PAISAGEM PARA A
CONSERVAÇÃO DA MATA ATLÂNTICA**

LAVRAS – MG

2020

FLÁVIA FREIRE DE SIQUEIRA

**A IMPORTÂNCIA DE PEQUENOS ELEMENTOS DA
PAISAGEM PARA A CONSERVAÇÃO DA MATA ATLÂNTICA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, área de concentração em Ecologia, para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. Eduardo van den Berg
Orientador

Prof^ª. Dr^ª. Dulcinéia de Carvalho e Dr. Jonathan Rhodes
Coorientadores

**LAVRAS – MG
2020**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Siqueira, Flávia Freire de.

A importância de pequenos elementos da paisagem para a
conservação da Mata Atlântica / Flávia Freire de Siqueira. - 2020.
119 p. : il.

Orientador(a): Eduardo van den Berg.

Coorientador(a): Dulcinéia de Carvalho, Jonathan Rhodes.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2020.
Bibliografia.

1. Conectividade funcional. 2. Ecologia de paisagem. 3.
Genética de paisagem. I. van den Berg, Eduardo. II. Carvalho,
Dulcinéia de. III. Rhodes, Jonathan. IV. Título.

FLÁVIA FREIRE DE SIQUEIRA

**A IMPORTÂNCIA DE PEQUENOS ELEMENTOS DA
PAISAGEM PARA A CONSERVAÇÃO DA MATA ATLÂNTICA**

Tese apresentada à
Universidade Federal de Lavras,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Engenharia Florestal, área de
concentração em Ecologia, para
a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 18 de março de 2020

Dr. Dulcinéia de Carvalho
Dr. Marcela de Castro Nunes Santos Terra
Dr. Gislene Carvalho de Castro
Dr. Marina Corrêa Côrtes

Prof. Dr. Eduardo, van den Berg
Orientador
Prof^ª. Dr^ª. Dulcinéia de Carvalho e Dr. Jonathan Rhodes
Coorientadores

**LAVRAS – MG
2020**

*Ao meu pai Manoel Siqueira pela dedicação e
presteza para com este trabalho.
À minha mãe Leonor Freire pela força e amparo
durante todas as etapas deste trabalho e da minha vida.
Dedico*

AGRADECIMENTOS

Agradeço as forças divinas e proteção espiritual diante da elaboração desse trabalho, principalmente nas horas de dificuldades em campo protegendo todas as pessoas que estavam comigo.

Ao meu pai Manoel, que além de apoiar emocionalmente minha trajetória como estudante, esteve ao meu lado durante a idealização das perguntas da primeira versão do projeto e na ajuda de campo. Agradeço por me ensinar muitas coisas sobre a natureza e sobre os conhecimentos tradicionais.

À minha mãe Leonor que sempre acreditou nos meus estudos e me apoiou de todas as formas. Às irmãs Angélica, Lilian, Nanda e aos sobrinhos Manuela e Antônio que me deram alegria nas horas difíceis de um doutorado.

Ao Prof. Eduardo van den Berg, que durante 10 anos me ensinou a ser pesquisadora. Agradeço imensamente àquela frase que me disse no início do doutorado: “Doutorado é um desafio se não, não tem graça. Não se apegue as coisas que já estudou, busque coisas novas, ferramentas novas e aprendizado”.

À querida Professora Dulcineia de Carvalho, que ensinou tudo sobre genética e me acolheu no seu laboratório com tanto carinho e dedicação. Sem essa amiga seria impossível concluir essa pesquisa.

Aos produtores rurais que permitiram a nossa entrada em suas fazendas, para a realizar a coleta de dados. Ao Prof Luiz Marcelo, que forneceu as imagens de satélite.

Aos meus amigos, Angelim Tucunduva, Gabriel Caramaschi, Paula Coelho, Gabriela Carlos, Sara Bastos, Mateus Cardoso, Daniela Domingos, Leandro, Eduardo, Paulo, Marco Arizapana, Alisson Borges, Rayssa Pedroso, Zé Pedro e Lucas Camargo. Por todo apoio e trabalho pesado em campo e no laboratório, vocês me proporcionaram boas risadas e forças para a coleta de dados. Aos colegas dos laboratórios de Ecologia Vegetal e de Conservação Genética. Ao Ravi Mariano, Daniel Fernandes, Nathália Carvalho que

introduziram meus conhecimentos sobre geoprocessamento. À Barbara Leal por ensinar as ferramentas de genotipagem e depois me hospedou na sua casa para realização de disciplina na UNESP e à Prof Marina Cortes que me recebeu na UNESP e pelas considerações na defesa. À Marcela Castro e Gislene de Carvalho pelas contribuições na banca de defesa.

Ao Thiago Estrela, que está ao meu lado, sempre me apoiando e acreditando no meu trabalho, além das várias dicas com design e programação. Às amigas de república e às amigas Júlia e Luiza, que sempre compartilharam as etapas do doutorado.

À Universidade Federal de Lavras, que proporciona uma infraestrutura espetacular para todos os estudantes e assim podemos realizar nossas pesquisas com sucesso. E todos os seus funcionários e professores da pós-graduação e da Biologia, que me ensinaram tantas coisas.

À University of Queensland – Austrália que acreditou na minha proposta de trabalho, assim me forneceu uma visão diferente sobre a pesquisa, juntamente com o Prof. Jonathan Rhodes que me recebeu tão bem e me ensinou as novas metodologias apresentadas neste trabalho. Aos amigos que fiz no doutorado sanduíche na Austrália, Micheli Duarte, Jeffy Hanson, Carla, Felipe Suárez, Allan Gomes, Nívea, Milton e Chris.

À FAPEMIG que financiou o projeto da tese. À CAPES que forneceu as bolsas de doutorado e do intercâmbio. Ao CNPQ que financiou projetos dos laboratórios onde trabalhei. À FIOCRUZ que realizou a genotipagem dos dados.

A todos aqueles que me ajudaram, direta ou indiretamente durante o doutorado, que por esquecimento na hora da escrita o nome não apareceu aqui. Meu muito obrigada.

“Aquele árvore ali no mato é mãe de todas aquelas que estão na cerca. Os passarinhos comem suas sementes e pousam na cerca para descansarem e plantam as novas árvores, debaixo do arame.”

(Manoel Siqueira)

RESUMO

A Mata Atlântica em Minas Gerais, que outrora ocupou cerca de 50% do território do estado, encontra-se extremamente fragmentada devido a ocupação antrópica bastante antiga da região. Em esfera de políticas públicas ambientais, a forma mais utilizada de conservação dos remanescentes de Mata Atlântica é a proteção e o isolamento de áreas com alta biodiversidade (como por exemplo as Unidades de Conservação – Lei 9.985/2000, SNUC) e/ou o isolamento da área para que a floresta se regenere naturalmente ou por meio de práticas de restauração (como por exemplo as Áreas de Preservação Permanente e as Reserva Legais - Lei nº 12.651/2012, Novo Código Florestal). No entanto, a maior área que era totalmente ocupada por florestas está inserida em áreas agrícolas e produtivas, por isso é importante ressaltar a conservação ambiental sem que haja perda de áreas produtivas. Na matriz de produção agropecuária, encontra-se pequenos fragmentos florestais. Poucos destes fragmentos possuem área maior que 10 hectares, e a maioria são menores que um hectare. Estes fragmentos podem estar associados a um curso de água – Mata Ciliar ou não. Além desses remanescentes são encontrados os pequenos elementos da paisagem: árvores isoladas, valos (linhas largas de árvores (quatro metros)) e cercas (linhas de árvores estreitas (< dois metros)). Neste contexto, entender a importância e a dinâmica de pequenos elementos da paisagem é fundamental para o estabelecimento de estratégias visando tanto a conservação como o manejo da diversidade biológica em áreas de produção. O presente estudo abordou estes aspectos de forma inédita, avaliando a variação dos pequenos elementos (cercas, valos, árvores isoladas, pequenos fragmentos (< 1 ha) e mata ciliar) no espaço, assim como acessando a sua efetividade no fluxo gênico e conectividade funcional. Como resultados nós encontramos as seguintes classes de uso do solo nas paisagens: 62,6% de pastagem, 0,5% de água, 3,0% de agricultura e 0,3% de plantios de eucaliptos. Os fragmentos maiores que um hectare correspondem à 25,9% e os pequenos elementos da paisagem 7,4% da área estudada. Apesar de ser pouca área ocupada por esses pequenos elementos, nós visualizamos que eles fornecem conectividade funcional para os animais; e que eles aumentam a efetividade de fluxo gênico para uma planta generalista, pois diminuem a resistência da paisagem. Estes resultados devem ser utilizados para subsidiar estratégias de manejo e conservação destes elementos dentro do contexto das atividades inerentes às propriedades rurais, permitindo a maximização dos ganhos para a conservação no contexto do uso econômico da terra, otimizando o uso sustentável das propriedades rurais.

Palavras-chave: Floresta tropical. Conectividade funcional. Resistência da paisagem. Fluxo gênico. Pequenas manchas. Ecologia de paisagem. Genética de paisagem.

ABSTRACT

The Atlantic Forest in Minas Gerais, which once occupied about 50% of the state's territory, is extremely fragmented due to the old anthropic establishment in the region. Regarding public environmental policies, the most used form of conservation of the remnants of the Atlantic Forest is the protection and isolation of areas with high biodiversity (such as Conservation Units - Law 9.985 / 2000, SNUC) and / or isolation the area so the forest could regenerate naturally or through restoration practices (such as the Permanent Preservation Areas and Legal Reserves - Law No. 12,651 / 2012, New Forest Code). But the largest area that was fully occupied by forests is now inserted in agricultural and productive areas, so it is important to emphasize environmental conservation without the loss of productive areas. In the agricultural production matrix, there are small fragments of forests. Few of these fragments have an area greater than 10 hectares, and most are smaller than one hectare. And these fragments may be linked to a watercourse, that could be or not a Riparian Forest. Besides these remnants, they are others small elements of the landscape, such as: isolated trees, tree lines on trenches (long lines of trees (4 meters)) and tree lines on fences (narrow tree lines (< 2 meters)). In this context, understanding the importance and the dynamics of small landscape elements -SLEs is critical to the establishment of strategies for both the conservation and management of biological diversity in productive areas. The present study addressed these issues in an unprecedented manner, evaluating the variation of small elements (fences, trenches, isolated trees, small fragments (< 1 ha) and riparian forest) across the landscape, as well as accessing their effectiveness in gene flow, and functional connectivity. As a result, we found the following land - use classes in landscapes: 62.6% of pasture, 0.5% of water, 3.0% of agriculture, and 0.3% of eucalyptus plantations. The fragments larger than 1 hectare correspond to 25.9%, and small landscape elements to 7.4% of the studied area. Despite the small area occupied by these small elements, we see that they provide functional connectivity for animals; and that they increase the effectiveness of gene flow for a generalist plant, as they decrease the resistance of the landscape. These results should be used to support management and conservation strategies for these elements within the context of activities inherent to rural properties, allowing the maximization of conservation gains in the context of the economic use of land, optimizing the sustainable use of rural properties.

Keywords: Tropical forest. Functional connectivity. Landscape resistance. Gene flow. Small patches. Landscape ecology. Landscape genetics.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	14
2	REFERENCIAL TEORICO	15
2.1	Pequenos elementos da paisagem	15
2.2	Efeitos e soluções para a fragmentação	19
2.3	Ecologia de paisagem	21
2.4	Genética de paisagem	22
2.5	Fluxo gênico histórico e contemporâneo	25
2.6	Espécies modelo para este estudo	25
	Referências	27
1	INTRODUÇÃO	34
2	MATERIAL E MÉTODOS	38
2.1	Área de estudo	38
2.2	Desenho amostral.....	38
2.3	Mapeamento do uso do solo	40
2.4	Conectividade estrutural	41
2.5	Conectividade funcional	43
2.5.1	Distância de dispersão para calcular o PC	44
2.5.2	Montagem dos modelos de PC	45
2.6	Análises de estatísticas.....	47
3	RESULTADOS	48
3.1	Descrição das paisagens.....	48
3.3	Conectividade funcional e as métricas estruturais das paisagens	53
3.4	Conectividade funcional e os pequenos elementos da paisagem (PEPs).....	54
4	DISCUSSÃO	57
5	REFERÊNCIAS.....	62
6	INTRODUÇÃO	74
7	MATERIAL E MÉTODOS	76
2.1	Área de estudo	76
2.2	Desenho amostral.....	78
2.3	Espécie focal.....	80

2.4	Análises genéticas.....	80
2.5	Análises genéticas das populações.....	81
2.6	Análises de isolamento	83
2.7	Preparação dos dados para entrada no ResistanceGA	84
2.7.1	Distância genética.....	84
2.7.2	Distância geográfica	84
2.7.3	Descrição do mapeamento de uso do solo	84
2.7.4	Testando Resistência da paisagem.....	86
2.8	Métricas da paisagem para a análise de nó	86
8	RESULTADOS	87
3.2	Filtragem de dados genéticos.....	88
3.1	Filtragem de dados da paisagem.....	88
3.3	Análises Genéticas.....	91
3.4	Quantidade de habitat	91
3.5	Riqueza alélica, endogamia e configuração da paisagem	92
3.6	Nível de nó.....	Erro! Indicador não definido.
3.6.1	Diferenciação genética entre indivíduos adultos e regenerantes.....	95
3.6.2	Resistência da paisagem	95
3.7	Nível de link.....	100
3.7.1	Diferenciação genética entre indivíduos adultos e regenerantes.....	100
3.7.2	Resistência da paisagem	100
9	DISCUSSÃO	103
10	REFERÊNCIAS.....	109
11	CONCLUSÕES GERAIS DA TESE.....	119
12	CONSIDERAÇÕES FINAIS E IMPLICAÇÕES	119
13	PROXIMOS PASSOS	120

CAPITULO 1 PRIMEIRA SEÇÃO

1 INTRODUÇÃO GERAL

A perda de habitats é a principal ameaça aos domínios considerados *hotspots* de biodiversidade (BETTS et al., 2019). A perda de habitat está intimamente conectada à fragmentação dos ecossistemas causada pela conversão de áreas ocupadas por vegetação nativa em áreas de produção (FAHRIG, 2013) e estes fragmentos remanescentes se tornam pequenas manchas de habitat. Apesar da literatura internacional reconhecer a importância de pequenas manchas florestais para a conservação em condições temperadas (HADDAD et al., 2015), muito pouco se sabe sobre para condições tropicais.

Originalmente a Mata Atlântica que é um *hotspots* de biodiversidade ocupava cerca de 50% do território mineiro, restando atualmente 28% (6.829.869,71 ha) (REZENDE et al., 2018). No Estado de Minas Gerais, como o restante do país, passa por um processo de expansão agrícola que consequentemente degrada os ecossistemas naturais. Com a expansão dessas atividades os fragmentos florestais ficam inseridos em uma matriz de culturas, pastagens e áreas urbanas formando uma nova paisagem (MAPBIOMAS, 2020).

Essa nova paisagem criada possui uma malha intrincada de pequenos fragmentos, de cercas-vivas ao longo de valos (LIMA, 2014) e de pastagens com árvores isoladas (SIQUEIRA et al., 2017). Neste contexto de fragmentação, esses elementos podem promover a conectividade entre os fragmentos remanescentes, funcionar como habitat para organismos e favorecer a regeneração em áreas desmatadas (CASTRO; VAN DEN BERG, 2013; SIQUEIRA et al., 2017). Nessa tese abordamos como estes elementos estão interconectados e se os mesmos promovem a manutenção da diversidade genética na paisagem, podendo assim subsidiar possíveis estratégias e decisões na área de conservação da natureza, em áreas de uso econômico.

Diante disso traçamos a seguinte pergunta: Como os pequenos elementos da paisagem (valos, cercas, árvores isoladas, fragmentos florestais < 1 ha e mata ciliar) variam no espaço e qual a sua importância para a conservação da biodiversidade?

A tese possui duas abordagens na forma de dois capítulos: 1) Avaliação da variação espacial dos pequenos elementos na paisagem e se a presença deles favorece a conectividade funcional entre fragmentos maiores. 2) Avaliação da importância dos pequenos elementos da paisagem para o fluxo gênico e a manutenção da diversidade genética de *Copaifera langsdorffii* Desf. (leguminosae, Caesalpinioideae).

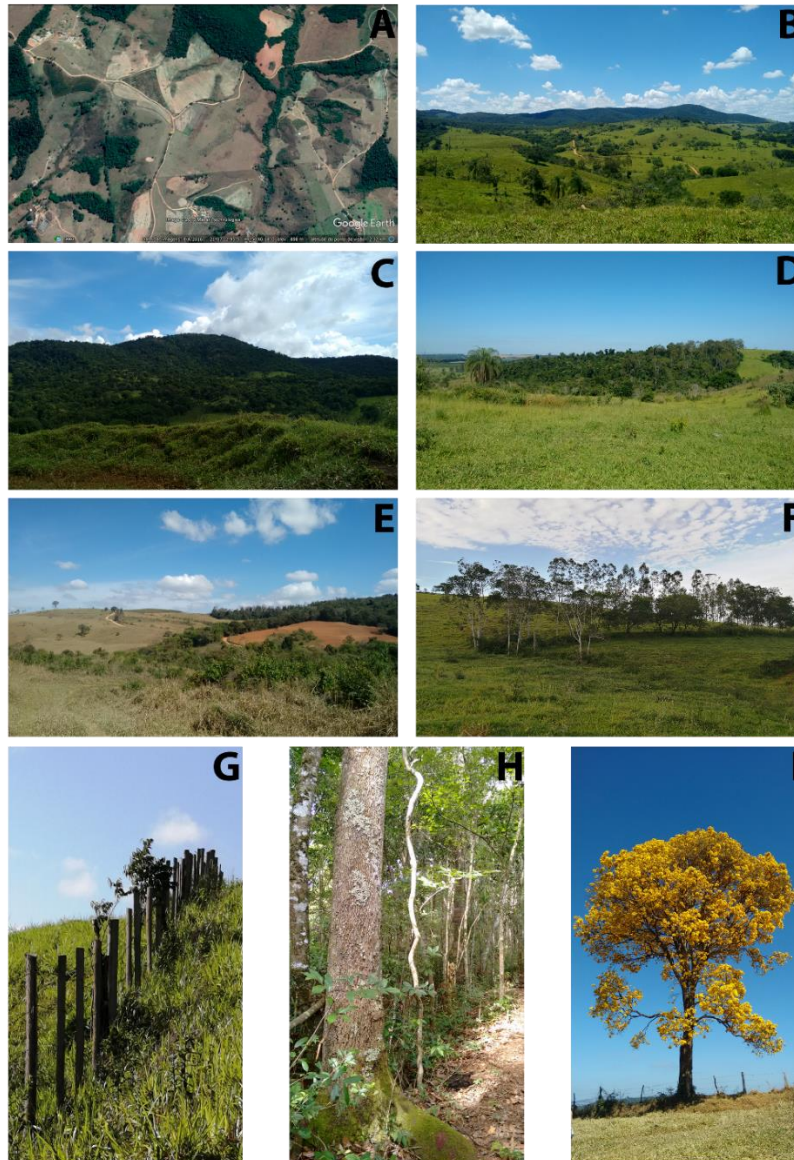
Logo, entender a importância e a dinâmica de pequenos elementos da paisagem é fundamental para o estabelecimento de estratégias visando tanto a conservação como o manejo da diversidade biológica em áreas de produção.

2 REFERENCIAL TEORICO

2.1 Pequenos elementos da paisagem

Na Mata Atlântica, que é considerada um *hotspot* de biodiversidade (MITTERMEIER et al., 1998), restam apenas 26% de sua cobertura original (REZENDE et al., 2018; CROUZEILLES et al., 2019) (FIGURA 1 A e B). Além disso, os fragmentos remanescentes são, na sua maioria, florestas secundárias e menores que 10 hectares (FIGURA C). Fragmentos menores que um hectare são abundantes (FIGURA 1 D).

Figura 1 – Pequenos elementos da paisagem.



Legenda: A) Imagem do Google Earth com todos os pequenos elementos no Sul de Minas Gerais - Brasil, B) Paisagem da Mata Atlântica in loco, C) Fragmentos maior que 1 hectare, D) Fragmentos menor que 1 hectare, E) Mata ciliar, F) Cerca de arame farpado já colonizada por plantas, G) Cerca de arame farpado em início de colonização por plantas, H) Valo, I) Árvore isolada (*Handroanthus* sp.). Fonte: Do autor 2020.

Em Minas Gerais acontece o mesmo histórico de desmatamento, e onde a Mata Atlântica ocupava cerca de 50% do território mineiro, resta-se apenas 28% (6.829.869,71 ha) (REZENDE et al., 2018), e esses 28% remanescentes estão altamente fragmentados em pequenos elementos da paisagem. Os pequenos elementos estão presentes em áreas de uso econômico, como lavouras e pastagens, interagindo intensamente com as práticas inerentes às atividades ali conduzidas (FIGURA 1 A e B). Os pequenos elementos da paisagem mais comuns são: pequenos fragmentos florestais; mata ciliares; *hedgerows* (antigos valos de divisa e cercas colonizados por espécies vegetais); e árvores isoladas em pastagens (FIGURA 1).

Matas ciliares - Em algumas áreas encontra-se pequenas florestas seguindo o curso de rios e nascentes, conhecidas como áreas de preservação permanente (APP) aqui denominadas como mata ciliar (FIGURA 1 E).

Pequenos fragmentos - Fragmentos menores que 10 hectares normalmente não são estudados devido à dificuldade de mapeá-los utilizando imagens de satélites, além de serem considerados, arbitrariamente, pouco relevantes para a conservação (HADDAD et al., 2015). Pequenos fragmentos são particularmente vulneráveis à perda de habitat, efeitos associados à borda, perda de diversidade genética e isolamento (FAHRIG, 2013; HADDAD et al., 2015).

Os pequenos fragmentos florestais no Brasil, na maioria das vezes são mantidos na paisagem devido à legislação ambiental (FIGURA 1 D) ou serviços ambientais percebidos pelos produtores. Produtores rurais relatam que mantêm e conservam os pequenos fragmentos, pois seus antepassados diziam que eles são mantenedores de água e de animais (SIQUEIRA et al., 2017.), elevando assim a questão cultural voltada para a preservação.

Cercas - As cercas de arame farpado são utilizadas como fronteira agrícola em toda a Mata Atlântica, sendo um elemento conspícuo na paisagem

devido à sua colonização por árvores formando corredores de vegetação. Normalmente os corredores ao longo das cercas são mais estreitos que aqueles ao longo dos valos (FIGURA 1 F e G). Ainda não há estudos voltados para este elemento.

Valos – Ao redor do mundo os pequenos elementos na paisagem variam em formato e importância. As linhas de árvores (*hedgerows*) estão associadas às atividades humanas e elas são diversas em estrutura e arranjo dentro da paisagem. Essas linhas frequentemente são associadas às fronteiras entre glebas agrícolas e ao paisagismo, sendo atualmente consideradas reservatórios de biodiversidade (BAUDRY; BUNCE; BUREL, 2000). Na França, lhes é fornecida um alto valor histórico/cultural, sendo inclusive protegidas por lei (BAUDRY; BUNCE; BUREL, 2000). No Brasil, existem estruturas semelhantes aos *hedgerows* europeus acompanhando valos de divisa (FIGURA 1 H). Estas estruturas apresentam elevado valor histórico por serem herança da época da escravidão, além de, contribuírem para diversidade biológica como corredores e habitats para plantas e animais (CASTRO; VAN DEN BERG, 2013; ROCHA; PASSAMANI; YANKOUS, 2014).

Árvores isoladas - Além dos corredores de valos e cercas, as paisagens da Mata Atlântica apresentam árvores isoladas em pastagens e áreas agrícolas (SIQUEIRA et al., 2017) (FIGURA 1 I). Estas árvores isoladas apresentam um papel importante na paisagem por funcionarem como ponto de pouso de diferentes dispersores de sementes cumprindo o papel de micro restauradoras de paisagens desmatadas (MANNING; FISCHER; LINDENMAYER, 2006). Além disso, essas árvores isoladas promovem a conectividade multidirecional na matriz antrópica (MANNING; GIBBONS; LINDENMAYER, 2009). As árvores isoladas também apresentam um papel cultural para populações indígenas (MIDDLETON, 2013) e para os pequenos agricultores (SIQUEIRA et al., 2017). Populações indígenas as preservam para fornecimento de frutos e de madeira

(MIDDLETON, 2013), já os pequenos agricultores mantêm essas árvores pastagem de acordo com a importância de cada espécie, por exemplo espécies do gênero *Handroanthus* são imunes de corte devido à legislação e por apresentarem beleza cênica (FIGURA 1 I), a espécie *Lithraea molleoides* é mantida para fornecimento de mourões para pequenas propriedades rurais e as espécies que formam grandes copas, como por exemplo a *Copaifera langsdorffii*, são deixadas para o fornecimento de sombra para o gado (SIQUEIRA et al., 2017).

Hartel et al. (2013) apontaram a necessidade de novas pesquisas direcionadas às árvores isoladas, pois elas apresentam um grande valor cultural, ecológico e agrícola.

2.2 Efeitos e soluções para a fragmentação

A fragmentação florestal e a consequente redução da área, aumento do isolamento e aumento da proporção de bordas dos fragmentos, altera várias métricas das comunidades como, por exemplo, a densidade de indivíduos, a riqueza e composição de espécies, as taxas de fluxo de organismos e propágulos entre fragmentos (HADDAD et al., 2015).

A conectividade da paisagem é definida pela facilitação da movimentação dos organismos em busca de recursos entre fragmentos (TISCHENDORF; FAHRIG, 2000). Nesse contexto, a conectividade entre fragmentos é bastante importante, uma vez que os fragmentos pequenos e isolados perdem funções ecológicas quando comparados à fragmentos conectados (HADDAD et al., 2015). Acredita-se que a implantação de projetos visando a conectividade entre fragmentos é um fator que possa favorecer positivamente os processos ecológicos.

A conectividade normalmente tem sido avaliada de duas formas: estrutural e funcional. A conectividade estrutural se refere a área e configuração do habitat e não mede diretamente o processo de fluxo de propágulos, gametas ou indivíduos. Já a conectividade funcional está relacionada com a taxa de movimentação de indivíduos ou alelos ao longo da paisagem (TISCHENDORF; FAHRIG, 2000) e com a atividade comportamental dos seres vivos entre as manchas (BÉLISLE, 2005).

A mensuração da conectividade estrutural pode ser realizada calculando as métricas da paisagem utilizando imagens de satélite, e/ou quantificadas em campo. Tal mensuração é considerada simples, se comparada à conectividade funcional, que na maioria das vezes é inferida pela conectividade estrutural (VAN GEERT; VAN ROSSUM; TRIEST, 2010). Muitos trabalhos concluem que a perda da conectividade estrutural leva à perda de conectividade funcional. A conectividade funcional é a forma como o organismo percebe a estrutura da paisagem e responde em termos de fluxo gênico (BÉLISLE, 2005).

A teoria de grafos é comumente utilizada para mensurar a conectividade funcional (RAYFIELD; FORTIN; FALL, 2010). Os grafos são compostos por um conjunto de nós e links que conectam os nós. Em ecologia de paisagem os nós são representados pelos fragmentos florestais e os links representam o movimento (ou capacidade de dispersão) de um organismo na paisagem (URBAN; KEITT, 2001).

A partir da teoria de grafos foram desenvolvidos vários índices de conectividade funcional, dentre eles destacamos o Índice Integral de Conectividade – IIC (PASCUAL-HORTAL; SAURA, 2006) e o índice de Probabilidade de Conectividade – PC (SAURA; PASCUAL-HORTAL, 2007). O IIC é um índice binário que considera que os dois nós estão conectados entre si e a capacidade de dispersão do animal entre eles. Esse índice não considera as distâncias intermediárias que podem ocorrer na paisagem mas apenas classifica

os links possíveis em conexões e não conexões (PASCUAL-HORTAL; SAURA, 2006). O índice de probabilidade de conectividade (PC) é a probabilidade de dispersão do animal entre os nós em função da distância euclidiana. Esse índice considera todas as possibilidades de dispersão entre os nós (SAURA; PASCUAL-HORTAL, 2007), não um nó ao outro nó. Nós escolhemos trabalhar com o PC devido à sua capacidade de avaliação gradual das conexões, ao passo que IIC é binário.

2.3 Ecologia de paisagem

É essencial entender o arranjo espacial e temporal da paisagem (LANG; BLASCHKE, 2009) e os organismos presentes na mesma (BÉLISLE, 2005). A ecologia de paisagem aborda estes aspectos entre outros. A ecologia da paisagem nasceu da tecnologia de sensoriamento remoto (WICKHAM; RIITTERS, 2019). Ela considera os processos ecológicos em relação a estrutura, função e mudanças ao longo do tempo e em diferentes escalas. Procura caracterizar padrões na paisagem e seus efeitos nos processos ecológicos. No entanto, esses processos são de difícil mensuração, na maioria das vezes um é dependente do outro e muitos variam no espaço e no tempo, assim é difícil prever a real interação entre processos e padrões (TURNER, 1989).

Uma paisagem pode ser composta por manchas de habitat natural e matrizes, podendo variar de região para região. Na Mata Atlântica por exemplo, há manchas florestais, matrizes de agricultura, matrizes de pastagens exóticas e matrizes urbanas. Neste caso, as manchas florestais são, na sua maioria, pequenos fragmentos de florestas secundárias (citados no item 2.1). Há também alguns plantios de restauração, de eucaliptos e de pinus.

Para avaliar uma paisagem há a necessidade de estudar os fragmentos relacionando-os com a conectividade estrutural e funcional (LANG;

BLASCHKE, 2009). Para isso é necessário mensurar o grau de retalhamento e isolamento, quantificar padrões, área, forma das manchas remanescentes, dentre outras métricas. Assim é possível determinar os aspectos estruturais/espaciais da paisagem fornecendo valores matemáticos que subsidiam o entendimento das métricas de paisagem (LANG; BLASCHKE, 2009). O estudo de métricas de paisagens tem sido usado para avaliar questões ligadas à conservação, restauração e manejo da Mata Atlântica (RODRIGUES et al., 2011). As métricas da paisagem podem abranger três níveis (LANG; BLASCHKE, 2009): (i) Métricas em nível de mancha: descrevem a geometria de manchas individuais; (ii) Métricas em nível de classe: resumem todas as manchas de uma determinada classe; e (iii) Métricas de paisagem: referem-se à toda paisagem.

2.4 Genética de paisagem

Nos dias atuais, o interesse em combinar ferramentas genética molecular com os princípios de ecologia de paisagem e biogeografia tem crescido. Os estudos com essa combinação trazem importantes respostas da paisagem e da sua funcionalidade. Para isso a genética de paisagem é uma importante abordagem (MANEL; HOLDEREGGER, 2013).

A genética de paisagem objetiva trazer informações sobre a interação entre as características da paisagem e a diversidade genética de indivíduos ou populações, processos de evolução e, principalmente, o fluxo gênico (MANEL; HOLDEREGGER, 2013).

Em uma análise de metadados sobre estudos de fragmentação de habitat realizada por Haddad et al. (2015) eles apontaram três focos que devem compor a nova geração de observações e experimentos voltados para a fragmentação florestal. São eles: (1) Mudanças climáticas; (2) Gargalos genéticos: deriva genética, mudança de padrões de seleção, endogamia e fluxo gênico; e (3)

Manejo dos habitats naturais, serviços ecossistêmicos ecologicamente relevantes em escala temporal e espacial.

A partir daqui, daremos enfoque no segundo foco proposto por Haddad et al. (2015) (2: Gargalos genéticos: deriva genética, mudança de padrões de seleção, endogamia e fluxo gênico).

A perda de habitat, a fragmentação florestal e a perda da conectividade estrutural podem levar à redução da diversidade genética (HADDAD et al., 2015). Em fragmentos pequenos, isolados e distantes, a taxa de migração e colonização é diminuída, reduzindo o fluxo gênico e comprometendo a viabilidade das populações. A variabilidade genética está relacionada com alta diversidade genética, distribuição espacial dos genótipos, taxas de cruzamento e fluxo gênico. Em pequenas áreas de habitat muitas populações se extinguem devido às altas taxas de endogamia e à deriva genética associadas a populações pequenas. Em plantas, para atenuação desses problemas e perpetuação das populações é fundamental que ocorra polinização e dispersão de propágulos efetivos entre fragmentos (FORÉ et al., 1992; MENGES, 1991).

As características da paisagem mais utilizadas em genética da paisagem são as distâncias geográficas entre populações e o relevo (MANEL; HOLDEREGGER, 2013). No entanto, falta investigar um número maior de características da paisagem como, por exemplo, o arranjo e a estrutura das manchas florestais, o grau de conectividade funcional e estrutural, a área de habitat, a resistência da paisagem, dentre outros (DUDANIEC et al., 2016; PETERMAN et al., 2019).

Tradicionalmente há quatro abordagens comumente utilizadas em estudos de genética de paisagem: Isolamento pela Distância (*Isolation by distance* -IBD), Isolamento por barreira (*Isolation by barrier* – IBB); Isolamento ambiental (*Isolation by environment* – IBE) e Isolamento pela Resistência (*Isolation by resistance* - IBR) (MCRAE, 2006). Aqui daremos enfoque para o

IBD e IBR, no IBR há dois tipos de deslocamento o Caminho de Menor Custo (*least cost path* - LPC) e do deslocamento aleatório na paisagem - *Commute Distance* (ETTEN, 2017).

A resistência da paisagem é altamente correlacionada com a cobertura florestal e com o tipo de uso e cobertura do solo da matriz (como exemplo as áreas urbanas ou a água). Em áreas originalmente cobertas por florestas, a resistência da paisagem decresce com o aumento da cobertura florestal (DUDANIEC et al., 2016). Tradicionalmente, as superfícies de resistência da paisagem são compostas por diversas camadas provenientes de dados rasterizados com diversas categorias, e para cada categoria é atribuído um valor de resistência que impede ou facilita o movimento (ZELLER et al. 2012). Os valores de resistência de cada categoria na maioria dos estudos são definidos a partir do conhecimento de pesquisadores e eles atribuem um valor de resistência de acordo a espécie investigada Beier et al. (2008), por exemplo a categoria água irá receber um valor de resistência alto para espécies que não conseguem transpor essa superfície, mas receberá um valor baixo de resistência para espécies que tem facilidade de locomoção em água, assim são constituídas as matrizes de resistência da paisagem. Mas, Peterman (2018) utiliza algoritmos genéticos para otimizar a superfície de resistência baseado em um par de distância genética entre indivíduos de mesma espécie e isso facilita a construção de superfícies de resistência.

O modelo de resistência proposto por (PETERMAN, 2014) faz a otimização da superfície usando um algoritmo genético baseado na performance do MLPE (*Maximum-likelihood population-effects* ou efeitos populacionais de máxima verossimilhança). No mesmo modelo é possível testar as hipóteses relacionadas a IBR, IBD, LPC e deslocamento aleatório na paisagem, em uma única rodada de análise, facilitando assim as análises estatísticas.

2.5 Fluxo gênico histórico e contemporâneo

O fluxo gênico é caracterizado pela transferência de alelos entre populações e pelas mudanças na frequência alélica dentro de populações (MANEL; HOLDEREGGER, 2013). Ele pode ser estudado em uma escala temporal histórica ou em uma escala contemporânea.

O fluxo histórico é de suma importância, pois quando investigamos populações diferentes e encontramos semelhanças genéticas podemos afirmar que essas populações foram interligadas no passado (HAMRICK et al., 2000). Já o fluxo contemporâneo é quantificado por meio dos regenerantes e/ou sementes, podendo inferir o efeito de desmatamentos recentes ou mostrando a efetividade de corredores ecológicos, por exemplo (VAN GEERT; TRIEST; VAN ROSSUM, 2014).

2.6 Espécies modelo para este estudo

Para escolhermos as espécies focais para calcularmos a conectividade funcional nas paisagens, selecionamos na literatura os principais dispersores de uma espécie de planta generalista, a *Copaifera langsdorffi*. Essa planta foi escolhida por estar amplamente distribuída no domínio Mata Atlântica, por ser de dispersão zoocórica e considerada uma espécie guarda-chuva, pois ela tem várias outras espécies associadas a ela incluindo seus dispersores e polinizadores. Por isso investigando a *Copaifera langsdorffi* podemos propor medidas conservacionistas que irão proteger várias espécies concomitantemente (TARAZI et al., 2010).

Os dispersores de sementes selecionados foram aves de tamanho médio (do gênero *Turdus* – popularmente conhecido como Sabiá) e aves de tamanho maior (*Ramphastos* – popularmente conhecido como Tucano) (SEBBENN et al.,

2011). Baseando-nos na literatura estipulamos a distância de dispersão das sementes por sabiás em 100 m (JORDANO et al., 2007), a por tucanos em 760 m (HOLBROOK, 2011) e a dispersão de pólen por insetos em 50 m (MANOEL, 2011; TARAZI et al., 2010), para calcular a conectividade funcional através da teoria de grafos.

Para analisar como é o fluxo gênico nas paisagens investigadas escolhemos a espécie *Copaifera langsdorffi* Desf. (Fabaceae), ela é uma espécie arbórea secundária tardia. Suas copas atingem o dossel 30 m de altura dependendo do tipo de floresta em que se encontra. Seus indivíduos são semicaducifólicos, longevos, com crescimento lento e é uma espécie bastante plástica que se desenvolve em diferentes ambientes (LORENZI, 1998). Floresce durante os meses de dezembro a março (LORENZI, 1998), suas flores são polinizadas por várias espécies de abelhas (FREITAS; OLIVEIRA, 2002). Os frutos se desenvolvem na estação seca (maio – agosto) e a maioria das sementes são dispersas por aves, mas há também dispersão por gravidade, primatas, formigas, pequenos mamíferos e/ou pela água (PEDRONI; SANCHEZ; SANTOS, 2002). O processo reprodutivo se inicia a partir de 20 anos de idade (TARAZI, 2009). Apesar de sua vasta distribuição essa espécie sofre exploração devido ao grande interesse madeireiro, óleos essenciais e desmatamento para áreas agrícolas.

Logo, compreendendo como esses quatro tipos de organismos (insetos polinizadores, sabiás, tucanos e *Copaifera langsdorffi*) estão respondendo aos limites que uma paisagem agrícola altamente fragmentada impõe para os seus fluxos, é possível traçar métodos conservacionistas utilizando-as como espécies alvos (*target conservation*).

REFERÊNCIAS

- BAUDRY, J.; BUNCE, R.; BUREL, F. Hedgerows: an international perspective on their origin, function and management. **Journal of environmental management**, 60, n. 1, p. 7-22, 2000.
- BÉLISLE, M. Measuring landscape connectivity: the challenge of behavioral landscape ecology. **Ecology**, 86, n. 8, p. 1988-1995, 2005.
- BETTS, M. G. et al. Extinction filters mediate the global effects of habitat fragmentation on animals. **Science**, 366, n. 6470, p. 1236-1239, 2019.
- BEIER, P.; MAJKA, D. R.; SPENCER, W. D. Forks in the road: choices in procedures for designing wildland linkages. **Conservation Biology**, 22, n. 4, p. 836-851, 2008.
- CASTRO, G. C.; VAN DEN BERG, E. Structure and conservation value of high-diversity hedgerows in southeastern Brazil. **Biodiversity and Conservation**, 22, n. 9, p. 2041-2056, 2013.
- CROUZEILLES, R. et al. There is hope for achieving ambitious Atlantic Forest restoration commitments. **Perspectives in ecology and conservation**, 17, n. 2, p. 80-83, 2019.
- DUDANIEC, R. Y. et al. Dealing with uncertainty in landscape genetic resistance models: a case of three co-occurring marsupials. **Molecular ecology**, 25, n. 2, p. 470-486, 2016.
- ETTEN, J. v. R package gdistance: distances and routes on geographical grids. 2017.
- FAHRIG, L. Rethinking patch size and isolation effects: the habitat amount hypothesis. **Journal of Biogeography**, 40, n. 9, p. 1649-1663, 2013.
- FORÉ, S. A. et al. Genetic structure after forest fragmentation: a landscape ecology perspective on *Acer saccharum*. **Canadian journal of botany**, 70, n. 8, p. 1659-1668, 1992.
- FREITAS, C. V.; OLIVEIRA, P. E. Biologia reprodutiva de *Copaifera langsdorffii* Desf. (leguminosae, Caesalpinioideae). **Brazilian Journal of Botany**, 25, n. 3, p. 311-321, 2002.

- HADDAD, N. M. et al. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science advances**, 1, n. 2, p. e1500052, 2015.
- HAMRICK, J. et al. Gene flow in forest trees. **Forest conservation genetics: principles and practice**, p. 81-90, 2000.
- HARTEL, T. et al. Wood-pastures in a traditional rural region of Eastern Europe: Characteristics, management and status. **Biological conservation**, 166, p. 267-275, 2013.
- HOLBROOK, K. M. Home range and movement patterns of toucans: implications for seed dispersal. **Biotropica**, 43, n. 3, p. 357-364, 2011.
- JORDANO, P. et al. Differential contribution of frugivores to complex seed dispersal patterns. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 104, n. 9, p. 3278-3282, 2007.
- LANG, S.; BLASCHKE, T. Análise da paisagem com SIG: ed. : Oficina de Textos, 2009. p.
- LIMA, L. P. Z. Influência da estrutura de paisagens em parâmetros da biodiversidade com foco em pequenos fragmentos e corredores de vegetação no bioma da Mata Atlântica, Minas Gerais, Brasil. 2014.
- LORENZI, H. Árvores brasileiras manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas do Brasil: ed. : , 1998. p.
- MANEL, S.; HOLDEREGGER, R. Ten years of landscape genetics. **Trends in Ecology & Evolution**, 28, n. 10, p. 614-621, 2013.
- MANNING, A. D.; FISCHER, J.; LINDENMAYER, D. B. Scattered trees are keystone structures—implications for conservation. **Biological Conservation**, 132, n. 3, p. 311-321, 2006.
- MANNING, A. D.; GIBBONS, P.; LINDENMAYER, D. B. Scattered trees: a complementary strategy for facilitating adaptive responses to climate change in modified landscapes? **Journal of Applied Ecology**, 46, n. 4, p. 915-919, 2009.
- MANOEL, R. d. O. Distância e padrões de dispersão contemporânea de pólen e sistema de reprodução em pequeno fragmento isolado de *Copaifera Langsdorfii* Desf.(Leguminosae–Caesalpinoideae). 2011.

MAPBIOMAS. Disponível em: <http://plataforma.mapbiomas.org/stats>.
Acessado em 05 Fev. 2020.

MCRAE, B. H. Isolation by resistance. **Evolution**, 60, n. 8, p. 1551-1561, 2006.

MENGES, E. S. Seed germination percentage increases with population size in a fragmented prairie species. **Conservation biology**, 5, n. 2, p. 158-164, 1991.

MIDDLETON, B. A. Rediscovering traditional vegetation management in preserves: trading experiences between cultures and continents. **Biological conservation**, 158, p. 271-279, 2013.

MITTERMEIER, R. A. et al. Biodiversity hotspots and major tropical wilderness areas: approaches to setting conservation priorities. **Conservation biology**, 12, n. 3, p. 516-520, 1998.

PASCUAL-HORTAL, L.; SAURA, S. Comparison and development of new graph-based landscape connectivity indices: towards the prioritization of habitat patches and corridors for conservation. **Landscape ecology**, 21, n. 7, p. 959-967, 2006.

PEDRONI, F.; SANCHEZ, M.; SANTOS, F. A. Fenologia da copaíba (Copaifera langsdorffii Desf.–Leguminosae, Caesalpinioideae) em uma floresta semidecídua no sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, 25, n. 2, p. 183-194, 2002.

PETERMAN, W. E. ResistanceGA: An R package for the optimization of resistance surfaces using genetic algorithms. **BioRxiv**, p. 007575, 2014.

PETERMAN, W. E. et al. A comparison of popular approaches to optimize landscape resistance surfaces. **Landscape ecology**, 34, n. 9, p. 2197-2208, 2019.

RAYFIELD, B.; FORTIN, M.-J.; FALL, A. The sensitivity of least-cost habitat graphs to relative cost surface values. **Landscape ecology**, 25, n. 4, p. 519-532, 2010.

REZENDE, C. et al. From hotspot to hopespot: An opportunity for the Brazilian Atlantic Forest. **Perspectives in ecology and conservation**, 16, n. 4, p. 208-214, 2018.

ROCHA, M. F.; PASSAMANI, M.; YANKOUS GONÇALVES FIALHO, M. Can vegetation corridors provide habitat in fragmented landscapes? A case-

study in the Brazilian Atlantic Domain. **Studies on Neotropical Fauna and Environment**, 49, n. 3, p. 180-184, 2014.

RODRIGUES, R. R. et al. Large-scale ecological restoration of high-diversity tropical forests in SE Brazil. **Forest Ecology and Management**, 261, n. 10, p. 1605-1613, 2011.

SAURA, S.; PASCUAL-HORTAL, L. A new habitat availability index to integrate connectivity in landscape conservation planning: comparison with existing indices and application to a case study. **Landscape and Urban Planning**, 83, n. 2-3, p. 91-103, 2007.

SEBBENN, A. et al. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, 106, n. 1, p. 134, 2011.

SIQUEIRA, F. F. et al. How scattered trees matter for biodiversity conservation in active pastures. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 250, p. 12-19, 2017.

SIQUEIRA, F. F. et al. POR QUE PRODUTORES RURAIS DEIXAM ÁRVORES REMANESCENTES EM PASTAGENS?

TARAZI, R. **Diversidade genética, estrutura genética espacial, sistema de reprodução e fluxo gênico em uma população de *Copaifera langsdorffii* Desf. no cerrado.** -, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz 2009.

TARAZI, R. et al. Mendelian inheritance, linkage and linkage disequilibrium in microsatellite loci of *Copaifera langsdorffii* Desf. **Conservation Genetics Resources**, 2, n. 1, p. 201-204, 2010.

TISCHENDORF, L.; FAHRIG, L. On the usage and measurement of landscape connectivity. **Oikos**, 90, n. 1, p. 7-19, 2000.

TURNER, M. G. Landscape ecology: the effect of pattern on process. **Annual review of ecology and systematics**, p. 171-197, 1989.

URBAN, D.; KEITT, T. Landscape connectivity: a graph-theoretic perspective. **Ecology**, 82, n. 5, p. 1205-1218, 2001.

VAN GEERT, A.; TRIEST, L.; VAN ROSSUM, F. Does the surrounding matrix influence corridor effectiveness for pollen dispersal in farmland?

Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics, 16, n. 4, p. 180-189, 2014.

VAN GEERT, A.; VAN ROSSUM, F.; TRIEST, L. Do linear landscape elements in farmland act as biological corridors for pollen dispersal? **Journal of Ecology**, 98, n. 1, p. 178-187, 2010.

WICKHAM, J.; RIITERS, K. Influence of high-resolution data on the assessment of forest fragmentation. **Landscape ecology**, 34, n. 9, p. 2169-2182, 2019.

ZELLER, K. A.; MCGARIGAL, K.; WHITELEY, A.R. Estimating landscape resistance to movement: a review. **Landscape ecology**, 27, n. 6, p. 777-797, 2012.

CAPITULO 2 PEQUENAS MANCHAS FLORESTAIS SÃO ESSENCIAIS
PARA A PROMOÇÃO DE CONECTIVIDADE ESTRUTURAL E
FUNCIONAL EM PAISAGENS AGROPECUÁRIAS

RESUMO

A Mata Atlântica encontra-se altamente fragmentada. Os fragmentos remanescentes apresentam diversos formatos, estão isolados na matriz de agricultura e possuem diferentes tamanhos. No entanto, a maioria são fragmentos menores que 1 ha, por isso não se tem conhecimento sobre eles e medidas de conservação não são direcionadas a eles. Além desses fragmentos, outros elementos normalmente presentes são as árvores isoladas nas pastagens, as linhas de árvores e matas ciliares, aqui chamados de Pequenos Elementos da Paisagem (PEPs). Considerando apenas os grandes fragmentos, a conectividade estrutural é praticamente inexistente comprometendo a conectividade funcional. A conectividade funcional representa o movimento de animais e alelos na paisagem e tende a ser menor em áreas agrícolas. Nesse contexto os PEPs possivelmente possuem um papel fundamental na promoção da conexão. Assim nós investigamos o efeito da configuração da paisagem e, em particular, o papel dos PEPs na conectividade funcional da paisagem. A conectividade funcional foi mensurada com a probabilidade de conectividade (PC) a PC está relacionado com o movimento dos dispersores entre nós da paisagem em função da distância euclidiana de um nó a outro nó, aqui nós consideramos os PEPs como nós. As distâncias de dispersão foram baseadas no movimento de três grupos de organismos: insetos polinizadores (50 metros), sabiás (100 metros) e tucanos (760 metros). Nós encontramos que o principal tipo de cobertura entre fragmentos florestais foram as pastagens (62% da paisagem investigada) e o restante das classes de uso do solo, exceto as florestas foram: agricultura (3%); água (0,5%) e eucalipto (0,3%). Os fragmentos maiores que 1 ha representaram 25% da paisagem. A cobertura dos PEPs foi: fragmentos florestais menores que 1 ha (0,4%), cercas (0,3%), árvores isoladas (0,4%), mata ciliares (4%) e valos (1%). A paisagem estava altamente fragmentada (acima de 70% considerando todos os PEPs e fragmentos < 1ha em conjunto). A quantidade de habitat favoreceu positivamente a conectividade funcional, já a fragmentação teve um efeito negativo sobre a mesma. Os pequenos elementos da paisagem foram capazes de fornecer conectividade funcional para os organismos modelos. A posição que o pequeno elemento se encontra na paisagem foi mais importante que sua área para a conectividade funcional. Os pequenos elementos da paisagem são fatores chaves para a promoção da conservação da dispersão de organismos e por consequência de plantas, pela dispersão de pólen e sementes em áreas altamente fragmentadas. **Palavras-chave:** Fragmentação. Quantidade de habitat. Conectividade funcional. Dispersores. Pequenos fragmentos.

ABSTRACT

The Brazilian Atlantic Forest is a biodiversity hotspot extremely fragmented. Most of those fragments are dispersed in working lands (pastures and crops) and are relatively small (80% < 50ha). Even more abundant are the fragments < 1ha and very little is known about their role for biodiversity conservation. Together with these small fragments, there are other landscape elements composed by native species potentially important for conservation. They are isolated trees (mostly in pastures), tree lines on trenches and on fences, and remnant riparian forest. We called collectively here all these elements Small Landscape Elements (SLEs). We investigated the landscape configuration particularly looking at the role of these SLEs on promoting functional connectivity (individual and genetic flow) between large forest fragments. To do that, we randomly selected 20 buffers of 707 ha within a polygon of 411,670 ha located in the south of Minas Gerais State, Brazil, that was completely covered by forest in the past. The forest cover randomly varied in area. The functional connectivity was measured as the Probability of Connectivity (PC) based on graph theory that is related to disperser movement between landscape knots (habitat patches). We used three dispersal distances in the models: insect pollen disperser (50 m), medium size bird seed disperser (*Turdus*, 100 m), large size bird seed disperser (*Ramphastos*, 760 m). Pastures responded by the largest cover in the landscapes (62.68%), followed by native tree cover (33.38%), agriculture (3.02%), water (0.55%), and eucalyptus plantation (0.37%). Considering tree native cover, fragments >1 ha responded by 25.93% of area, riparian forest for 4.46%, tree lines on trenches (1.35%), fragments <1 ha (0.87%), isolated trees (0.45%), tree lines on fences (0.32%). The landscape was very fragmented (>70 %). The different SLEs had different contribution to the landscape connectivity by all together increased the PC in more or less 50%, for all model dispersers, if compared to a theoretical landscape without the SLEs. The position of the SLEs in the landscapes was more important than their respective areas for connectivity. Although the landscapes were deeply fragmented, we showed that the presence of SLEs can potentially increase connectivity and reduce further biodiversity loss in the Atlantic Forest.

Keywords: Tropical forest. Functional connectivity. Landscape resistance. Landscape ecology.

1 INTRODUÇÃO

A perda de habitat é um dos principais fatores ligados a degradação ambiental. A perda de habitat altera a configuração das paisagens, aumenta o grau de fragmentação florestal, aumenta o número de pequenas manchas florestais, aumenta o grau de isolamento entre manchas florestais, resultando em perda da biodiversidade (BANKS-LEITE et al., 2014; PARDINI et al., 2010; RIBEIRO; COLLI; SOARES, 2019).

A perda de habitat é frequente em áreas de interesse agrícola ou pecuário (LEVIS et al., 2020). Na maioria das vezes as florestas são desmatadas e/ou queimadas com o objetivo de plantar alimentos ou pastagens para a pecuária (RIBEIRO; COLLI; SOARES, 2019). No entanto, estudos relatam que essa perda de habitat leva a queda na produção agrícola e diminuição da disponibilidade de água em ambientes agrícolas (GARIBALDI et al., 2011; SATURNI; JAFFÉ; METZGER, 2016). Logo, conhecer e investigar as paisagens resultantes desse processo é essencial para a conservação da biodiversidade restante, além de subsidiar medidas de manejo da paisagem, a fim de manter as áreas produtivas em conjunto com as pequenas manchas florestais (MELO et al., 2013).

As pequenas manchas florestais são mais frequentes em florestas tropicais da Ásia e do Brasil quando comparado com outros lugares do mundo (LAURANCE et al., 2011; LEWIS; EDWARDS; GALBRAITH, 2015; TAUBERT et al., 2018). No domínio Mata Atlântica essas pequenas manchas, são de diversos formatos, formando linhas ou pequenos polígonos (CROUZEILLES; LORINI; GRELE, 2013). Em trabalhos de paisagem essas manchas não são separadas por categorias sendo simplesmente consideradas fragmentos florestais (CARVALHO et al., 2015; CROUZEILLES; LORINI; GRELE, 2013). No presente trabalho optamos por investigar como é cada

mancha, a sua origem e a importância que elas desempenham para a paisagem. Tais manchas foram denominadas aqui como pequenos elementos da paisagem (PEPs), sendo eles: árvores isoladas em pastagem, valos, cercas vivas, fragmentos menores que um hectare (< 1ha), e mata ciliares.

Os fragmentos florestais (< 1ha), na maioria das vezes, são mantidos na paisagem devido às exigências legais (TAUBERT et al., 2018). Alguns produtores rurais relataram que mantêm e conservam os pequenos fragmentos, pois seus antepassados diziam que eles são mantenedores de água e de animais (SIQUEIRA et al., 2017), apontando a importância da questão cultural para a preservação dos mesmos.

As árvores isoladas são de extrema importância para a biodiversidade. Elas são consideradas estruturas-chave para vertebrados, artrópodes e plantas terrestres em paisagens abertas por fornecer abrigo, alimento e são pontos de pouso para animais (PREVEDELLO; ALMEIDA-GOMES; LINDENMAYER, 2018). Além disso, alteram o microclima sob suas copas proporcionando um habitat favorável para o estabelecimento de espécies florestais, além de prover serviços ecossistêmicos (SIQUEIRA et al., 2017).

As linhas de árvores estão associadas às atividades humanas; elas são diversas em estrutura e arranjo dentro da paisagem. A sua origem pode ser bastante antiga, pois eram utilizadas como fronteiras agrícolas e paisagismo (BAUDRY; BUNCE; BUREL, 2000). Na França, lhes é fornecida um alto valor histórico/cultural por isso foram criadas leis próprias, assim foi evitado o corte dessas linhas e elas acabaram tornando-se um *pool* de biodiversidade (BAUDRY; BUNCE; BUREL, 2000). No Brasil, existem estruturas semelhantes as linhas de árvores na Europa, acompanhando os valos de divisa. Eles apresentam elevado valor histórico, por serem herança da época da escravidão, além de, atualmente contribuírem para diversidade biológica como corredores ecológicos e habitats para plantas e pequenos mamíferos (CASTRO; VAN DEN BERG, 2013;

ROCHA; PASSAMANI; YANKOUS, 2014). Mais recentemente, as cercas de arame farpado têm sido utilizadas como fronteira agrícola em substituição aos valos e formam linhas de árvores devido a sua colonização por espécies arbóreas. Embora haja alguns trabalhos apontando a importância dos valos para conservação, nada existe sobre as linhas de árvores formadas ao longo das cercas.

Os pequenos elementos da paisagem, podem funcionar como *stepping stones* atuando na conectividade entre fragmentos florestais maiores. Tradicionalmente a conectividade entre áreas de proteção é projetada por meio de linhas contíguas (conhecidas como corredores ecológicos), sempre objetivando a ligação de áreas protegidas. Como exemplo temos o Pacto de Restauração da Mata Atlântica e Corredor da Mantiqueira (<https://www.pactomataatlantica.org.br/o-pacto>).

Visando a restauração da conectividade entre fragmentos florestais no Brasil, o SNUC (Lei 9.985/2000) determina que a maioria de áreas de proteção devem ser isoladas e possuem grandes áreas territoriais, com isso há perda de área agrícola para a criação de áreas protegidas (BRASIL, 2002), o que torna a conservação menos atraente para produtores rurais. No entanto, o SNUC apresenta algumas categorias de área de proteção que pode haver uso sustentável dos recursos naturais, mas mesmo assim, há perda em áreas de produção agrícola. A grande lacuna dessa legislação e dos projetos de restauração de conectividade estrutural é que eles não consideram que pequenas áreas, como os PEPs, podem fornecer conectividade estrutural e funcional entre áreas protegidas ou entre manchas florestais maiores que não são categorizados nas leis e que é possível praticar a conservação em áreas de agricultura intensiva, não apenas áreas de uso sustentável.

A conectividade possibilita o movimento de organismos nas áreas fragmentadas (TAYLOR et al., 1993) e entre áreas protegidas (WARD et al.,

2020). Há duas abordagens de avaliação da conectividade, a estrutural e a funcional (TISCHENDORF; FAHRIG, 2000).

Nos dias de hoje, trabalhos que mensuram a conectividade funcional são realizados com observações diretas dos movimentos dos organismos como, por exemplo, através do uso de rádio colares, genética dos organismos, captura-recaptura, simulações com características funcionais de espécies dentre outras (KELLER et al., 2013), ou indiretamente através da teoria de grafos em conjunto com os atributos populacionais de uma determinada espécie (RIBEIRO; COLLI; SOARES, 2019; SAURA; PASCUAL-HORTAL, 2007).

Nosso objetivo principal foi investigar a importância de cada nó, em particular os nós representados pelos PEPs, na formação de links na paisagem. Quatro questões direcionaram nosso estudo: 1) O quão e como o domínio Mata Atlântica da região de estudo está fragmentado? 2) Como as métricas da paisagem alteram a conectividade funcional em um gradiente de fragmentação? 3) Quais características das PEPs e fragmentos maiores que um hectare são mais importantes para a conectividade funcional? 4) Qual a importância dos PEPs para a conectividade funcional?

As respostas a essas questões são importantes subsídios aos gestores quanto ao manejo da paisagem agrícola e quanto a importância dos pequenos elementos da paisagem na conectividade funcional. Além de fornecer dados que podem ser expandidos para outros biomas como a Amazônia e Cerrado por exemplo. Segundo Joly (2014), a Mata Atlântica é um grande laboratório natural, estudando e entendendo como os processos de fragmentação, os serviços ecossistêmicos, a distribuição de espécies, as alterações realizadas por humanos dentre outros processos que ocorrem nesse bioma é possível extrapolar as medidas de conservação para a futura (e atual) fragmentação de habitat que ocorrerá (ocorre) na Amazônia. Adicionalmente, acreditamos que nosso estudo também poderá ser extrapolado para o Cerrado, uma vez que, este bioma

apresenta fragmentação natural e que há árvores isoladas em matrizes de gramíneas nativas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

Nossa área de estudo está inserida no domínio Mata Atlântica, no sul do Estado de Minas Gerais, Sudeste do Brasil (FIGURA 1). O clima na área é classificado como CWA e CWB de Kopen, com o verão quente e úmido e o inverno é seco (DANTAS; CARVALHO; FERREIRA, 2007). Os solos dessa região são dos tipos latossolo e argissolo (SANTOS et al., 2011).

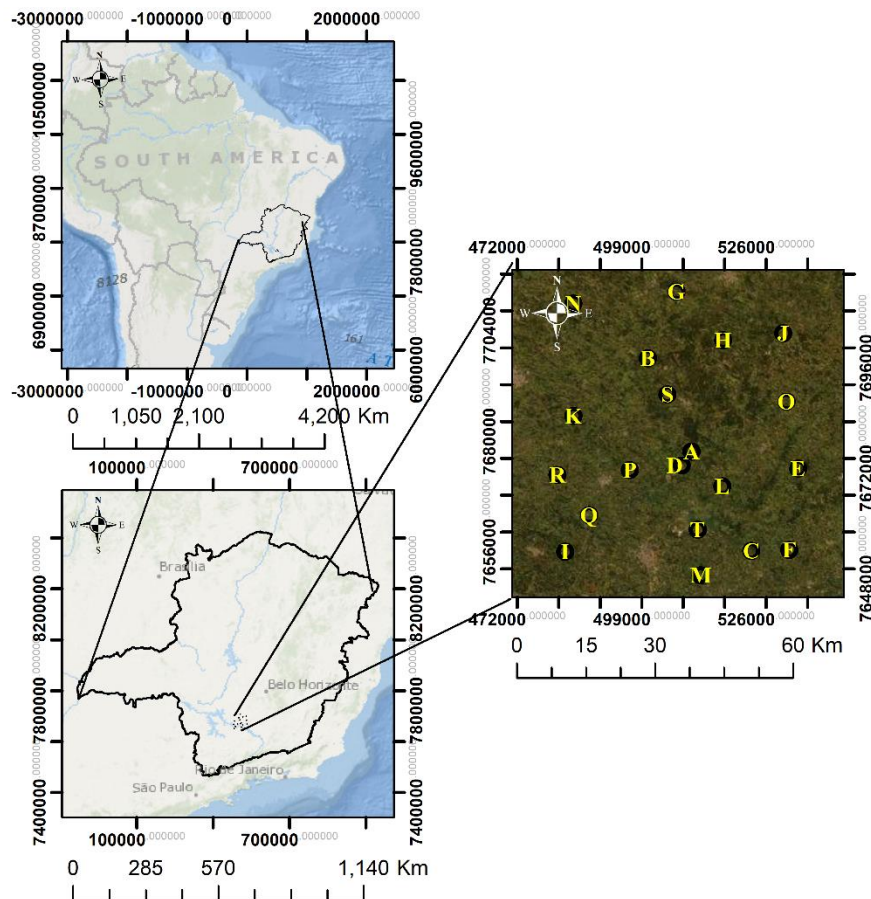
A Mata Atlântica nessa região foi substituída pela agricultura e pecuária, resultando em intensa fragmentação florestal da mesma. As manchas florestais, na sua maioria, estão envoltas por uma matriz de pastagem composta por gramíneas exóticas. Outros elementos presentes são um reservatório artificial de água para geração de energia elétrica, pequenas cidades, plantios de eucaliptos e agricultura (café e culturas anuais).

2.2 Desenho amostral

Delimitamos uma área retangular de 411.670 hectares dentro da qual sorteamos 20 pontos. Para a escolha do primeiro ponto, buscamos a área que havia maior quantidade de habitat e marcamos o ponto no centro da maior mancha florestal (Paisagem - A) (Figura 1). A partir dele, fizemos um sorteio utilizando a ferramenta Randon do ArcMap, para sortearmos os 19 pontos restantes optamos pela aleatoriedade, pois a região de estudo não possuía um gradiente de quantidade de habitat. A partir de cada ponto sorteado traçamos um

buffer com raio de 1500 metros totalizando 707 hectares (FIGURA 1), onde mapeamos o uso do solo. Nós escolhemos esse raio porque a maior distância de forrageamento das espécies focais investigadas é de 760 metros para os tucanos.

Figura 1- Área de estudo



Legenda: Letras na imagem representam as paisagens estudadas, onde A é área com maior quantidade de habitat, B é a segunda maior e assim sucessivamente até a letra T.
Fonte: Do autor (2020).

2.3 Mapeamento do uso do solo

Nós mapeamos as 20 paisagens a partir de imagens do satélite *RapidEye*. As imagens deste satélite possuem pixel de 5×5 m, sendo possível identificar as seguintes classes de uso solo: pastagem, agricultura, plantios de eucaliptos, água e florestas ela foi separada em seis categorias, aqui denominados elementos da paisagem: árvores isoladas, valos, cercas, matas ciliares, fragmentos menores que 1 ha e fragmentos maiores que 1 ha. As imagens foram cedidas pela Universidade Federal de Lavras em um convênio com o Ministério do Meio Ambiente.

Nós identificamos cada árvore isolada na imagem marcando um ponto sobre a possível copa. Para calcular a área das copas, sorteamos 800 pontos de árvores isoladas, obtivemos a coordenada geográfica desses pontos e fomos a campo medir a área das copas. Após medir cada copa, realizamos a média da área da copa na região de estudo, sendo igual 50 metros quadrados. Assim, após o mapeamento por pontos no mapa, plotamos um *buffer* de 50 m² para cada ponto, resultando então no mapeamento de todas as árvores isoladas na paisagem. Optamos pela média de copa proveniente de 800 árvores, pois verificamos que as árvores mantinham um padrão de copa, quando isoladas em pastagens (variação média = 52,52, menor copa = 1,17 m², mediana = 39,6 e maior copa = 779,11 m²), e também não seria possível medir todas as árvores mapeadas nessa região, devido ao tempo em campo e às limitações financeiras.

Os valos são escavações com cerca de 4 m de largura e de aproximadamente 1,5 metros de profundidade, criadas pelos escravos há mais de 150 anos, de forma a estabelecer fronteiras agrícolas. Com o tempo esses valos foram colonizados por espécies arbóreas, formando linhas de árvores na paisagem (CASTRO; VAN DEN BERG, 2013). Nós mapeamos os valos após a identificação de linhas de árvores na paisagem.

As cercas de arame farpado são frequentemente colonizadas por árvores formando linhas na paisagem, no entanto são mais estreitas (± 2 m) e mais recente do que nos valos.

Para separarmos os elementos valos e cercas nós tratamos as imagens com a composição de banda RGB -532, assim foi possível visualizar cores mais densas para formações florestais mais antigas como os valos e tons mais claros para as cercas. Outros fatores considerados para mapeá-los foi que os valos são mais largos e as cercas mais estreitas e o nosso conhecimento de campo.

Para identificarmos as matas ciliares, fizemos o modelo de escoamento hídrico (ArcMap) e classificamos nessa categoria aquelas florestas que acompanhavam essa malha.

Quando a dúvida persistia validamos a identificação a partir de imagens do *Google Earth* e visitas a campo. A acurácia de cada pequeno elemento (árvore, valo e cerca) foi verificada em campo, já que durante o mapeamento, elementos menores que 5×5 m (pixel) não foram possíveis de visualizar tão nitidamente na imagem do satélite *RapidEye*. Quando encontramos nuvens sobre a paisagem, verificamos no *Google Earth*, no campo e no *Imagery* – ArcGis a veracidade de cada categoria.

2.4 Conectividade estrutural

A partir do mapeamento das 20 paisagens calculamos 14 métricas de paisagem propostas por (LANG; BLASCHKE, 2009):

- 1) NP - Número de manchas (*Number of patch*) é contagem de quantas manchas são encontradas por classe em cada paisagem.
- 2) CA - Área da classe (*Class area*) somatório das áreas de todas as manchas que pertencem a uma determinada classe.

- 3) TCA - Área total de áreas núcleo (*Total Core Area*) somatório de todas as áreas núcleo da paisagem. Nós definimos que área de borda seriam 50 metros (MURCIA, 1995), assim inserimos esse valor no cálculo do V-LATE 2.0.
- 4) CORITY - Índice de área núcleo percentual de uma mancha tomada pela área-núcleo. Essa métrica é dependente do número de áreas-núcleo remanescentes.
- 5) ED - Densidade das bordas (*Edge Density*) qual é a densidade das bordas de uma determinada mancha.
- 6) TE - Soma de todas as bordas da paisagem (*Total Edge*) somatório do perímetro das bordas para toda a paisagem.
- 7) MPE - Comprimento médio da borda (*Mean Patch Edge*) média dos comprimentos de todas as bordas de uma paisagem.
- 8) MSI - Índice médio de forma (*Mean Shape Index*). Corresponde ao índice médio de forma das manchas de uma determinada classe. É uma métrica que compara o formato das manchas com um círculo. Quanto mais próximo de 1, a forma se assemelha mais à um círculo.
- 9) MPAR - Razão média do perímetro pela área (*Mean Perimeter Area Ratio*) é área das manchas em relação ao seu perímetro.
- 10) DIVISION - Grau de divisão da paisagem (*Division Index*) mensura o grau de fragmentação da paisagem. Para detalhes matemáticos consultar (JAEGER, 2000).
- 11) SPLIT - Índice de retalhamento (*Splitting Index*) representa quantas manchas (de igual tamanho) permanecem num determinado grau de retalhamento.
- 12) MESH - Tamanho efetivo da mancha (*Effective Mesh Size*) é o tamanho médio ponderado das manchas de determinada classe.

- 13) MFRACT - Dimensão fractal (*Mean Fractal Dimension*) representa a complexidade ou a irregularidade de uma mancha.
- 14) PLAND - Quantidade de habitat ela determina o percentual da área de uma classe na paisagem total, ele é independente da distribuição espacial.

Para calcular essas métricas utilizamos o *software* ArcGis 10.5 com a extensão V-LATE 2.0 (*Vector-based Landscape Analysis Tools Extension*).

Os dados relacionados às métricas estruturais da paisagem (14 métricas), para as 20 paisagens foram explorados por meio da Análise de Componentes Principais (PCA) em função de cada uma das 20 paisagens. Assim foi possível excluir as variáveis altamente correlacionadas para realizarmos as próximas análises estatísticas de acordo com a variável no PC1 da PCA (FIGURA 1, APÊNDICE A). As variáveis que foram representativas para este estudo foram: tamanho do perímetro de toda a borda (TE), número de manchas (NP), forma da mancha (MSI), comprimento médio das bordas (MPE), complexidade da forma (MPAR), fragmentação (FRAG - DIVISION) e quantidade de habitat (habitat - PLAND).

2.5 Conectividade funcional

Para verificarmos se os pequenos elementos da paisagem fornecem conectividade entre as maiores manchas (fragmentos > 1ha), calculamos o índice de Probabilidade de Conectividade (PC - *probability of connectivity*) para as vinte paisagens.

O PC é calculado pela teoria de grafos (detalhes matemáticos estão disponíveis em Saura e Pascual-Horta (2007)). O PC é o cálculo da probabilidade que dois nós aleatórios dentro da paisagem têm de cair em áreas de habitat (ou seja: interconectados), ele fornece um conjunto de *links* entre nós

(nesse trabalho são definidos como PEPs e fragmentos > 1 ha). Resumindo, o PC está relacionado com o movimento dos dispersores entre nós da paisagem em função da distância euclidiana de um nó a outro nó. Varia de 0 a 1, onde 0 indica que não há conectividade e 1 que a paisagem é totalmente conectada.

Probabilidade de conectividade:

$$PC = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n ai \times aj \times P * ij}{Al^2}$$

No qual n é o número de nós (PEPs mais os fragmentos > 1ha) da paisagem, ai e aj são atributos dos nós i e j , $P * ij$ a máxima probabilidade de conexão entre os nós i e j (a qual depende da distância funcional dos organismos entre os nós), e Al é a área total da paisagem.

Para verificar a importância de cada característica dos PEPs e Fragmentos > 1ha, decompomos o PC em três: $dPCintra$, $dPCfluxo$ e $dPCconector$ (detalhes matemáticos estão disponíveis em Saura e Rubio (2010)). O $dPCintra$ está relacionado com a contribuição do nó com relação da área conectada dentro do nó (*intrapatch connectivity*); o $dPCfluxo$ está em função da área e posição do nó, e o quanto bem o nó está conectado com os demais nós da paisagem, em termos de quantidade de fluxo de dispersão e o $dPCconector$ indica a importância do nó para manter a conectividade dos demais nós, considerando apenas a posição do nó na paisagem (SAURA; RUBIO, 2010).

2.5.1 Distância de dispersão para calcular o PC

Para processar o cálculo desses índices definimos três distâncias de dispersão diferentes (50, 100 e 760 metros), baseado em espécies focais. Para

escolhermos as espécies focais, selecionamos na literatura os principais dispersores de sementes presente na região. Os dispersores de sementes foram as aves de tamanho médio (do gênero *Turdus* - popularmente conhecido como sabiá) e aves de tamanho maior (do gênero *Ramphastos* - popularmente conhecido como tucano) (SEBBENN et al., 2011). Para dispersores de pólen, escolhemos os insetos e a distância que o pólen de *Copaifera langsdorffi* fica ativo para a troca genética de indivíduos distantes (TARAZI, et al., 2013). A *C. langsdorffi* foi escolhida porque ela apresenta grande representatividade para as outras espécies, pois é uma espécie generalista e guarda-chuva (TARAZI, et al., 2013).

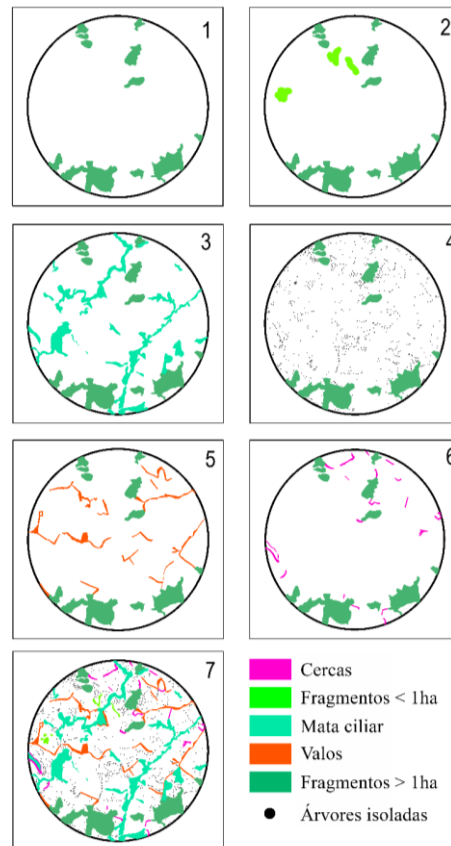
Para os insetos polinizadores definimos que a distância de dispersão viável seria de 50 metros. As maiores frequências encontradas para dispersão contemporânea de pólen foram de 0,24 e 0,33 em 50 m de distância de dispersão (MANOEL, 2011; TARAZI, et al., 2010). Definimos a distância de dispersão de sementes de 100 metros para os sabiás - *Turdus* sp. (JORDANO et al., 2007), e 760 metros para os tucanos - *Ramphastos* sp. (HOLBROOK, 2011). Essas distâncias são as distâncias limites para que as sementes se mantenham viáveis para a germinação, após passar pelo trato digestivo desses animais.

2.5.2 Montagem dos modelos de PC

Para verificar o quanto cada PEP fornece de conectividade entre fragmentos < 1 ha, manipulamos as paisagens adicionando cada PEP a paisagem (FIGURA 2). Primeiro modelo conteve somente os fragmentos florestais < 1 ha, calculamos o PC; depois adicionamos cada elemento, e calculamos o PC para cada modelo e para cada paisagem. Perfazendo, sete modelos por paisagem, totalizando 420 modelos (7 modelos × 20 paisagens × três distâncias de dispersão). Os sete modelos foram:

- 1) Paisagem com a ausência dos pequenos elementos → Fragmentos > 1 ha
- 2) Fragmentos < 1ha → Fragmentos > 1 ha + fragmentos < 1ha
- 3) Mata Ciliar → Fragmentos > 1 ha + mata ciliar
- 4) Árvores isoladas → Fragmentos > 1 ha + árvores isoladas
- 5) Valos → Fragmentos > 1 ha + valos
- 6) Cercas → Fragmentos > 1 ha + cercas
- 7) Paisagem completa → Fragmentos > 1 ha + fragmentos < 1ha + mata ciliar + árvores isoladas + valos + cercas

Figura 2 - Sete modelos de probabilidade de conectividade.



Legenda: Amostra de como realizamos os sete modelos, estes foram os mapas que entraram no *Conefor*. Fonte: Do autor (2020).

Para calcular a teoria dos grafos nas paisagens utilizamos o programa Conefor 2.6 (SAURA; TORNE, 2009). Para preparar os dados de entrada no Conefor, baixamos a extensão *Conefor_inputs_10.exe* no ArcGis.

Primeiro inserimos os mapas de cada um dos 420 modelos citados no item anterior (2.3), geramos o nó, calculamos a distância entre nós e criamos um arquivo *shapefile* com os links entre nós. Os dados de saída do Arcgis foram: 1) identificação de cada nó, 2) matriz de distância euclidiana entre nós e 3) *shapefile* com os grafos.

Em posse desses dados, calculamos o PC, *dPCintra*, *dPCflux* e *dPCconector*, no *software* Conefor.

2.6 Análises de estatísticas

Utilizamos modelos lineares generalizados mistos (GLMM) para investigarmos quais são as métricas estruturais da paisagem que alteram a conectividade funcional (PC). Para ambos os GLMM, o fator aleatório do modelo foi os três dispersores (insetos, sabiás – *Turdus* sp. e tucanos – *Ramphastos* sp.), assim conseguimos aumentar o grau de liberdade dos dados.

- $PC \sim \text{tamanho da borda} + \text{número de PEPs e fragmentos} < 1\text{ha} + \text{forma da PEPs e fragmentos} < 1\text{ha} + \text{comprimento médio das bordas} + \text{complexidade da forma} + \text{fragmentação} + \text{quantidade de habitat} + |\text{dispersores}|$

Também utilizamos o GLMM, para verificar quais as características dos PEPs e fragmentos < 1ha que interferem na conectividade funcional (PC). As características dos PEPs e fragmentos < 1ha foram: área dos PEPs e fragmentos < 1ha; fluxo entre PEPs e fragmentos < 1ha e posição de PEPs e fragmentos < 1ha na paisagem.

- PC ~ área dos PEPs e fragmentos < 1ha + posição dos PEPs e fragmentos < 1ha + fluxo entre PEPs e fragmentos < 1ha + |dispersores|

Antes de realizar o GLMM testamos a normalidade dos dados pelo teste *Shapiro-Wilk* ($P < 0,05$). Sendo assim, foi possível criar os GLMM (*Generalized Linear Mixed Models*), utilizamos o critério AIC (*Akaike Information Criteria*) para selecionar o melhor modelo, e o ΔAIC (menor que 2) foi utilizado para verificar se o modelo era o mais parcimonioso em relação ao modelo nulo.

Para verificarmos se cada PEP fornece conectividade funcional na paisagem e se há diferença entre a contribuição de cada um, utilizamos o *test t* de *Student* ($P < 0,05$).

Todas as análises estatísticas foram feitas no Software R (RCORE, 2013). Para a PCA, utilizamos o pacote *Vegan* (OKSANEN et al., 2010); para os GLMM utilizamos o pacote *lme4* (BATES et al., 2014) e para o *test t* utilizamos o *stats* (team R).

3 RESULTADOS

3.1 Descrição das paisagens

As paisagens foram dominadas por pastagem e apresentou as seguintes classes: água, plantios de eucaliptos, agricultura e floresta (TABELA 1).

Tabela 1- Quantidade de cada classe de uso do solo por paisagem (continua).

Classes de florestas	Média	SD	Menor paisagem	Maior paisagem
Pastagem	317,05 ha (62,68%)	148 ha	K=73,53 ha	J= 605,00 ha
Floresta nativa	136,4 ha (33,38%)	102,48 ha	T= 42,99 ha	A=389,02 ha

Tabela 1 - Quantidade de cada classe de uso do solo por paisagem (conclusão).

Classes de florestas	Média	SD	Menor paisagem	Maior paisagem
Agricultura	15,09 (3,01%)	ha 30,93 ha	B,C,E,F,G,H,J,M,O,T= 0,00 ha	S= 103,95 ha
Água	4,41 (0,58%)	ha 6,68 ha	B,E,H,O,N= 0,00 ha	R= 30,21 ha
Eucaliptos	1,76 (0,34%)	ha 6,66 ha	B,C,E,H,O,N= 0,00 ha	A= 30,45 ha

Fonte: Do autor (2020).

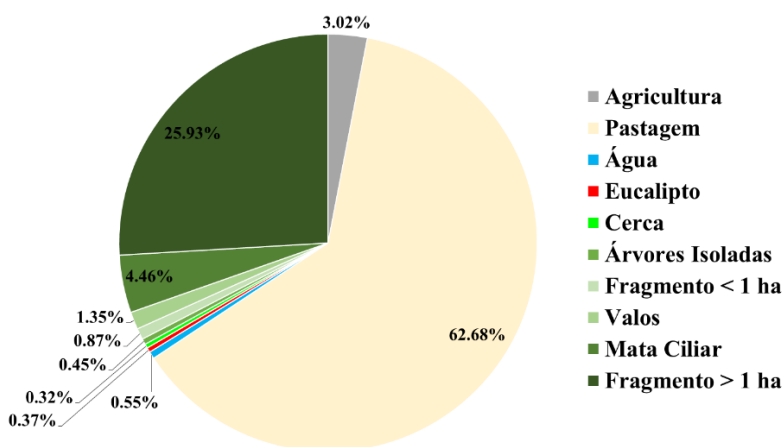
A classe florestal foi dividida nos seguintes elementos da paisagem: Fragmentos > 1ha; Mata ciliar; Valos; Fragmentos < 1 ha; Cercas e Árvores isoladas (Tabela 2). A soma em porcentagem de cada classe de uso do solo para as 20 paisagens em conjunto foi sintetizada na Figura 3.

Tabela 2- Quantidade de pequenos elementos da paisagem para as paisagens.

Classes de florestas	Média	SD	Menor paisagem	Maior paisagem
Fragmentos > 1 ha	131.31 (65%)	ha 92.82 ha	T= 8.70 ha	A= 356.09 ha
Mata Ciliar	43.45 (21%)	ha 29.95 ha	B= 4.95 ha	M= 117.84 ha
Valos	11.72 (5%)	ha 9.62 ha	B= 0.00 ha	L= 27.87 ha
Fragmentos < 1 ha	8.23 (5%)	ha 7.74 ha	D= 0.98 ha	C= 39.58 ha
Cercas	3.48 (2%)	ha 3.81 ha	G= 0.00 ha	C= 13.92 ha
Árvores isoladas (ha)	4.06 (2%)	ha 1.80 ha	T= 0.73 ha	J= 7.63 ha
Árvores isoladas (#)	813 árvores	361 árvores	146 árvores	1526 árvores

Fonte: Do autor (2020).

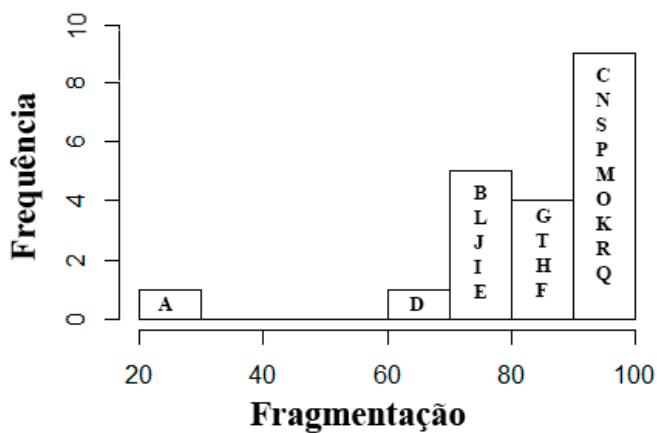
Figura 3 – Classes de uso do solo.



Fonte: Do autor (2020).

As manchas florestais apresentaram alto grau de fragmentação (retalhamento medido pela métrica DIVISION), acima de 70% (Figura 4). Mas, houve duas áreas que estavam menos fragmentadas Paisagem A (20%) e Paisagem D (62,77%) (FIGURA 4, FIGURA 5A e FIGURA 5B).

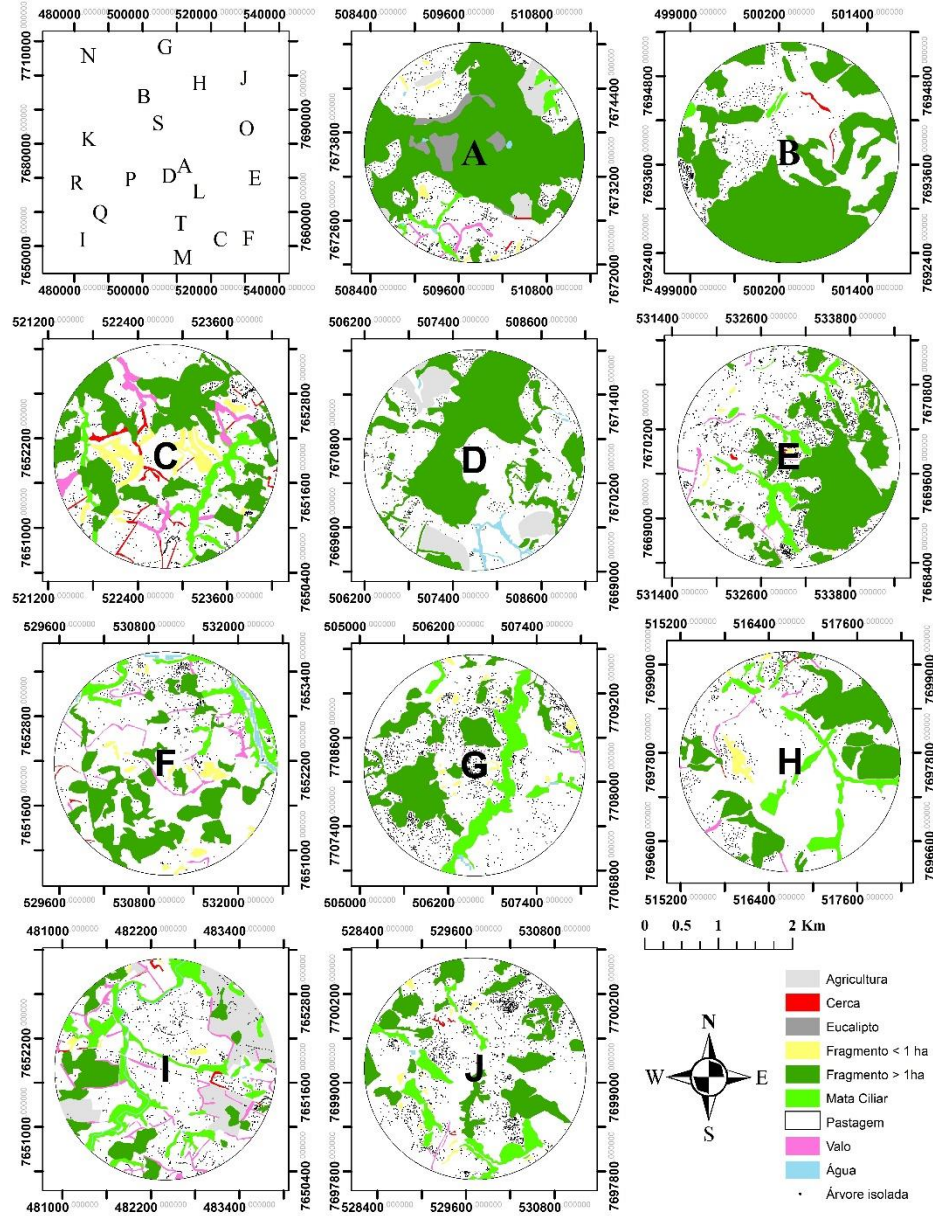
Figura 4- Histograma de fragmentação florestal (DIVISION).



Fonte: Do autor (2020).

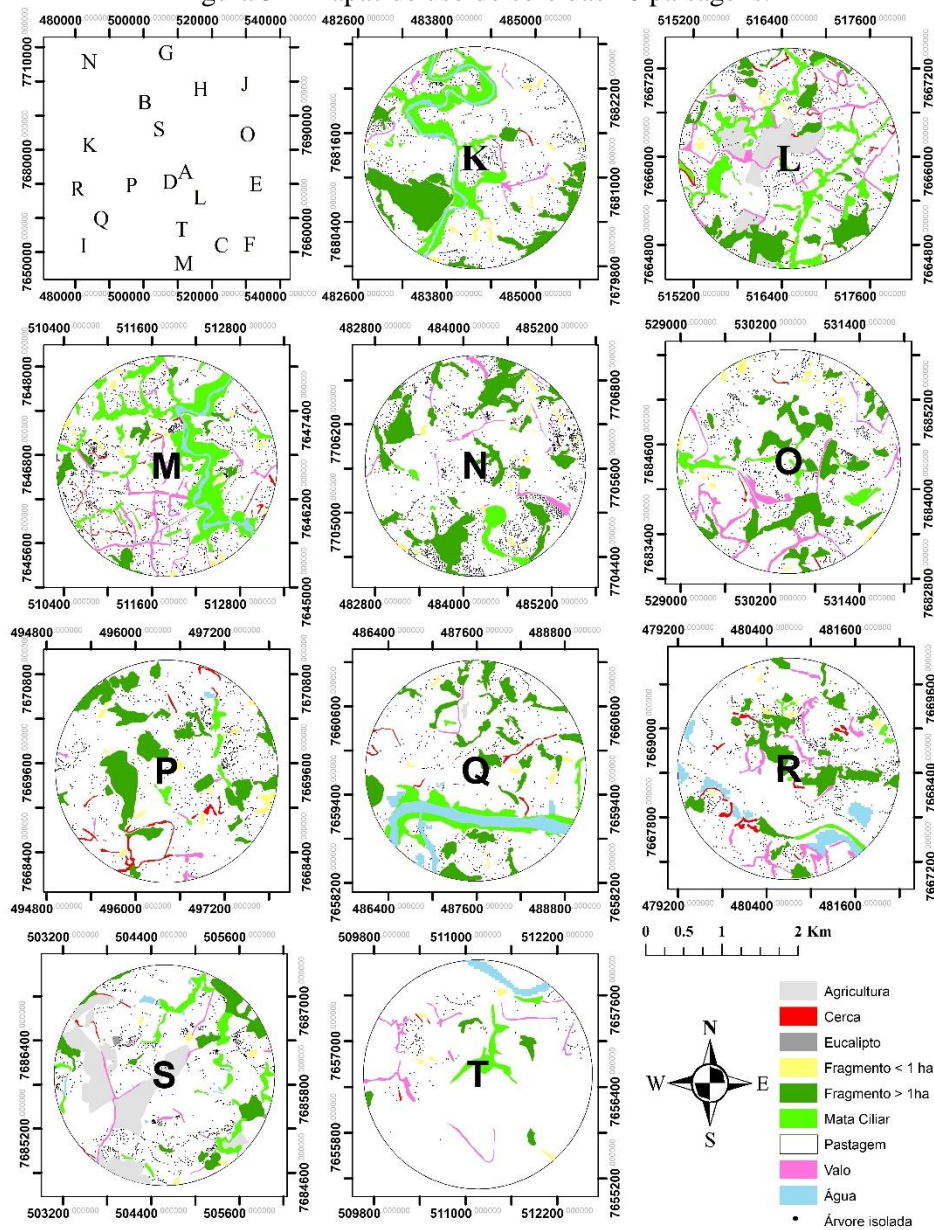
Legenda: Distribuição da fragmentação nas 20 paisagens. Letras são os nomes das paisagens. Fonte: Do autor (2020).

Figura 5 – Mapas de uso do solo das 20 paisagens.



Legenda: Primeiro retângulo é a área total de estudo, as letras de A até T representam a localização geográfica de cada área. Letras de A até J representam as paisagens em ordem decrescentes de quantidade de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Figura 5 – Mapas de uso do solo das 20 paisagens.



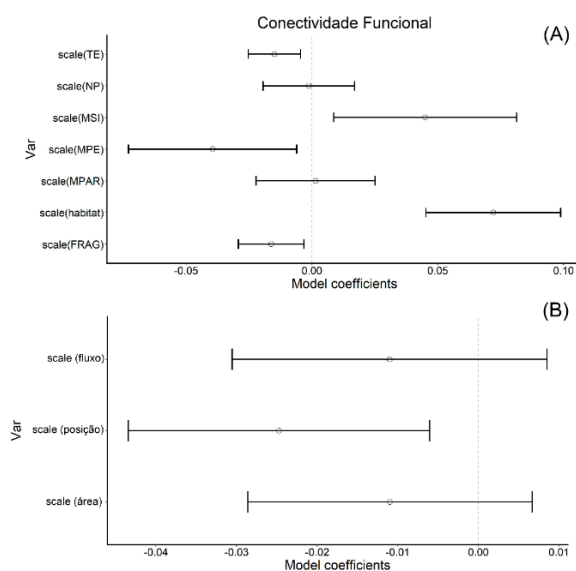
Legenda: Primeiro retângulo é a área total de estudo, as letras de A até T representam a localização geográfica de cada área. Letras de K até T representam as paisagens em ordem decrescentes de quantidade de habitat. Fonte: Do autor (2020).

3.3 Conectividade funcional e as métricas estruturais das paisagens

A fragmentação e o comprimento das bordas dos PEPs e dos fragmentos > 1ha diminuiram a conectividade funcional, quando o fator aleatório do modelo GLMM foram os dispersores (FIGURA 6A). Quanto maior a quantidade de habitat e menor a fragmentação, maior foi a conectividade funcional (FIGURA 6A). Quanto mais arredondadas são os PEPs e fragmentos > 1ha, melhor foi a conectividade funcional ($R^2c = 0,94$ e $AICc = -276,63$ e $\Delta AICc = 1,87$) (FIGURA 6A).

A posição geográfica em que os PEPs e os fragmentos > 1ha estão nas paisagens foi mais expressiva para a conectividade funcional, quando comparada com a área ou com o fluxo na paisagem ($R^2c = 0,16$ e $AICc = -142,74$ e $\Delta AICc = 0$) (FIGURA 6B).

Figura 6 – Conectividade funcional em função das métricas da paisagem.



Legenda: Modelo linear misto – GLMM. (A) Conectividade funcional em função das métricas de paisagem. Onde as variáveis do eixo Y são: TE - tamanho da borda; NP - número de manchas; MSI - forma da mancha; MPE - comprimento médio das bordas;

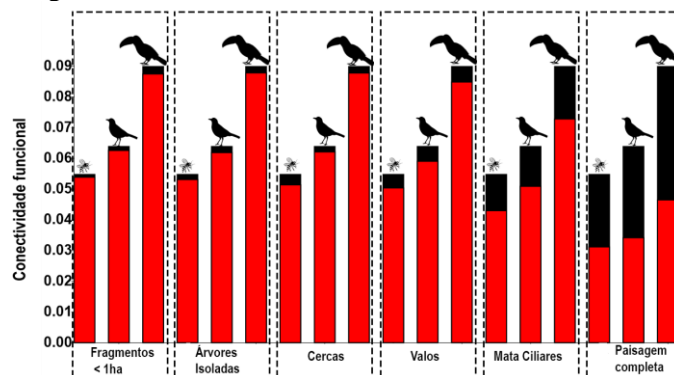
MPAR - complexidade da forma; FRAG - fragmentação e habitat - quantidade de habitat. $R^2c = 0,94$ e $AICc = -276,63$ e $\Delta AICc = 1,87$. (B) Conectividade funcional em função das características das manchas. $R^2c = 0,16$ e $AICc = -142,74$ e $\Delta AICc = 0$.
Fonte: Do autor: 2020.

3.4 Conectividade funcional e os pequenos elementos da paisagem (PEPs)

A presença dos PEPs afetou positivamente e significativamente a conectividade funcional para as paisagens estudadas ($p = 0,00002$). As matas ciliares forneceram maior conectividade, seguida pelos valos, cercas, árvores isoladas e fragmentos < 1 ha, sucessivamente (FIGURA 7).

Quanto maior fragmentação, maior foi a contribuição dos PEPs para a conectividade funcional ($p < 0,05$ e $R^2 > 0,54$) (FIGURA 8A e B e FIGURA 2C, APÊNDICE B). Para os tucanos, a conectividade funcional foi menos afetada pela fragmentação do que para os polinizadores e para os sabiás, pois ambos percorrem menores distância (FIGURA 7A e FIGURA 2 A, B e C, APÊNDICE B).

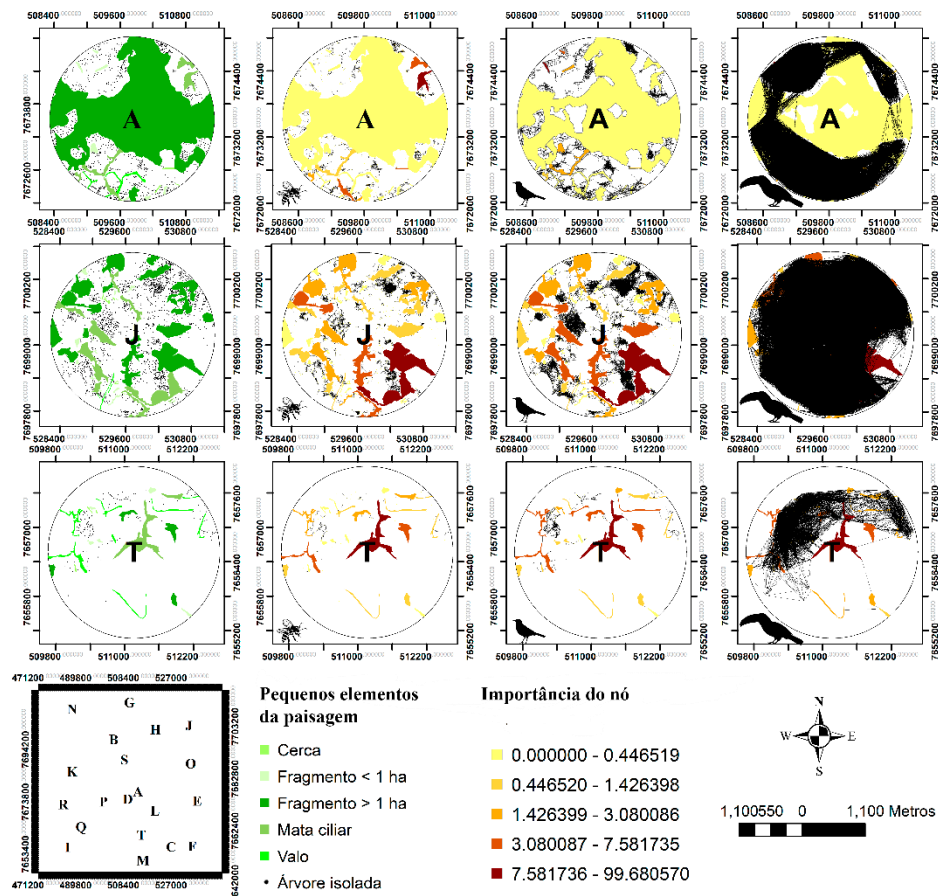
Figura 7- Conectividade funcional (PC) em função dos pequenos elementos da paisagem.



Legenda: As barras em vermelho representam o PC com ausência dos pequenos elementos da paisagem e as barras em preto representam o quanto cada pequeno elemento contribuiu para o PC. Os animais sobre a barra são os três dispersores:

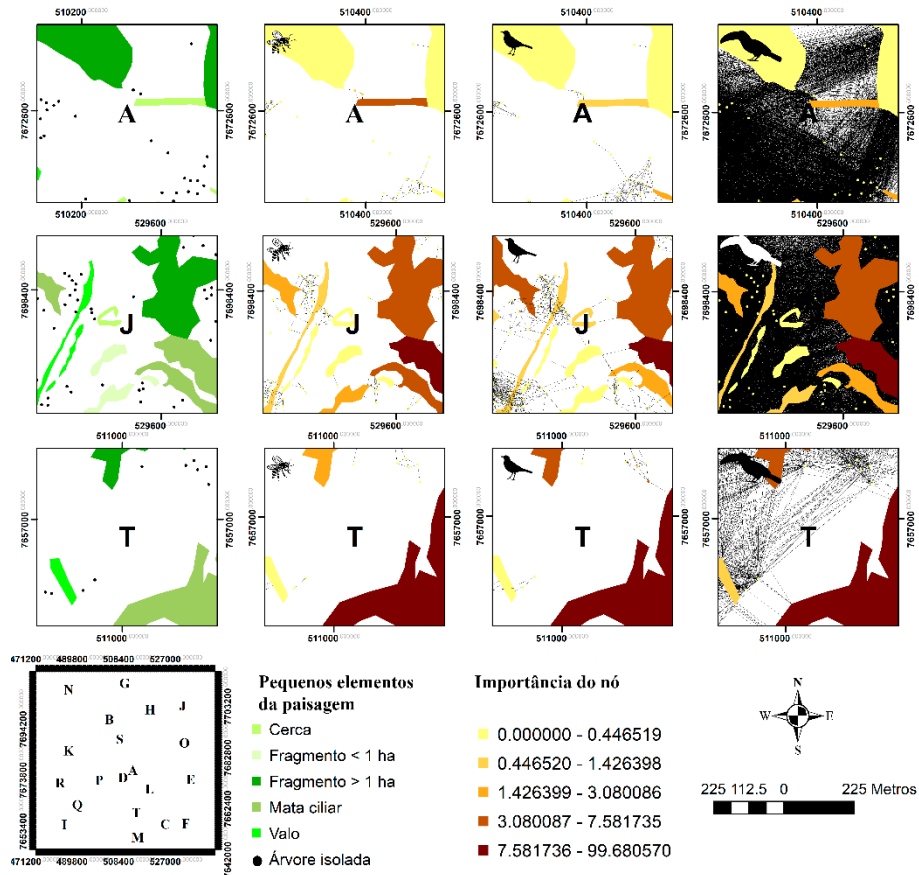
polinizadores, sabiás e tucanos. Paisagem completa = a contribuição de todos elementos da paisagem em conjunto para o PC. Fonte: Do autor (2020).

Figura 8A - Modelos grafos para a conectividade funcional.



Legenda: Representação dos grafos de conectividade funcional de três dispersores, para três paisagens (A, J e T), onde A possui maior quantidade de habitat, J quantidade intermediária de habitat e T quantidade menor de habitat. A primeira coluna é a representação real das paisagens, a segunda é a conectividade funcional para os polinizadores; a terceira é para os sabiás e a quarta é para os tucanos. As linhas pretas são os links dos grafos e a paleta em tons de laranja representa a importância de cada nó (PEPs). O polígono com letras de A- T é a posição real de cada paisagem.

Figura 8B - Zoom dos modelos de grafos para a conectividade funcional, apresentados na Figura 8A.



Legenda: Representação com zoom dos grafos de conectividade funcional de três dispersores, para três paisagens (A, J e T), onde A possui maior quantidade de habitat, J quantidade intermediária de habitat e T quantidade menor de habitat. A primeira coluna é a representação real das paisagens, a segunda é a conectividade funcional para os polinizadores; a terceira é para os sábias e a quarta é para os tucanos. As linhas pretas são os links dos grafos e a paleta em tons de laranja representa a importância de cada nó (PEPs). O polígono com letras de A- T é a posição real de cada paisagem.

4 DISCUSSÃO

Os PEPs foram abundantes nas paisagens estudadas e se mostraram muito importantes para promover a conectividade funcional em paisagens dominadas por atividades agropecuárias. Considerando a dificuldade de reservar mais áreas para conservação (*land sparing*) e a necessidade se pensar em manutenção da diversidade em áreas de produção (*land sharing*), a restauração e manutenção dos PEPs é uma estratégia promissora. Os PEPs ocupam um espaço relativamente pequeno das paisagens (~7,5%, incluindo aqui cercas, valos, árvores isoladas e mata ciliar) e parecem ser bastante eficientes na promoção da conectividade entre áreas florestais, dobrando, quando analisados em conjunto, a conectividade nas áreas. Sendo assim, os PEPs se apresentam como excelentes alternativas aos tomadores de decisão quando necessitam adotar a estratégia de *land sharing*.

A Mata Atlântica na região estudada, está altamente fragmentada. A métrica DIVISION, que dá uma ideia de quanto os blocos de vegetação estão separados fisicamente, apresentou um resultado médio de 82%, com o maior valor na Paisagem R (96%) e o menor valor na Paisagem A (20%). As áreas de floresta foram substituídas por pastagens, agricultura, plantios de eucaliptos e por um reservatório artificial de água. Acreditamos que essa configuração da paisagem está relacionada com a legislação. Por exemplo, na década de 80 a legislação ambiental ainda estava em formulação (Artigo 225 da Constituição de 1988), assim os proprietários rurais conseguiam desmatar suas florestas para realizarem o plantio de gramíneas exóticas e agricultura, e as medidas de fiscalização não eram eficientes.

Ao mesmo tempo que não havia uma legislação que abrangesse todas questões ambientais existia a Lei nº 4.771 de 1965, que determinava que as propriedades deviam manter a Área de Preservação Permanente (APP) ao longo de rios, córregos e nascentes (BRASIL, 1965), e por isso as matas ciliares

apresentaram-se com maior área quando comparadas com os outros PEPs. Tal lei determinava a largura da APP de acordo com a largura do curso d'água. É importante ressaltar que a Lei nº 4.771 de 1965 foi revogada e substituída pela Lei nº 12.651 de 2012 (BRASIL, 2012). Essa nova legislação condiciona a largura da APP ao tamanho da propriedade (SOARES-FILHO et al., 2014). Assim em um mapeamento futuro, é possível que as mata ciliares respondam na mesma direção que os demais PEPs, ou seja, haverá decréscimo de área florestada em torno de cursos d'água.

Nossos resultados apontaram algumas métricas de forma, borda, fragmentação, quantidade de habitat e a posição geográfica dos PEPs na paisagem como essenciais a conexão funcional das paisagens. Outros estudos já haviam detectado que as métricas de forma e borda como relevantes para a conectividade estrutural (COSTANZA et al. 2019; BANKS-LEITE et al. 2011; FAHRIG 2003) e nós comprovamos que elas são essenciais para a conectividade estrutural bem como a conectividade funcional. Para a Mata Atlântica até este estudo, a posição não tinha sido investigada, e nós encontramos que a posição dos PEPs é de suma importância para favorecer a conectividade funcional nesta paisagem.

Para os animais que dispersam pólen e sementes, as características da mancha são essenciais para que ocorra a dispersão na paisagem. Os insetos polinizadores são altamente responsivos ao tamanho da mancha florestal e a conectividade, onde o movimento de abelhas dispersoras de pólen de *C. langsdorffii* é dificultado por áreas não florestadas (TARAZI, R et al., 2013).

Quando nós comparamos os tucanos e sabiás inferimos que o tucano consegue transpor toda a extensão da paisagem com mais facilidade que os sabiás. Os tucanos e aves maiores (não investigadas), são importantes para a manutenção da dispersão de sementes grandes (EMER et al., 2019) – o tucano possui um tamanho médio de 680 gramas e abertura do bico de 30 mm

(GALETTI et al., 2013) e distância de dispersão de 760 m (HOLBROOK, 2011). Essa ave pode se alimentar de sementes de até 30 mm, e tem uma dieta mais generalista comparada com aves menores. Já o sabiá possui em média 75 gramas e abertura do bico de 12 mm (GALETTI et al., 2013) e distância de dispersão de 100 m (JORDANO et al., 2007), sendo mais especialista em dieta e distância de dispersão quando comparado com os tucanos. Logo, para diminuir a distância de dispersão e favorecer o deslocamento em toda a paisagem dispersando uma maior diversidade de sementes é necessário fornecer pontos de pouso (*steeping stones*) para estas aves, mas principalmente para o sabiá e aves similares com menor capacidade de deslocamento. Nesse sentido os PEPs claramente preenchem esse papel.

Os PEPs são essenciais para diminuir os efeitos da fragmentação. A fragmentação florestal modifica a dispersão de pólen e sementes alterando o fluxo gênico (HAMILTON, 1999). Os processos relacionados à fragmentação afetam negativamente a comunidade de aves (BOVO et al., 2018). As aves são responsáveis por dispersarem sementes à longas distâncias (CLARK et al., 2004) e assim são capazes de manter a diversidade genética das plantas (TARAZI, et al., 2010), das quais se alimentam, como por exemplo *Euterpe edulis* (CARVALHO et al., 2015) e *C. langsdorffii* (Capítulo 3 da tese e (TARAZI, et al., 2010). No entanto, as aves só conseguem transpor matrizes adversas quando houver pontos de pouso e abrigo. Por exemplo, uma árvore isolada em pastagem possui banco de sementes sob suas copas (SIQUEIRA et al., 2017), pois funciona como ponto de pouso. E essa função é visualizada na FIGURA 8B, onde o número de links aumenta nas áreas com maior número de árvores isoladas (Paisagem J = 1.526 árvores isoladas; 6.927 links para insetos; 18.801 links para sabiás e 302.389 links para tucanos) em relação as áreas com menor número de árvores isoladas (Paisagem T = 146 árvores isoladas; 167 links para insetos; 454 links para sabiás e 4.711 links para tucanos).

Áreas lineares de floresta (mata ciliar, valos e cercas) foram os que promoveram maior conectividade entre as manchas florestais, seguido pelas árvores isoladas e fragmentos < 1ha, não menos importantes. Nota-se que em conjunto os PEPs foram responsáveis por cerca de 50% da conectividade detectada da paisagem, independentemente do grupo animal analisado, e que, embora haja elementos mais importantes que outros, todos eles contribuíram nesse processo. Ainda assim, é importante ressaltar que os PEPs contribuem de forma similar para a conectividade funcional independentemente de qual animal foi investigado. Mas, as árvores isoladas foram mais importantes para os animais menores (insetos polinizadores e sabiás). Isto está diretamente relacionado com a distância de forrageamento destes animais, que ficam restritos aos pequenos fragmentos (GALETTI et al., 2013), e quando há uma árvore isolada, eles conseguem se mover a maiores distâncias. As árvores isoladas favorecem a dispersão endozoocórica (VERGNE et al., 2016), e este tipo de dispersão é característico dos sabiás (GALETTI et al., 2013), por isso as árvores isoladas são importantes *stepping stones* dessa região.

Os efeitos negativos da fragmentação podem ser diminuídos pela implantação de corredores de biodiversidade e criação de áreas protegidas, que demandam grandes áreas de restauração e construções de parques (BRASIL, 2000; CROUZEILLES et al. 2013). Essa tem sido a estratégia tradicional na conservação da biodiversidade. Em uma escala global as áreas protegidas estão na sua maioria desconectadas, por falta de planejamentos de restauração direcionados ao objetivo de conexão (WARD et al., 2020). No Brasil por exemplo, 29,7% de suas áreas protegidas estão desconectadas (WARD et al., 2020). No presente estudo mostramos que os PEPs podem incrementar acentuadamente a conectividade entre fragmentos maiores.

No panorama atual da Mata Atlântica com dominância de pequenas manchas florestais e quase ausência de grandes e elevado custo da terra é

necessário focar também na conservação em propriedades agropecuárias particulares e no correto manejo dos pequenos elementos da paisagem, visando a conectividade de áreas protegidas. Na maioria dos estudos estes pequenos elementos são negligenciados e não são mapeados (HADDAD et al., 2015) e não há nenhuma legislação volta para tais PEPs.

Além disso, as características e origem dos PEPs favorecem os processos ecológicos como fornecimento de recursos para a fauna e até mesmo para as plantas. Por exemplo, as mata ciliares estão associadas aos cursos d'água, logo são essenciais para a dessedentação de animais; os valos estão associados às valas profundas que fornecem temperaturas amenas para germinação de espécies de plantas, estas valas funcionam similarmente ao interior de grandes fragmentos (CASTRO; VAN DEN BERG, 2013); as cercas de arame farpado servem como poleiros para animais bem como as árvores isoladas, e os fragmentos <1 ha hectare são abrigos para a fauna e podem ser um ponto nucleação de espécies.

Portanto, é primordial considerar os PEPs como estruturas conectoras entre fragmentos e áreas protegidas, assim os objetivos de restauração apresentariam menor custo financeiro e menores conflitos sociais (como por exemplo desapropriação de terras voltada para a conservação). Propomos a criação de leis específicas para os PEPs. Nos dias atuais, infelizmente, somente a legislação ambiental é o instrumento mais eficaz para conservação. Por exemplo, algumas espécies de árvores isoladas foram mantidas na paisagem por serem protegidas por lei (SIQUEIRA et al., 2017) e havia a Lei nº 4.771 de 1965 que protegia as Matas Ciliares e por isso elas estão presentes nas paisagens nos dias atuais. Este trabalho fornece embasamento para a criação de uma legislação específica para os PEPs e mostrou a necessidade de haver mais estudos científicos sobre eles.

5 REFERÊNCIAS

BANKS-LEITE, C. et al. Using ecological thresholds to evaluate the costs and benefits of set-asides in a biodiversity hotspot. **Science**, 345, n. 6200, p. 1041-1045, 2014.

BATES, D. et al. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **arXiv preprint arXiv:1406.5823**, 2014.

BAUDRY, J.; BUNCE, R.; BUREL, F. Hedgerows: an international perspective on their origin, function and management. **Journal of environmental management**, 60, n. 1, p. 7-22, 2000.

BOVO, A. A. et al. Habitat fragmentation narrows the distribution of avian functional traits associated with seed dispersal in tropical forest. **Perspectives in ecology and conservation**, 16, n. 2, p. 90-96, 2018.

BRASIL. Lei nº 4.771, de 15 de setembro de 1965. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, de 15 de set. de 1965. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/L4771.htm>. Acesso em: 15 dez. 2019.

BRASIL. LEI Nº 12.651, de 25 de maio de 2012. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, de 25 de mai. de 2012. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/ Ato2011-2014/2012/Lei/L12651.htm>. Acesso em: 15 dez. 2019.

BRASIL. Lei Federal nº 9.985, de 18 de julho de 2000. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, de 19 jul. 2000. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/L9985.htm>. Acesso em: 02 out. 2019.

CARVALHO, C. et al. Contemporary and historic factors influence differently genetic differentiation and diversity in a tropical palm. **Heredity**, 115, n. 3, p. 216, 2015.

CASTRO, G. C.; VAN DEN BERG, E. Structure and conservation value of high-diversity hedgerows in southeastern Brazil. **Biodiversity and Conservation**, 22, n. 9, p. 2041-2056, 2013.

CLARK, C. et al. Fruiting trees as dispersal foci in a semi-deciduous tropical forest. **Oecologia**, 139, n. 1, p. 66-75, 2004.

CROUZEILLES, R.; LORINI, M. L.; GRELLE, C. E. V. The importance of using sustainable use protected areas for functional connectivity. **Biological Conservation**, 159, p. 450-457, 2013.

DANTAS, A. A. A.; CARVALHO, L. G. d.; FERREIRA, E. Classificação e tendências climáticas em Lavras, MG. **Ciência e Agrotecnologia**, 31, n. 6, p. 1862-1866, 2007.

DOS SANTOS, H. et al. O novo mapa de solos do Brasil: legenda atualizada. **Embrapa Solos-Documentos (INFOTECA-E)**, 2011.

EMER, C. et al. Defaunation precipitates the extinction of evolutionarily distinct interactions in the Anthropocene. **Science advances**, 5, n. 6, p. eaav6699, 2019.

GALETTI, M. et al. Functional extinction of birds drives rapid evolutionary changes in seed size. **Science**, 340, n. 6136, p. 1086-1090, 2013.

GARIBALDI, L. A. et al. Global growth and stability of agricultural yield decrease with pollinator dependence. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 108, n. 14, p. 5909-5914, 2011.

HADDAD, N. M. et al. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science advances**, 1, n. 2, p. e1500052, 2015.

HAMILTON, M. B. Tropical tree gene flow and seed dispersal. **Nature**, 401, n. 6749, p. 129, 1999.

HOLBROOK, K. M. Home range and movement patterns of toucans: implications for seed dispersal. **Biotropica**, 43, n. 3, p. 357-364, 2011.

JOLY, C. A.; METZGER, J. P.; TABARELLI, M.. Experiences from the Brazilian Atlantic Forest: ecological findings and conservation initiatives. **New Phytologist**, 204, n. 3, p. 459-473, 2014.

JORDANO, P. et al. Differential contribution of frugivores to complex seed dispersal patterns. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 104, n. 9, p. 3278-3282, 2007.

KELLER, D. et al. Is functional connectivity in common grasshopper species affected by fragmentation in an agricultural landscape? **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 175, p. 39-46, 2013.

- LANG, S.; BLASCHKE, T. Análise da paisagem com SIG: ed. : Oficina de Textos, 2009. p.
- LAURANCE, W. F. et al. The fate of Amazonian forest fragments: a 32-year investigation. **Biological Conservation**, 144, n. 1, p. 56-67, 2011.
- LEVIS, C. et al. Help restore Brazil's governance of globally important ecosystem services. **Nature Ecology & Evolution**, 4, n. 2, p. 172-173, 2020.
- LEWIS, S. L.; EDWARDS, D. P.; GALBRAITH, D. Increasing human dominance of tropical forests. **Science**, 349, n. 6250, p. 827-832, 2015.
- MANOEL, R. d. O. Distância e padrões de dispersão contemporânea de pólen e sistema de reprodução em pequeno fragmento isolado de *Copaifera Langsdorfii* Desf. (Leguminosae–Caesalpinoideae). 2011.
- MELO, F. P. et al. On the hope for biodiversity-friendly tropical landscapes. **Trends in ecology & evolution**, 28, n. 8, p. 462-468, 2013.
- MURCIA, C. Edge effects in fragmented forests: implications for conservation. **Trends in ecology & evolution**, 10, n. 2, p. 58-62, 1995.
- OKSANEN, J. et al. Package 'vegan': Community Ecology Package. Version 1.17–2. 2010.
- PARDINI, R. et al. Beyond the fragmentation threshold hypothesis: regime shifts in biodiversity across fragmented landscapes. **PloS one**, 5, n. 10, p. e13666, 2010.
- PREVEDELLO, J. A.; ALMEIDA-GOMES, M.; LINDENMAYER, D. B. The importance of scattered trees for biodiversity conservation: A global meta-analysis. **Journal of Applied Ecology**, 55, n. 1, p. 205-214, 2018.
- RCORE, T. R. A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. **Online:** <http://www.R-project.org>, 2013.
- RIBEIRO, J.; COLLI, G. R.; SOARES, A. Landscape correlates of anuran functional connectivity in rice crops: a graph-theoretic approach. **Journal of tropical ecology**, 35, n. 3, p. 118-131, 2019.

ROCHA, M. F.; PASSAMANI, M.; YANKOUS GONÇALVES FIALHO, M. Can vegetation corridors provide habitat in fragmented landscapes? A case-study in the Brazilian Atlantic Domain. **Studies on Neotropical Fauna and Environment**, 49, n. 3, p. 180-184, 2014.

SATURNI, F. T.; JAFFÉ, R.; METZGER, J. P. Landscape structure influences bee community and coffee pollination at different spatial scales. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 235, p. 1-12, 2016.

SAURA, S.; PASCUAL-HORTAL, L. A new habitat availability index to integrate connectivity in landscape conservation planning: comparison with existing indices and application to a case study. **Landscape and Urban Planning**, 83, n. 2-3, p. 91-103, 2007.

SAURA, S.; RUBIO, L. A common currency for the different ways in which patches and links can contribute to habitat availability and connectivity in the landscape. **Ecography**, 33, n. 3, p. 523-537, 2010.

SAURA, S.; TORNE, J. Conefor Sensinode 2.2: a software package for quantifying the importance of habitat patches for landscape connectivity. **Environmental modelling & software**, 24, n. 1, p. 135-139, 2009.

SEBBENN, A. et al. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, 106, n. 1, p. 134, 2011.

SIQUEIRA, F. F. et al. How scattered trees matter for biodiversity conservation in active pastures. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 250, p. 12-19, 2017.

SIQUEIRA, F. F. et al. POR QUE PRODUTORES RURAIS DEIXAM ÁRVORES REMANESCENTES EM PASTAGENS?

SOARES-FILHO, B. et al. Cracking Brazil's forest code. **Science**, 344, n. 6182, p. 363-364, 2014.

TARAZI, R. et al. Edge effects enhance selfing and seed harvesting efforts in the insect-pollinated Neotropical tree *Copaifera langsdorffii* (Fabaceae). **Heredity**, 110, n. 6, p. 578, 2013.

TARAZI, R. et al. Mendelian inheritance, linkage and linkage disequilibrium in microsatellite loci of *Copaifera langsdorffii* Desf. **Conservation Genetics Resources**, 2, n. 1, p. 201-204, 2010.

TAUBERT, F. et al. Global patterns of tropical forest fragmentation. **Nature**, 554, n. 7693, p. 519, 2018.

TAYLOR, P. D. et al. Connectivity is a vital element of landscape structure. **Oikos**, p. 571-573, 1993.

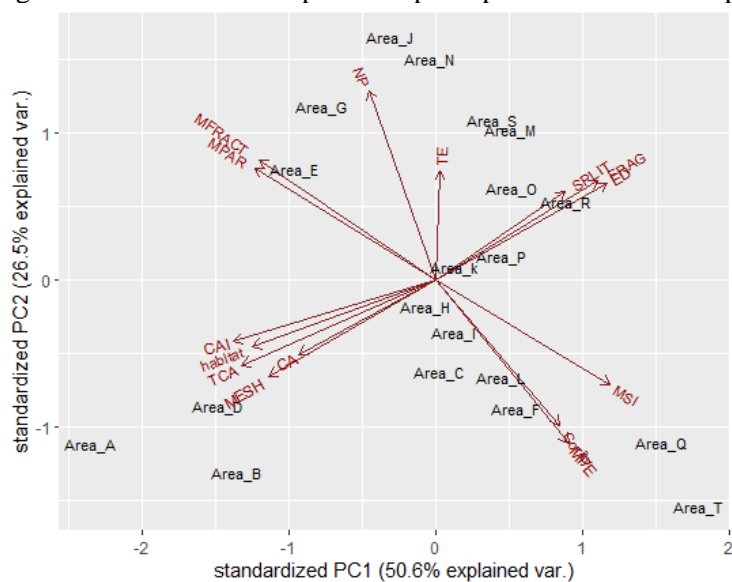
TISCHENDORF, L.; FAHRIG, L. On the usage and measurement of landscape connectivity. **Oikos**, 90, n. 1, p. 7-19, 2000.

VERGNE, D. C. et al. Isolated trees with high crown coverage and densities increase pasture seed rain. **Acta Botanica Brasilica**, 30, n. 3, p. 486-494, 2016.

WARD, M. S. et al. Only ten percent of the global terrestrial protected area network is connected via intact land. **BioRxiv**, 2020.

APÊNDICE A – MATERIAL SUPLEMENTAR

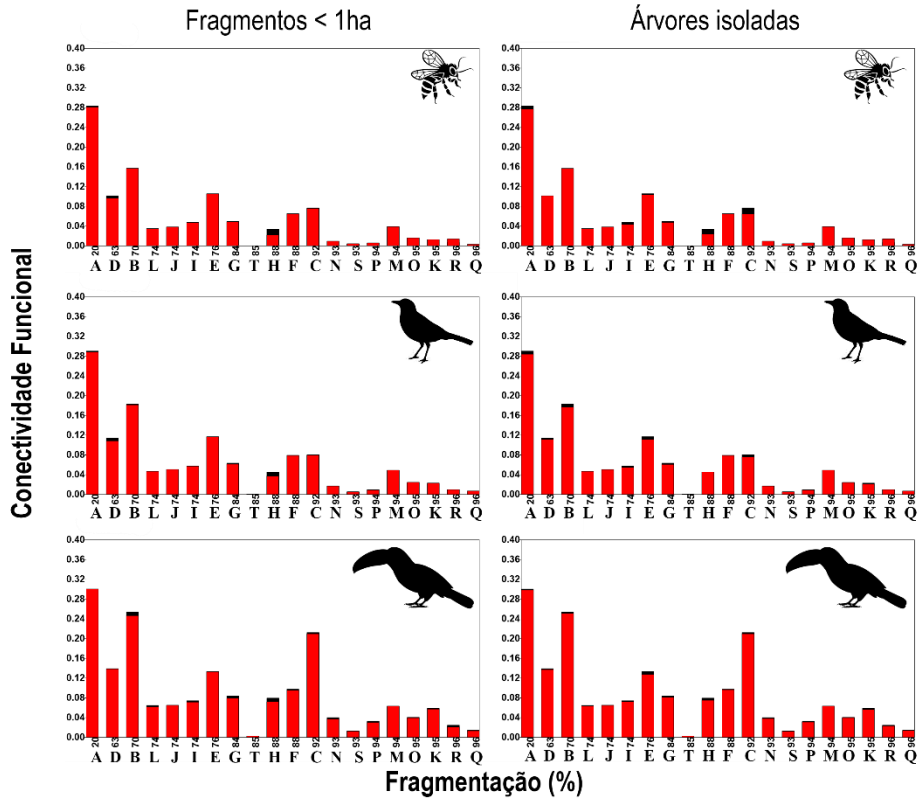
Figura 1 – Análise de componentes principais das métricas da paisagem.



Legenda: NP - Número de Manchas; CA - Área de Classe; TCA - Área total de áreas-núcleo; CORITY - Índice de área-núcleo; ED - Densidade das bordas; TE - Soma das Bordas; MPE - Comprimento médio da borda; MSI - Índice médio de forma; FRAG - Grau de divisão da paisagem (Divison); SPLIT - Índice de retalhamento; MESH - Tamanho efetivo da mancha; MPAR - Dimensão fractal e habitat - Quantidade de habitat; MFRACT- Dimensão fractal. Pontos são as paisagens Paisagem A até a Paisagem T. Fonte: Do autor (2020).

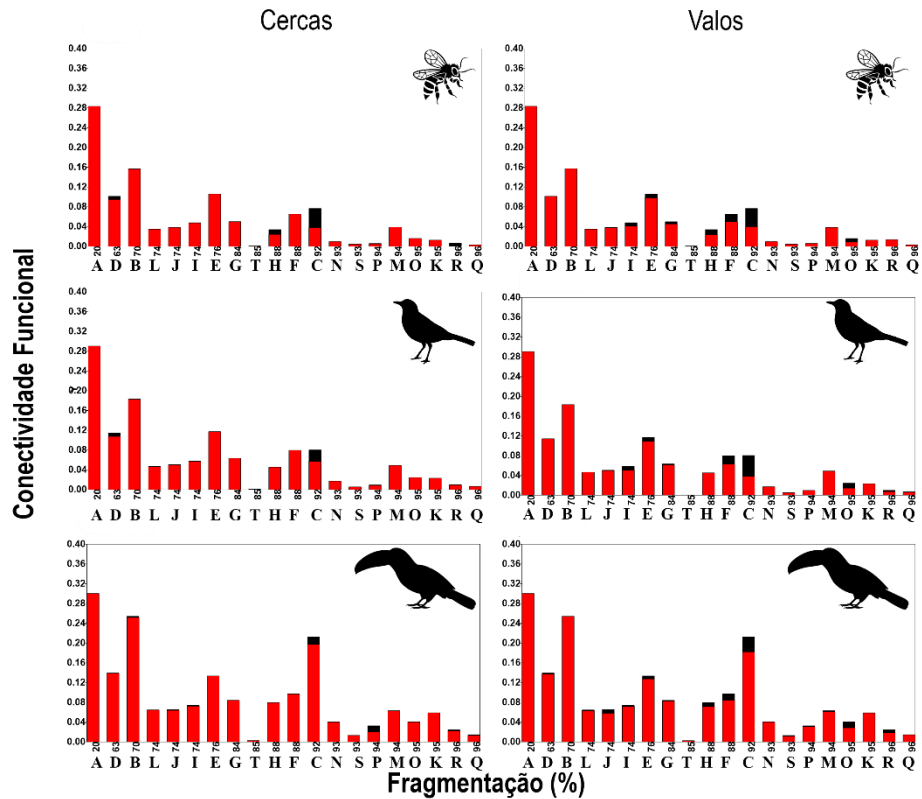
APÊNDICE B – RESULTADOS COMPLEMENTARES.

Figura 2A - Conectividade funcional para diferentes dispersores.



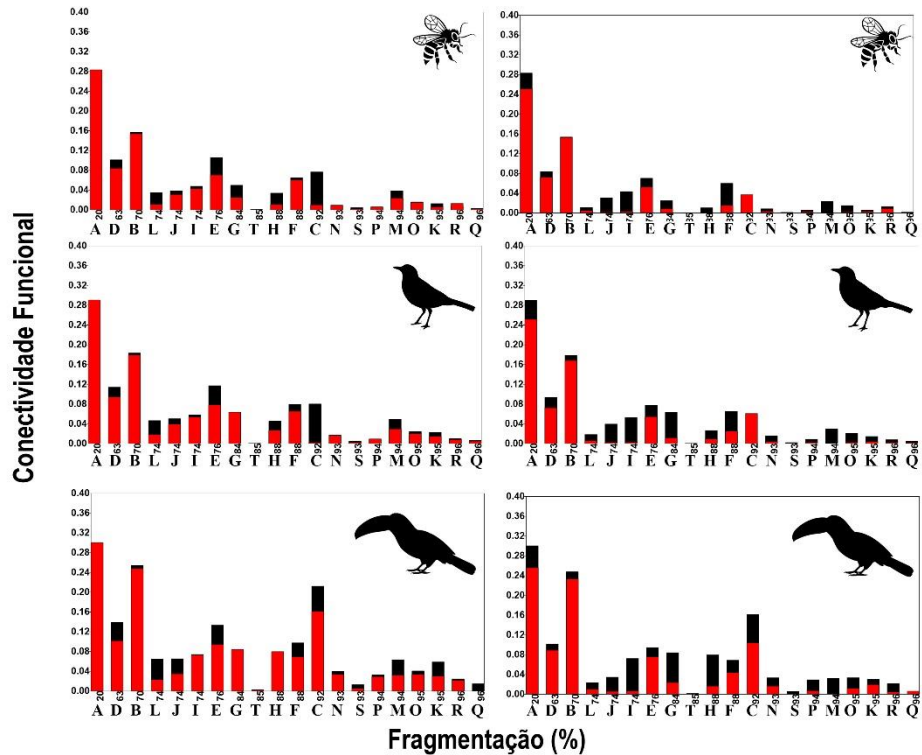
Legenda: As barras em vermelho representam o PC com ausência dos pequenos elementos da paisagem e as barras em preto representam o quanto cada pequeno elemento contribuiu para o PC. Cada barra representa uma paisagem de A até T, em ordem crescente de fragmentação. Os animais sobre a barra são os três dispersores: polinizadores, sabiás e tucanos. Fonte: Do autor (2020).

Figura 2B - Conectividade funcional para diferentes dispersores.



Legenda: As barras em vermelho representam o PC com ausência dos pequenos elementos da paisagem e as barras em preto representam o quanto cada pequeno elemento contribuiu para o PC. Cada barra representa uma paisagem de A até T, em ordem crescente de fragmentação. Os animais sobre a barra são os três dispersores: polinizadores, sabiás e tucanos. Fonte: Do autor (2020).

Figura 2C - Conectividade funcional para diferentes dispersores.
Mata Ciliar Paisagem completa



Legenda: As barras em vermelho representam o PC com ausência dos pequenos elementos da paisagem e as barras em preto representam o quanto cada pequeno elemento contribuiu para o PC. Cada barra representa uma paisagem de A até T, em ordem crescente de fragmentação. Os animais sobre a barra são os três dispersores: polinizadores, sabiás e tucanos. Paisagem completa = a contribuição de todos elementos da paisagem em conjunto para o PC. Fonte: Do Autor (2020).

CAPITULO 3 - FLUXO GÊNICO EM PAISAGENS AGROPECUÁRIAS: UM CASO DE ESTUDO COM *COPAIFERA LANGSDORFFII* NA MATA ATLÂNTICA

RESUMO

As florestas tropicais têm sido profundamente modificadas formando novos ecossistemas, onde a matriz predominante é de pastagens e de agricultura e as áreas florestais se restringem a pequenos elementos da paisagem - PEPS. Alterações como essas podem impedir o fluxo gênico de animais e plantas (sementes e pólen) devido à resistência da matriz de produção. Esse cenário pode ser melhorado com a criação de corredores lineares e *stepping stones*. A ecologia e a genética de paisagem fornecem instrumentos eficientes para a investigação de como o fluxo gênico ocorre nessas paisagens. Nós utilizamos os dados genéticos de uma espécie guarda-chuva para quantificarmos o fluxo gênico em paisagens agrícolas presentes no domínio Mata Atlântica. Nossas perguntas foram: 1. Como ocorre o fluxo gênico de *Copaifera langsdorffii* Desf. (Leguminosae, Caesalpinioideae)? 2. Há alterações na diversidade e estrutura genética quando há perda de habitat? 3. A riqueza alélica e a endogamia dos indivíduos de *C. langsdorffii* são alteradas pela configuração da paisagem? 4. Os índices de diversidade genética de indivíduos de *C. langsdorffii* se alteram ao longo do tempo? 5. Os parâmetros genéticos das populações variam com a escala espacial? 6. Quanto maior a distância geográfica entre os indivíduos e entre as paisagens maior será a diferenciação genética? 7. As paisagens antrópicas fornecem resistência ao fluxo gênico de *C. langsdorffii*? Nós verificamos que a quantidade de habitat não foi um fator determinante para alterações na diversidade genética. A riqueza alélica dos indivíduos regenerantes diminuiu em áreas altamente fragmentada. Os indivíduos adultos não sofreram alterações nas métricas diversidades genética (Riqueza alélica, endogamia, heterozigosidade, número de alelos efetivos e fluxo gênico) nesta paisagem e a distância geográfica não resultou em um isolamento genético de adultos e regenerantes. A escala espacial do estudo deve ser analisada com frequência em estudos genéticos, pois verificamos que em escala local as alterações nas métricas genéticas não são tão perceptíveis quanto em escala regional. As paisagens com matriz de pastagens forneceram resistência para o fluxo gênico em escala regional, tanto para os indivíduos adultos como para os regenerantes. O fluxo gênico de *C. langsdorffii* ocorreu de forma aleatória, ou seja, não possui uma rota pré-definida de dispersão de sementes ou pólen. A perda de riqueza alélica nos indivíduos regenerantes é um indicativo de diminuição da capacidade de dispersão da espécie, logo as paisagens antrópicas devem ser manejadas de

forma que mantenham a conectividade e os PEPs, assegurando a dispersão de dispersores de sementes e de pólen.

Palavras-chave: Resistência da paisagem. Quantidade de habitat. Genética da paisagem. Ecologia da paisagem. Pequenas manchas florestais. Isolamento pela distância geográfica.

ABSTRACT

Tropical forests have been deeply modified forming new ecosystems, where the predominant matrix is grassland and agriculture, with forest areas restricted to small remnants. Changes like these could hinder animals and plants (seeds and pollen) gene flow due to the production matrix resistance. This scenario could be improved with the establishment of linear corridors and stepping stones. Landscape ecology and genetics provide efficient tools for investigating how gene flow occurs in these landscapes. We use genetic data from an umbrella species gain information about gene flow in agricultural landscapes present in the Atlantic Forest domain. Our questions were: 1. How does *Copaifera langsdorffii* Desf gene flow occur? (Leguminosae, Caesalpinioideae)? 2. Are there changes in genetic diversity and structure when habitat is lost? 3. The allelic richness and inbreeding of individual's *C. langsdorffii* are changed by the landscape configuration? 4. Do the genetic diversity indexes of *C. langsdorffii* individuals change over time? 5. Do the genetic parameters of populations vary with the spatial scale? 6. Does the increase of geographical distance among individuals and among landscapes lead to a greater genetic differentiation? 7. Did the anthropogenic landscapes provide resistance to the *C. langsdorffii* gene flow? We found that the amount of habitat was not a determining factor for genetic diversity. The allelic wealth changed only for young individuals in highly fragmented areas. Adult individuals did not suffer changes in this landscape and the geographical distance did not result in genetic isolation of adults and young people. The spatial scale of the study is a factor that must be analyzed frequently in genetic studies, as we found that changes at the local scale are not as noticeable as at the regional scale. Landscapes with pasture matrix provided resistance to gene flow on a regional scale for both adult and young individuals. The gene flow of *C. langsdorffii* occurred at random, that is, it does not have a predefined route of dispersion of seeds or pollens. The lost allelic richness in the young individuals is one point of the decline of the species dispersion so agriculture landscape maintenance the connectivity and small patches for providing a dispersion of seeds and pollens.

Keywords: Landscape resistance. Habitat amount. Landscape genetics. Landscape ecology. Small forest patches. Isolation by geographical distance.

6 INTRODUÇÃO

A perda de habitat transforma as paisagens naturais deixando-as descontínuas resultando em efeitos negativos para a biodiversidade, como por exemplo a extinção de espécies e a dominância de espécies exóticas (FAHRIG, 2003). Os efeitos decorrentes da perda de habitat são comprovados pelos trabalhos que investigam a abundância e a diversidade de espécies em função da modificação das paisagens, sem investigar a diversidade e a estrutura genética de espécies presentes nos habitats.

A genética da paisagem foca no preenchimento dessa importante lacuna aliando dados genéticos e da paisagem (MANEL et al., 2003). Ela tem sido aplicada em diferentes lugares (DILEO; WAGNER, 2016), por exemplo em áreas desérticas (FLORES-MANZANERO et al., 2018; SÁNCHEZ-RAMÍREZ et al., 2018), em áreas de clima temperado (BURKHART et al., 2017), em áreas de clima tropical (CARVALHO, et al., 2015; CASTILLA et al., 2016; SILVA et al., 2017), em áreas de altitude elevada (SHIRK et al., 2010), em ilhas (KHIMOUN et al., 2017) e em ambientes aquáticos (MATHER et al., 2018).

No entanto, a maioria dos estudos com genética da paisagem tem sido realizada com animais, e busca explicar como a paisagem interfere na diversidade e estrutura genética de suas populações (DILEO; HUSBY; SAASTAMOINEN, 2018; DILEO; WAGNER, 2016; FLORES-MANZANERO et al., 2018; KHIMOUN et al., 2017; LION; RICE; CLARK, 2018; RUIZ-LOPEZ et al., 2016; THATTE et al., 2018). As informações genéticas nos permitem identificar a conectividade funcional entre paisagens (LOWE, W. H.; ALLENDORF, 2010). A conectividade funcional está relacionada com a taxa de movimentação de indivíduos ou genes ao longo da paisagem (TISCHENDORF; FAHRIG, 2000) e com a atividade comportamental dos seres vivos entre as manchas (BÉLISLE, 2005). Com estes estudos é possível direcionar a aplicação

de medidas conservacionistas, como por exemplo, a criação de corredores ecológicos e de novos Pequenos Elementos da Paisagem - PEPs, que são pequenas manchas de vegetação como árvore isolada, cercas, valos e fragmentos menores que um hectare (Capítulo 1 da tese).

Algumas teorias estão sendo testadas utilizando a genética de paisagem, como por exemplo o modelo de isolamento genético por distância geográfica (SLATKIN, 1994) e o modelo de resistência da paisagem (PETERMAN, 2018). No Brasil, há apenas dois estudos que avaliam a resistência da paisagem, sendo um na Amazônia e o outro na Mata Atlântica (CARVALHO, et al., 2015; CARVALHO, et al., 2019).

Diante do exposto, nós investigamos um cenário realístico da Mata Atlântica, composto por PEPs inseridos em uma matriz de pastagem exótica. Este cenário foi formado ao longo de 150 anos (informações dos produtores rurais) de exploração da área onde o estudo foi conduzido. Nessa área, escolhemos como espécie alvo a *Copaifera langsdorffii* Desf. (Leguminosae, Caesalpinioideae). Tarazi et al. (2010), consideraram a *C. langsdorffii* como uma espécie guarda-chuva. Isto significa que conservando essa espécie, outras espécies que co-ocorrem com a *C. langsdorffii* também serão conservadas (ROBERGE; ANGELSTAM, 2004). Além disso, essa espécie é generalista, de ciclo de vida longo e amplamente distribuída em todos os domínios brasileiros (CARVALHO, 2005). A *C. langsdorffii* apresenta diferentes animais dispersores e polinizadores, é uma espécie de interesse econômico (madeira e óleo) (LORENZI, 1992; RABELLO; NUNES RAMOS; HASUI, 2010) e provê serviços ecossistêmicos, como por exemplo, sombra para o gado, quando encontra-se isolada em pastagem (SIQUEIRA et al., 2017). Há estudos de *C. langsdorffii* que investigaram a genética de populações e a sua reprodução (GONELA et al., 2013; MANOEL et al., 2012; MARTINS et al., 2008). Entretanto, o nosso estudo é o primeiro que utiliza dados genéticos de *C.*

langsdorffii, para investigar a resistência imposta pelo uso do solo em paisagens agropecuárias em escala espacial e biológica. Assim, traçamos as seguintes hipóteses:

1. A perda e a fragmentação de habitat diminuem a variabilidade genética de *C. langsdorffii*.
2. A área e a variedade de pequenos elementos da paisagem (PEPs) favorecem positivamente o fluxo gênico em paisagens agropecuárias.
3. Para os indivíduos regenerantes de *C. langsdorffii* a variabilidade genética é menor, quando comparados com indivíduos adultos;
4. Quanto maior a distância geográfica entre os indivíduos e entre as paisagens, maior é a diferenciação genética (*Isolation by Distance* -IBD (Slatkin, 1994));
5. A resistência para o fluxo gênico é dependente do tipo de uso do solo (*Isolation by Resistance* – IBR (Mcrae, 2006)).

Em síntese, nesse estudo, investigamos como as alterações antrópicas na paisagem interferem no fluxo gênico de *C. langsdorffii* sob duas escalas: biológica (regenerantes vs adultos) e espacial (abordagem de nó-local e abordagem de link-regional).

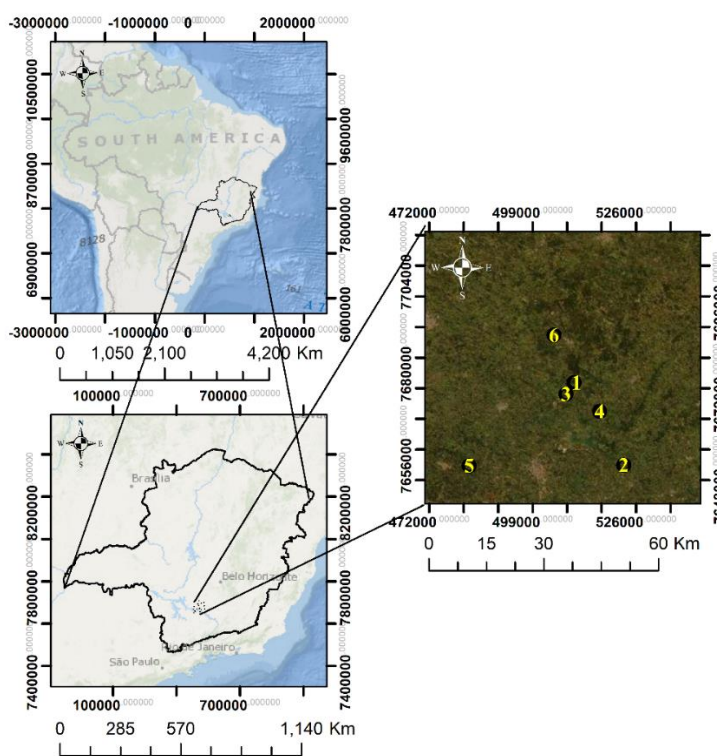
7 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

Nós conduzimos nosso estudo em Minas Gerais – Brasil (FIGURA 1) em uma área de 411.670 hectares. Esta área possuía um contínuo de florestas do

domínio da Mata Atlântica há cerca de 150 anos (informação fornecida pelos produtores rurais locais), que foi gradualmente substituído ao longo dos anos por, principalmente, pastagens de *Urochloa decumbens*, mas também culturas agrícolas anuais (milho e feijão), perenes (café), plantios de eucaliptos, pequenas áreas urbanas e um reservatório artificial de água para produção de energia elétrica. Atualmente encontramos 48.057 hectares (11%) de remanescentes florestais de diversas formas, tamanhos e arranjos na paisagem, sendo a maior parte da área de estudo ocupada por uma matriz dominada por pastagens (357.337 ha ou 87% da área total).

Figura 1- Área de estudo.



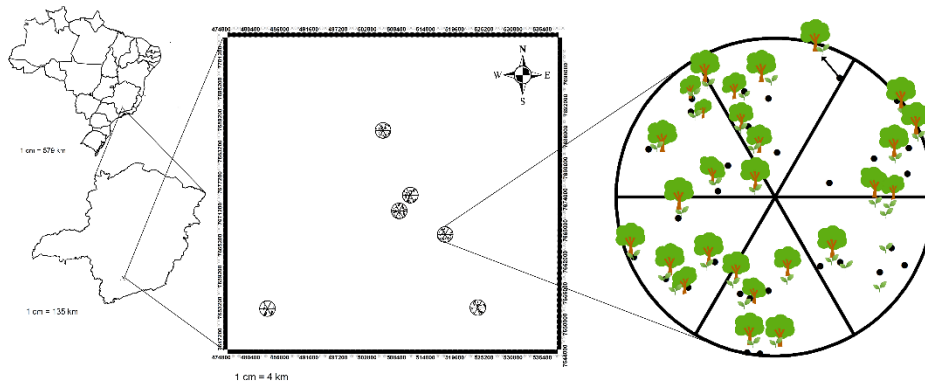
Legenda: Números de 1 a 6 representam as paisagens de 707 ha cada, onde coletamos amostras de *Copaifera langsdorffii* Desf. Sendo: 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

2.2 Desenho amostral

Por se tratar de uma região de ecótonos, foi necessário ajustar a posição do retângulo observando o limite entre o Cerrado e a Mata Atlântica, assim a área foi exclusivamente de Mata Atlântica. Em seguida, utilizamos a ferramenta *Random* do ArcMap para sortearmos seis pontos (FIGURA 1). A partir de cada ponto sorteado traçamos um *buffer* com raio de 1500 metros (707 ha). Nós escolhemos este raio de 1500 metros, pois os principais dispersores de *C. langsdorffi* são aves de porte médio a grande, como por exemplo, os tucanos que possuem distância de forrageamento de 760 m (HOLBROOK, 2011).

Nós subdividimos cada *buffer* em seis fatias (~118 ha), para não correr o risco de os pontos ficarem concentrados em um único local do *buffer* (FIGURA 2), em seguida sorteamos cinco pontos por fatia usando a ferramenta *Random* ou seja, 30 pontos por *buffer*, totalizando 180 (30×6 *buffers*). A distância mínima de 50 metros foi estabelecida entre pontos, pois essa é distância recomendada para evitar a coleta de indivíduos aparentados (LOWE, A.; HARRIS; ASHTON, 2009; LOWE; ALLENDORF, 2010). Com essa metodologia, as amostras coletadas ficaram espaçadas, evitando indivíduos aparentados e amostramos toda a área do *buffer*. Com todos os pontos pré-estabelecidos em laboratório, fomos à campo e procuramos o indivíduo mais próximo a este ponto, em seguida coletamos a coordenada UTM do indivíduo adulto e do regenerante (FIGURA 2).

Figura 2- Desenho amostral.



Legenda: Seis áreas são apresentadas em forma de círculos e com o *zoom* apresentamos as cinco fatias de 118 ha. Pontos pretos, são os pontos sorteados em laboratório para orientação de coleta, árvores em verde são a localização dos indivíduos adultos de *Copaifera langsdorffii* Desf., e regenerantes são a representação da localização dos indivíduos regenerantes *Copaifera langsdorffii* Desf. Fonte: Do autor (2020).

Assim foram coletados 30 indivíduos adultos e 30 regenerantes, sempre espaçados e distribuídos dentro de cada área, totalizando um tamanho amostral de 360 indivíduos na paisagem total. No entanto, após a manipulação dos indivíduos em laboratório, houve perda de três indivíduos adultos e 11 regenerantes, perfazendo assim 346 amostras. Essa perda foi proveniente do ataque de fungos as folhas coletadas.

Os indivíduos adultos coletados possuíam diâmetro à altura do peito maior que 6 cm ($\bar{x} = 43$ cm; SD = 32; menor = 6 cm; maior = 221 cm) e altura maior que 4 metros ($\bar{x} = 15$ metros; SD = 13; menor = 4 metros; maior = 35 metros), sendo possível assegurar que eles eram reprodutivos e que tivessem idade avançada. O critério de inclusão dos regenerantes foi que teriam altura menor que 100 cm ($\bar{x} = 26$ cm; SD = 14; menor = 5 cm; maior = 50 cm),

2.3 Espécie focal

O gênero *Copaifera* é amplamente distribuído nos trópicos, ocorrendo na África Ocidental e na América Latina (CARVALHO, P., 2005). Os indivíduos da espécie *C. langsdorffii* Desf. são semicaducifólios, longevos, com crescimento lento (LORENZI, 1998). A espécie floresce de dezembro a março (LORENZI, 1998) e suas flores são polinizadas por várias espécies de abelhas (FREITAS; OLIVEIRA, 2002). Os frutos se desenvolvem na estação seca (maio – agosto) e a maioria das sementes é dispersa por aves, mas há também dispersão por gravidade, formigas, primatas, pequenos mamíferos e/ou pela água (PEDRONI; SANCHEZ; SANTOS, 2002). O processo reprodutivo se inicia a partir de 20 anos de idade (TARAZI et al., 2010). A espécie sofre exploração devido ao grande interesse pela madeira e óleos essenciais e ao desmatamento para aumentar as áreas agrícolas.

Escolhemos essa espécie para o nosso estudo por ser abundante na área e por ser considerada uma espécie guarda-chuva (TARAZI et al., 2010), possibilitando a conservação de várias outras espécies, que estão relacionadas com sua história de vida. Além desses fatores, a *C. langsdorffii* já possui microssatélites desenvolvidos por Ciampi et al. (2000) o que viabilizou o tempo e o custo da pesquisa.

2.4 Análises genéticas

Para as análises genéticas, extraímos o DNA das folhas seguindo o método CTAB (*Cetyltrimethyl Ammonium Bromide*) (DOYLE, 1990). Nós coletamos as folhas dos indivíduos adultos obrigatoriamente na copa das árvores e para os regenerantes coletamos todas as folhas do indivíduo. Em seguida, o DNA de todos os indivíduos foi amplificado usando sete microssatélites

marcados com fluorescência (CL01-PET, CL02-VIC, CL06-FAM, CL20-FAM, CL27-PET, CL32-NED e CL34-VIC), seguindo-se a metodologia proposta por Ciampi et al. (2000). Nós visualizamos os amplicons em eletroforese capilar em sequenciador automático (ABI 3730 – *Life Technologies*) na Fundação FioCruz – Instituto Renné Rachou. Então, utilizamos o GeneScan 500-LIZ como padrão (*Applied Biosystems*) e GeneMarker® (*SoftGenetics* com *Trial Software Version*), para a obtenção dos genótipos.

Nós usamos o pacote *Adegenet* (JOMBART, 2008) no Software R (RCORE, 2013), para identificar os erros de genotipagem, a qualidade dos microssatélites e os alelos nulos. Em uma segunda etapa, nós fizemos as correções dos alelos nulos e testamos o desequilíbrio de ligação, a heterozigosidade esperada e o Equilíbrio de Hardy-Weinberg (NEI, 1978) utilizando o mesmo pacote

A riqueza alélica (AR) foi baseada em análise de rarefação (EL MOUSADIK; PETIT, 1996). A endogamia (F_{IS}) foi calculada pela análise de variância da frequência alélica (WEIR; COCKERHAM, 1984).

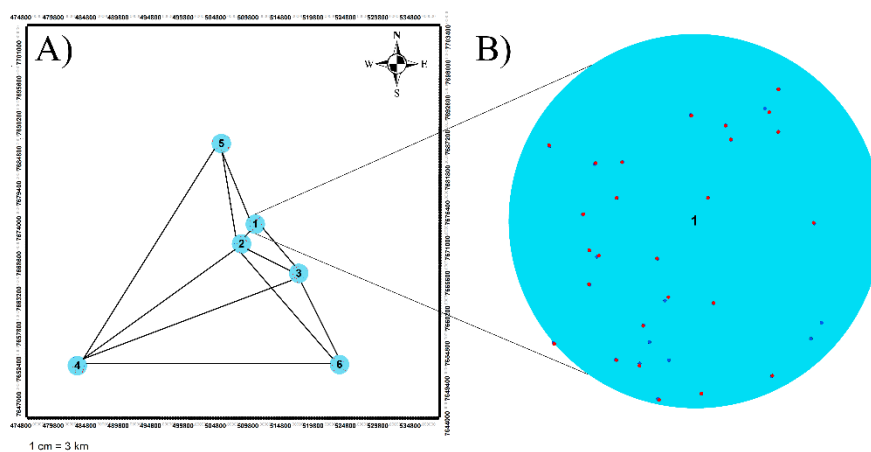
2.5 Análises genéticas das populações

Para calcularmos o número de alelos, o número de alelos privados, a riqueza alélica rarefeita, a endogamia (F_{IS}), a diferenciação (F_{ST}) e as distâncias genéticas (NEI, Euclidiana e GST primer) utilizamos o pacote *Adegenet* (JOMBART, 2008). Para a distância genética entre indivíduos escolhemos a distância euclidiana, pois ela é independente do tempo evolutivo das espécies e ela apresentou distribuição de dados semelhantes a distância de NEI (FIGURA 1, APÊNDICE C), não comprometendo os testes de hipóteses relacionados às distâncias genéticas. A distância de NEI não representa a realidade da área de estudo e da espécie aqui estudada (*C. langsdorffii*), onde a mudança da paisagem

ocorreu há 150 anos. A distância de NEI é mais adequada para aquelas populações que se separaram há mais tempo, onde podem ocorrer eventos microevolutivos como a deriva genética e a mutação (YOUNG; BOYLE; BROWN, 1996).

Nas análises genéticas nós utilizamos duas abordagens (nível de nó e nível de link). Para a abordagem a nível de nó (variabilidade genética entre indivíduos), nós estimamos os índices de diversidade genética riqueza alélica rarefeita (AR), heterozigosidade (H_e), número de alelos efetivos (N_e) e o coeficiente de endogamia (F_{IS}). Em nível de link (diferenciação genética entre paisagens) calculamos as métricas de diferenciação genética (F_{ST}) e de distância euclidiana genética (DeG) (FIGURA 3).

Figura 3 – Abordagem de nó e link.



Legenda: Abordagem de link (A) entre as seis paisagens em escala regional e a abordagem de nó (B) entre os indivíduos dentro de cada paisagem em escala local. Na figura A os traços representam as possíveis trocas genéticas de *Copaifera langsdorffii* entre paisagens. Em B os pontos vermelhos são os indivíduos adultos e azuis são os regenerantes. Sendo: 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Nós verificamos a estrutura genética dos indivíduos pela análise de discriminantes (DAPC - *Discriminant Analysis of Principal Components*). Para encontrar o número clusters genético (K) primeiramente usamos a PCA (*Principal Component Analysis*), em seguida aplicamos o critério BIC (*Bayesian Information Criterion*), e o menor BIC encontrado definiu o número de K, para o conjunto de dados de adultos e regenerantes (JOMBART, 2008).

2.6 Análises de isolamento

Para testarmos a hipótese de isolamento pela resistência e de isolamento pela distância geográfica, utilizamos o pacote *ResistanceGA* (PETERMAN, 2014) no software R. O pacote *ResistanceGA* utiliza o algoritmo genético (GA) descrito por (HOLLAND, 1992) para realizar a superfície de resistência. Aqui, nós utilizamos a superfície categórica para acessarmos as classes de uso do solo, mais resistentes ao fluxo gênico. O fluxo gênico foi calculado utilizando a teoria de transição da matriz pela superfície de resistência. Para calcularmos a transição da matriz (definido aqui como fluxo gênico) utilizamos o algoritmo de deslocamento aleatório na paisagem (*commute distance - random walk*).

No deslocamento aleatório na paisagem, a rota de caminhada é aleatória, como se fosse um bêbado caminhando (expressão conhecida como “*drunkard’s walk*”) (ETTEN, 2017). O deslocamento aleatório é o número de células da paisagem usada durante a caminhada aleatória, por exemplo, quantas células seriam necessárias para ir da célula i até a j e voltar na i novamente (CHANDRA et al., 1996), similar a um circuito elétrico CIRCUITSCAPE V4 (MCRAE; SHAH, 2009).

A análise de deslocamento aleatório foi baseado na teoria de grafos (FOUSS et al., 2007) calculada no *Gdistance*. Como resultado obtivemos três modelos: nulo, distância geográfica e uso do solo. Em seguida, nós usamos o

critério de AICc (*Akaike information criteria corrected for small sample size*) para escolher o melhor modelo para cada uma das análises, que foi determinado a partir do modelo *maximum-likelihood population effects* (MLPE). O pacote *ResistanceGA* está integrado com o pacote *Gdistance* (ETTEN, 2017).

2.7 Preparação dos dados para entrada no ResistanceGA

2.7.1 Distância genética

Para a abordagem nível de nó, utilizamos as duas matrizes de DeG (a primeira matriz constituída pelos indivíduos adultos – 177 pares de DeG e, a segunda matriz pelos regenerantes – 169 pares de DeG). Para a abordagem nível de *link*, utilizamos as duas matrizes de DeG (adultos e regenerantes, com seis pares de DeG entre paisagens), os seis valores de DeG foram calculados através do baricentro de cada paisagem.

2.7.2 Distância geográfica

A distância geográfica - DG foi calculada mediante as coordenadas UTM coletadas em campo de todos os indivíduos adultos e regenerantes. Para o nível de nó utilizamos as matrizes de DG dos 177 pares de adultos e 169 pares de regenerantes. Para montarmos a matriz de DG em nível de *link* extraímos o ponto central de cada paisagem e calculamos a distância entre eles, assim obtemos a matriz com seis pares de distância.

2.7.3 Descrição do mapeamento de uso do solo

Fizemos a classificação de uso solo das seis paisagens (707 ha cada) utilizando como base imagens do satélite *RapidEye* com resolução de 5×5 m. Assim obtivemos uma resolução fina com o máximo de detalhe da vegetação próxima aos indivíduos coletados.

Na paisagem total de 411.670 ha, nós subtraímos os 4.242 ha das seis paisagens (mapeados a partir de imagens *RapidEye* – resolução fina) e o restante (407.428 ha) utilizamos o mapa de classificação de uso do solo proveniente do banco de dados do projeto MapBiomias (V 3.0) (Mapbiomas, 2015), no qual a classificação é proveniente do satélite *Landsat* (30×30 m).

Em seguida, nós combinamos as duas classificações de uso do solo (manual feita pelos autores – ArcMap e a automática – MapBiomias), formando a paisagem total (área de estudo). Realizamos essa combinação de classificações, pois o pacote *ResistanceGA* possui limitações computacionais de processamento (PETERMAN, 2018), não sendo possível analisar a paisagem total (411.670 ha) com uma resolução fina igual a classificação proveniente do *RapidEye*. No entanto, optamos por manter a classificação *RapidEye* dentro das paisagens, pois houve uma perda de 40% de remanescentes florestais quando utilizamos somente a classificação do projeto MapBiomias, ou seja, perderíamos os pequenos elementos da paisagem e restariam somente os grandes fragmentos florestais.

Dentro das seis paisagens, separamos as florestas na categoria pequenos elementos da paisagem: árvores isoladas em pastagem; valos (são valas de ± 4 m de largura e de aproximadamente 1,5 metros de profundidade, criadas pelos escravos há 150 anos, com objetivo de estabelecer fronteiras agrícolas, que foram colonizadas por espécies arbóreas, formando linhas de árvores na paisagem (CASTRO; VAN DEN BERG, 2013); cercas (são cercas de arame que são colonizadas por árvores, essa estrutura também forma uma linha de árvores na paisagem, no entanto são mais estreitas (± 2 m) e a formação florestal é mais

recente do que nos valos); fragmentos florestais não lineares iguais ou menores que 1 ha; fragmentos florestais não lineares maiores que 1 ha e, matas ciliares. Para identificarmos as matas ciliares, fizemos o modelo de escoamento hídrico (ArcMap) e classificamos nessa categoria aquelas florestas que acompanhavam essa malha.

A acurácia de cada pequeno elemento (árvore, valo e cerca) foi verificada em campo. Quando encontramos nuvens sobre a paisagem verificamos no *GoogleEarth*, no campo e no *Imagery – ArcGis* a veracidade das categorias.

2.7.4 Testando Resistência da paisagem

Para a abordagem a nível de nó, nós utilizamos as matrizes de DeG e DG, citadas anteriormente, entre indivíduos por paisagem e o mapa de uso do solo por paisagem de 707 ha com resolução fina (manual feita pelos autores) perfazendo 12 modelos de resistência (seis paisagens com indivíduos adultos e seis paisagens com os regenerantes). Para a abordagem de nível de *link*, nós utilizamos as matrizes DeG e DG entre paisagens e o mapa de uso do solo da paisagem total de 411.670 ha perfazendo dois modelos de resistência (indivíduos adultos e regenerantes). Assim nós obtivemos 14 modelos de resistência da paisagem para *C. langsdorffii*.

2.8 Métricas da paisagem para a análise de nó

As métricas da paisagem foram calculadas pela extensão *V-late (Vector-based Landscape Analysis Tools v. 2.0)* no ArcMap. Escolhemos as métricas relacionadas aos pequenos elementos da paisagem - PEPs, sendo elas: diversidade de PEPs, quantidade de habitat e fragmentação do habitat

(utilizamos a métrica *DIVISION* ((JAEGER, 2000))). A diversidade de mancha foi calculada pelo índice de *Shannon's Diversity*. A quantidade de habitat foi calculada utilizando a fórmula:

$$Habitat = \frac{\text{Área de floresta} \times 100}{\text{Área total da paisagem}}$$

A métrica *DIVISION* foi calculada utilizando a seguinte fórmula:

$$D = 1 - \sum_{i=1}^n (A_i/At)^2$$

Onde n = número de manchas; A_i é tamanho das manchas; At é total da área.

Para verificarmos se as métricas da paisagem alteram negativamente a riqueza alélica (AR) e a endogamia (F_{IS}) realizamos dois modelos: $AR \sim \text{habitat} + \text{fragmentação} + \text{diversidade de manchas}$ e $F_{IS} \sim \text{habitat} + \text{fragmentação} + \text{diversidade de manchas}$. Nessa análise consideramos as seis paisagens como repetições, ou seja, grau de liberdade igual a 5, assim escolhemos os GLM (*Generalized Linear Models*). Antes de montar os GLMs testamos a normalidade dos dados genéticos pelo teste *Shapiro-Wilk*.

Para acessarmos o modelo mais parcimonioso utilizamos o critério AIC (*Akaike Information Criteria*). O AIC foi ranqueado pela função *step* do pacote MASS (VENABLES; RIPLEY, 2002) no R, assim não precisamos comparar o AIC de todos os modelos, essa função faz automaticamente o ranqueamento. Para calcular os GLM utilizamos o pacote *GLM2* (MARSCHNER; DONOGHOE; DONOGHOE, 2018).

8 RESULTADOS

3.2 Filtragem de dados genéticos

Os sete microssatélites usados para genotipagem de *C. langsdorffii* apresentaram baixa correlação entre si (FIGURA 1, APÊNDICE D), indicando a não sobreposição de informações genéticas, mostrando-se assim ideal para o estudo.

Quando analisamos os loci para todas as populações, verificamos que todos estão em Equilíbrio de Hardy-Weinberg ($p > 0,05$ no Teste de Monte Carlo) (TABELA 1, APÊNDICE D).

A heterozigosidade observada variou de (0,4 a 0,8 entre loci) e foi menor para o locus CL34 sendo de 0,4 nos indivíduos adultos e de 0,42 nos regenerantes (FIGURA 2, APÊNDICE D). Os dados encontrados estão de acordo com os encontrados para a *C. langsdorffii*, quando se utiliza microssatélites (CIAMPI et al., 2000; TARAZI, 2009; TARAZI et al., 2010) comprovando a robustez das análises estatísticas do nosso estudo.

3.1 Filtragem de dados da paisagem

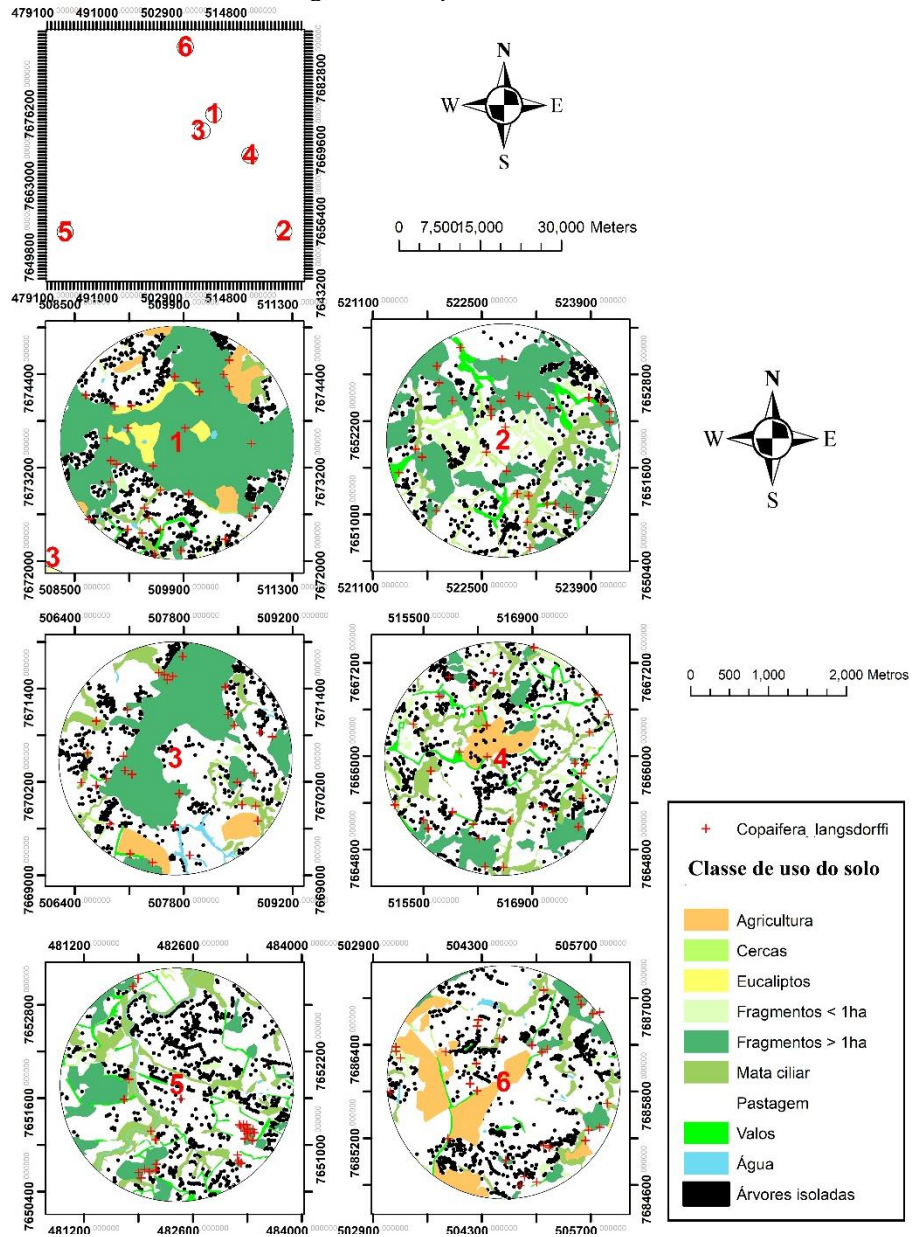
As classes de uso de uso encontradas na paisagem agropecuária foram: pastagem (87% da área), floresta (11% da área), cultura de café (0,12%), área urbana (0,6% da área), água (0,5% da área) e eucaliptos (0,05% da área). Dentro das seis paisagens, encontramos seis categorias de florestas, aqui denominados elementos da paisagem: árvores isoladas, valos, cercas, mata ciliares, fragmentos iguais ou menores que 1 ha e fragmentos maiores que 1ha. Encontramos a densidade média de 1 árvore isolada por hectare na matriz de pastagem em todas as paisagens. Os valos totalizaram 33.213 metros, as cercas 14.200 metros, as matas ciliares ocuparam 294 hectares. Os fragmentos florestais não lineares menores que um ha totalizaram 70,2 hectares e os maiores que um ha 953,9 hectares (TABELA 1 e FIGURA 4).

Tabela 1- Quantidade de pequenos elementos da paisagem (PEPs) para a paisagem agropecuária estudada, localizada na Mata Atlântica.

Paisagens*	1	2	3	4	5	6	Soma	Média	Desvio Padrão
Número de árvores isoladas	721	686	634	734	834	846	4.455	742,5	65
Densidade de árvore/ha	0,9	0,9	0,8	1,0	1,1	1,1			
Valos (m)	1.793	3.893	1.060	10.147	12.115	4.205	33.213	5.535,5	3.730,3
Valos (ha)	5,5	25,3	2,6	24,6	26,5	8,3	92,8	15,5	10,0
Cercas (m)	328	5.702	2.063	3.573	1.331	1.203	1.4200	2.366,7	1.513,8
Cercas (ha)	1,0	13,9	2,3	5,8	2,8	1,6	27,6	4,6	3,5
Mata Ciliar (ha)	17,2	41,0	44,5	74,1	82,7	34,5	294,0	49,0	19,5
Fragmentos <1ha (ha)	5,6	39,6	1,0	10,7	4,1	9,2	70,2	11,7	9,2
Fragmentos >1ha (ha)	356,1	202,9	216,7	65,8	77,0	35,5	953,9	159,0	99,5

*1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Figura 4 – Mapa de uso do solo.

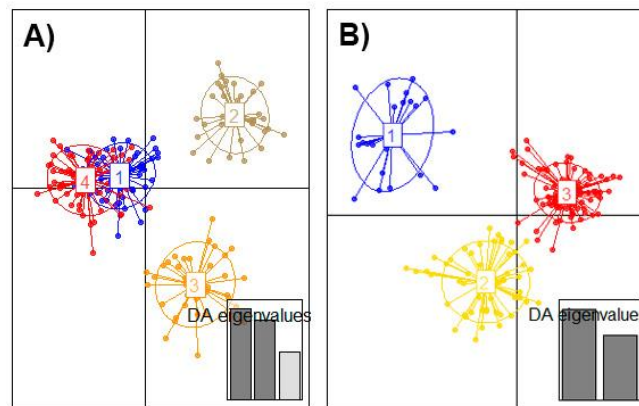


Legenda: Paisagens investigadas. Sendo: 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

3.3 Análises Genéticas

A análise de agrupamento DAPC detectou quatro clusters genéticos para os indivíduos adultos e três clusters para os regenerantes. Todos os grupos possuíram indivíduos que compartilham alelos em todas as áreas (FIGURA 5).

Figura 5 - Grupos genéticos.

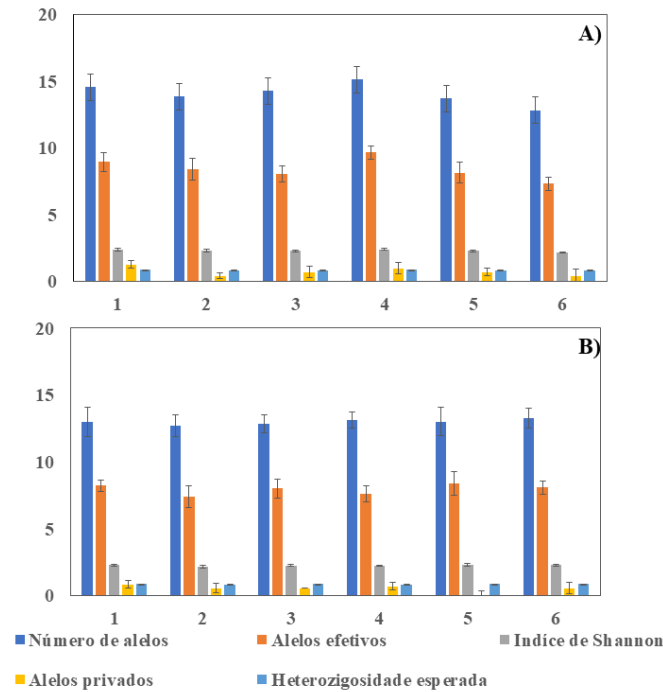


Legenda: DAPC - *Discriminant Analysis of Principal Components* com os respectivos grupos genéticos (K). A) indivíduos adultos e B) indivíduos regenerantes de *Copaifera langsdorffii*. Fonte: Do autor (2020).

3.4 Quantidade de habitat

Não encontramos diferenças estatísticas entre os índices de diversidade genética dos indivíduos adultos e regenerantes nas paisagens com diferentes quantidades de habitat (FIGURA 7).

Figura 7 – Métricas genética *versus* quantidade de habitat.



Legenda: Métricas genéticas representadas em barras. A) Indivíduos adultos de *Copaifera langsdorffii* B) Indivíduos regenerantes de *Copaifera langsdorffii*. Sendo: 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

3.5 Riqueza alélica, endogamia e configuração da paisagem

Para as populações de indivíduos adultos de *C. langsdorffii*, as métricas da paisagem não afetaram significativamente a riqueza alélica (AR) e endogamia (F_{IS}) (TABELA 2 e TABELA 3).

Para os indivíduos regenerantes, as variáveis que mais influenciaram a AR foram a divisão das manchas (fragmentação florestal) e a quantidade de habitat, ambas interferindo negativamente (TABELA 2). A endogamia (F_{IS}) encontrada nos regenerantes não foi influenciada pelas métricas da paisagem (TABELA 3).

Tabela 2 - Modelo Linear Generalizado (GLM) para riqueza alélica.

Indivíduos	Melhor modelo	GLM	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Adultos	AR ~habitat + fragmentação + diversidade de manchas AIC: 15,346; R ² : 0,33	(Intercept)	10,47364	2,11894	4,943	0,0386*
		Habitat	0,03014	0,03309	0,911	0,4585
		Fragmentação	-0,0277	0,02249	-1,232	0,3432
		Diversidade de manchas	2,0417	1,7023	1,199	0,3532
Regenerantes	AR ~habitat + fragmentação AIC: -0,851; R ² : 0,74	(Intercept)	11,9555	0,394061	30,339	0,000079 ***
		Habitat	-0,02496	0,006215	-4,016	0,0277 *
		Fragmentação	-0,01359	0,003274	-4,152	0,0254*

Nota: Ar = riqueza alélica; Habitat = quantidade de habitat por área; Fragmentação = divisão do habitat florestal remanescente e Diversidade de Shannon para manchas que são os pequenos elementos da paisagem sendo eles: árvores isoladas nas pastagens, valos, cercas, mata ciliar, fragmentos florestais menores que um ha, fragmentos florestais maiores que um ha. Signif. codes: 0 '***' 0,001 '**' 0,01 '*' 0,05 '.' 0,1 ' ' 1. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 3 - Modelo Linear Generalizado (GLM) para endogamia.

Indivíduos	Melhor modelo	GLM	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Adultos	F _{IS} ~1 AIC: -19,93; R ² : 0,04	(Intercept)	0,200851	0,187801	1,069	0,397
		Habitat	0,000678	0,0026	0,261	0,819
		Fragmentação	0,000404	0,003281	0,123	0,913
		Diversidade de manchas	0,001101	0,245215	0,004	0,997
Regenerantes	F _{IS} ~habitat + fragmentação + diversidade de manchas AIC: -25,35; R ² : 0,72	(Intercept)	0,062822	0,076226	0,824	0,4965
		Habitat	0,002914	0,001055	2,76	0,11
		Fragmentação	-0,00393	0,001332	-2,95	0,0982.
		Diversidade de manchas	0,26445	0,099529	2,657	0,1173

Nota: F_{IS} = endogamia; Habitat = quantidade de habitat por área; Fragmentação = divisão do habitat florestal remanescente e Diversidade de Shannon para manchas que são os pequenos elementos da paisagem sendo eles: árvores isoladas nas pastagens, valos, cercas, mata ciliar, fragmentos florestais menores que 1 ha, fragmentos florestais maiores que 1 ha. Signif. codes: 0 ‘***’ 0,001 ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05 ‘.’ 0,1 ‘ ’ 1. Fonte: Do autor (2020).

3.6 Nível de nó

3.6.1 Diferenciação genética entre indivíduos adultos e regenerantes

Os valores da heterozigosidade esperada (H_e) e do número efetivo de alelos (N_e) não apresentaram diferenças estatísticas entre os indivíduos adultos e regenerantes de *C. langsdorffi* (TABELA 4). Entretanto, os adultos apresentaram maior AR e menor endogamia que os regenerantes ($p < 0,05$) (TABELA 4Tabela 4).

Tabela 4 - Abordagem de nó escala local entre indivíduos de *C. langsdorffi*.

Abordagem	Variabilidade genética	Adultos	SE Adultos	Regenerantes	SE Regenerantes
Nível de Nó	He	0,875	0,005	0,868	0,004
	AR*	11,627	0,253	10,231	0,133
	Ne	8,44	0,331	7,961	0,159
	F _{IS} *	0,016	0,001	0,02	0,001

Nota: H_e = heterozigosidade esperada, AR = riqueza alélica, N_e = número efetivo de alelos, F_{IS} = taxa de endogamia. SE = desvio padrão. *Indica diferenças estatísticas entre os indivíduos adultos e regenerantes ($p < 0,05$ pelo Teste X²). Fonte: Do autor (2020).

3.6.2 Resistência da paisagem

No deslocamento aleatório, o modelo de distância geográfica foi o mais adequado para as áreas com menor quantidade de habitat (12%, 24%, 24%) e para as outras (51% , 42% e 35%) o modelo nulo foi mais parcimonioso nos indivíduos adultos (TABELA 5). Já para os regenerantes, o deslocamento aleatório independe do tipo de uso do solo e da distância geográfica em todas as áreas estudadas (TABELA 6).

Tabela 5 - Modelos de resistência da paisagem com deslocamento aleatório em nível de nó para adultos (continua).

	Paisagens	Superfície	obj.func_LL	k	AIC	AICc	R2m	R2c	LL
Adultos - deslocamento aleatório	1	Nulo	95,62	1	-185,23	-189,09	0	0,30	95,62
		Distância geográfica	95,84	2	-183,68	-187,23	0,001105	0,30	95,84
		Uso do solo	96,25	6	-184,51	-176,86	0,012594	0,30	96,25
	2	Nulo	102,10	1	-198,20	-202,05	0	0,27	102,10
		Distância geográfica	102,21	2	-196,41	-199,95	0,000601	0,28	102,21
		Uso do solo	102,38	4	-196,75	-195,09	0,002831	0,27	102,38
	3	Nulo	93,08	1	-180,16	-184,01	0	0,37	93,08
		Distância geográfica	93,09	2	-178,17	-181,73	3,15E-05	0,37	93,09
		Uso do solo	94,64	5	-181,29	-176,79	0,048701	0,37	94,64
	4	Distância geográfica	126,20	2	-244,408**	-247,96	0,013232	0,38	126,20
		Nulo	124,13	1	-242,27	-246,12	0	0,37	124,13
		Uso do solo	124,60	5	-241,20	-236,70	0,015034	0,39	124,60

Nota: Modelo de resistência (*Maximum-likelihood population effects* (MLPE)) com deslocamento aleatório, para indivíduos adultos de *Copaiifera langsdorffi* em escala local (abordagem de nó). Onde obj.func_LL= Likelihood; K = número de parâmetros no modelo; AIC = Critério de informação de Akaike; AICc = Critério de informação de Akaike corrigido; R²m = R² marginal; R²c = R² condicional; LL = Taxa de Likelihood (probabilidade). ** ΔAIC maior que dois. Sendo: 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat e 4 = 24% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 5 - Modelos de resistência da paisagem com deslocamento aleatório em nível de nó para adultos (conclusão).

	Paisagens	Superfície	obj.func_LL	k	AIC	AICc	R2m	R2c	LL
Adultos - deslocamento aleatório	5	Distância geográfica	79,93	2	-151,86**	-155,38	0,012722	0,39	79,93
		Nulo	77,67	1	-149,33	-153,18	0	0,38	77,67
		Uso do solo	79,70	6	-151,41	-143,41	0,031866	0,41	79,70
	6	Distância geográfica	75,51	2	-143,013**	-146,57	0,009422	0,42	75,51
		Nulo	73,13	1	-140,26	-144,12	0	0,42	73,13
		Uso do solo	76,13	5	-144,27	-139,77	0,143119	0,45	76,13

Nota: Modelo de resistência (*Maximum-likelihood population effects* (MLPE)) com deslocamento aleatório, para indivíduos adultos de *Copaifera langsdorffi* em escala local (abordagem de nó). Onde obj.func_LL = Likelihood; K = número de parâmetros no modelo; AIC = Critério de informação de Akaike; AICc = Critério de informação de Akaike corrigido; R²m = R² marginal; R²c = R² condicional; LL = Taxa de Likelihood (probabilidade). ** ΔAIC maior que dois. Sendo: 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 6 - Modelos de resistência da paisagem com deslocamento aleatório em nível de nó para regenerantes (continua).

	Paisagens	Superfície	obj.func_LL	k	AIC	AICc	R2m	R2c	LL
Regenerantes - deslocamento aleatório	1	Nulo	58,37	1	-110,73	-114,57	0	0,42	58,37
		Distância geográfica	59,05	2	-110,10	-113,58	0,003555	0,42	59,05
		Uso do solo	59,88	6	-111,76	-103,34	0,018186	0,44	59,88
	2	Nulo	3,62	1	-1,24	-5,09	0	0,31	3,62
		Distância geográfica	4,33	2	-0,66	-4,18	0,004038	0,31	4,33
		Uso do solo	3,85	4	0,31	2,04	0,001888	0,31	3,85
	3	Nulo	93,01	1	-180,01	-183,87	0	0,43	93,01
		Distância geográfica	93,25	2	-178,51	-182,07	0,000816	0,43	93,25
		Uso do solo	94,72	5	-181,45	-176,95	0,027475	0,43	94,72
	4	Nulo	74,69	1	-143,39	-147,25	0	0,36	74,69
		Distância geográfica	74,94	2	-141,88	-145,43	0,001583	0,36	74,94
		Uso do solo	75,43	5	-142,86	-138,36	0,033485	0,37	75,43

Nota: Modelo de resistência (*Maximum-likelihood population effects* (MLPE)) com deslocamento aleatório, para indivíduos regenerantes de *Copaifera langsdorffi* em escala local (abordagem de nó). Onde obj.func_LL = Likelihood; K = número de parâmetros no modelo; AIC = Critério de informação de Akaike; AICc = Critério de informação de Akaike corrigido; R²m = R² marginal; R²c = R² condicional; LL = Taxa de Likelihood (probabilidade). Sendo: 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat e 4 = 24% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 6 - Modelos de resistência da paisagem com deslocamento aleatório em nível de nó para regenerantes (conclusão).

	Paisagens	Superfície	obj.func_LL	k	AIC	AICc	R2m	R2c	LL
Regenerantes - deslocamento aleatório		Nulo	102,03	1	-198,06	-201,88	0	0,42	102,03
	5	Distância geográfica	102,82	2	-197,64	-201,09	0,004883	0,42	102,82
		Uso do solo	102,50	6	-197,00	-188,34	0,017728	0,43	102,50
	6	Nulo	108,07	1	-210,13	-213,99	0	0,40	108,07
		Distância geográfica	108,07	2	-208,13	-211,69	6,72E-06	0,40	108,07
		Uso do solo	108,56	5	-209,11	-204,61	0,022936	0,40	108,56

Nota: Modelo de resistência (*Maximum-likelihood population effects* (MLPE)) com deslocamento aleatório, para indivíduos regenerantes de *Copaifera langsdorffii* em escala local (abordagem de nó). Onde obj.func_LL = Likelihood; K = número de parâmetros no modelo; AIC = Critério de informação de Akaike; AICc = Critério de informação de Akaike corrigido; R²m = R² marginal; R²c = R² condicional; LL = Taxa de Likelihood (probabilidade). Sendo: 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

3.6 Nível de link

3.7.1 Diferenciação genética entre indivíduos adultos e regenerantes

A diferenciação genética (F_{ST}) foi maior para os indivíduos adultos do que para os regenerantes, já GsT primer e distância euclidiana (DEG) foram menores para os adultos comparados com os regenerantes ($p < 0,05$) (TABELA 7).

Tabela 7 – Abordagem de link entre indivíduos de *Copaifera langsdorffi*.

Abordagem	Variabilidade genética	Adultos	SE Adultos	Regenerantes	SE Regenerantes
Link	F_{ST}^*	0,250	0,015	0,235	0,016
	Gst primer*	0,085	0,012	0,121	0,014
	DeG*	0,619	0,014	0,700	0,020

Nota: F_{ST} = índice de estruturação genética, Gstprimer = distância genética e DeG = Distância Euclidiana Genética, SE = desvio padrão.*Indica diferenças estatísticas entre os indivíduos adultos e regenerantes ($p < 0,05$ pelo Teste X^2). Fonte: Do autor (2020).

3.7.2 Resistência da paisagem

O fluxo gênico de *C. langsdorffi* ocorreu de forma aleatória na paisagem total (TABELA 8).

Tabela 8 – Modelos de resistência da paisagem com deslocamento aleatório em escala regional.

Indiví- duos	Superfície	obj,func _LL	k	AIC	AICc	R2m	R2c	LL
Adultos	Uso do solo	25,48	7,00	-42,97	-92,97	0,26	0,26	25,48
	Nulo	23,58	1,00	-41,15	-44,15	0,00	0,17	23,58
	Distância geográfica	24,02	2,00	-40,04	-40,04	0,09	0,25	24,02
Regenerantes	Uso do solo	18,10	7,00	-28,20	-78,20	0,09	0,09	18,10
	Nulo	17,46	1,00	-28,91	-31,91	0,00	0,00	17,46
	Distância geográfica	17,95	2,00	-27,90	-27,90	0,07	0,07	17,95

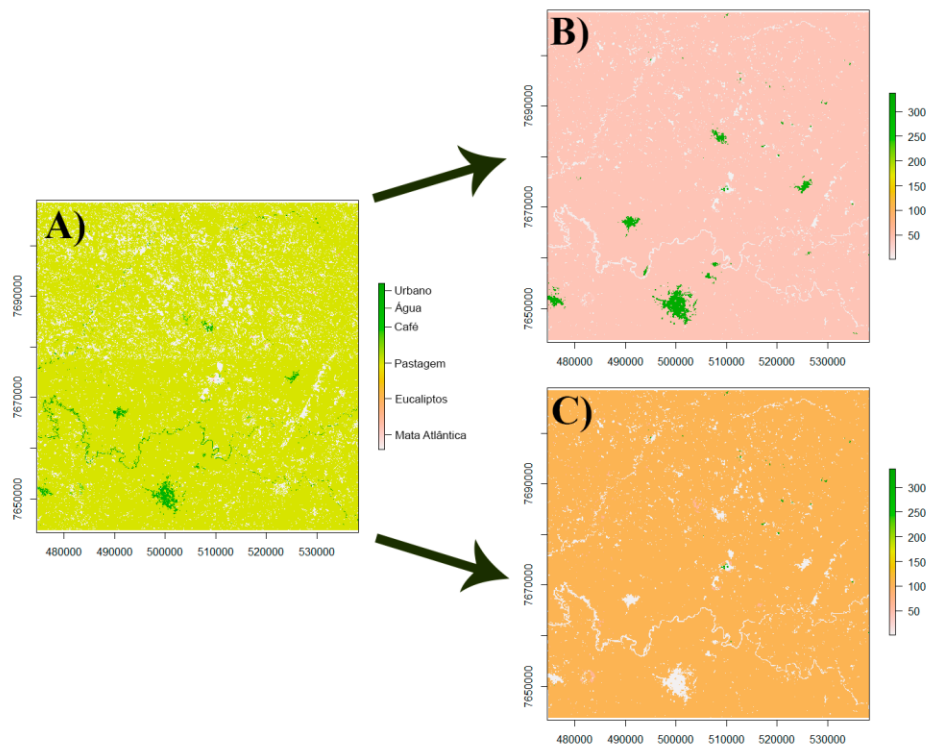
Nota: Modelo de resistência (*Maximum-likelihood population effects* (MLPE)) com deslocamento aleatório, para indivíduos adultos e regenerantes de *Copaifera langsdorffi* em escala regional (abordagem de link). Sendo: obj.func_LL = Likelihood; K = número de parâmetros no modelo; AIC = Critério de informação de Akaike; AICc = Critério de informação de Akaike corrigido; R²m = R² marginal; R²c = R² condicional; LL = Taxa de Likelihood (probabilidade). Fonte: Do autor (2020).

No nosso estudo, as áreas com florestas apresentaram menor resistência para o fluxo gênico de indivíduos adultos e de regenerantes (valor de resistência = 1 tempo) quando comparadas com as outras classes de uso do solo (FIGURA 9). Quando ocorre a simulação de deslocamento aleatório na paisagem, os plantios de eucalipto são a classe de uso do solo mais resistente para o fluxo gênico, independentemente de ser indivíduo adulto (valor de resistência = 337,39 tempo) ou indivíduo regenerante (valor de resistência = 460,50 tempo) (FIGURA 8 e TABELA 9).

Conseguimos visualizar que as pastagens forneceram maior resistência para os indivíduos regenerantes do que para os adultos (167,64 e 42,10, respectivamente). No entanto, a maior discrepância de valores de resistência foi encontrada na classe urbana. Para os adultos, a classe urbana apresentou valor de resistência = 4,40 tempo e para os regenerantes foi de 80,98 tempo (FIGURA 8

e TABELA 9). Para as classes café, água e florestas, os valores de resistência não diferiram estatisticamente entre os adultos e os regenerantes.

Figura 8 - Resistência da paisagem para deslocamento aleatório.



Legenda: Paisagem otimizada de acordo com valores de resistência gerando uma superfície contínua, baseada no deslocamento aleatório. A) Paisagem mapeada usada para gerar os modelos de resistência. B) Indivíduos adultos e C) indivíduos regenerantes de *Copaifera langsdorffii*. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 9- Modelos de resistência da paisagem regional.

Deslocamento	Aleatório		
	Indivíduos	Adultos	Regenerantes
obj,func_LL	25,48	18,10	
k	7	7	
AIC	-42,97	-28,20	
AICc	-92,97	-78,20	
R ² m	0,26	0,09	
R ² c	0,26	0,09	
LL	25,48	18,10	
Floresta	1	1	
Eucalipto	337,39	460,51	
Pastagem	42,11	167,65	
Café	36,36	97,32	
Água	325,74	194,12	
Urbano	4,41	80,98	

Nota: Modelo de resistência (*Maximum-likelihood population effects* (MLPE)) com deslocamento aleatório, para indivíduos adultos e regenerantes de *Copaifera langsdorffii* na abordagem de nível de link). Sendo: obj.func_LL = Likelihood; K = número de parâmetros no modelo; AIC = Critério de informação de Akaike corrigido; AICc = Critério de informação de Akaike corrigido; R²m = R² marginal; R²c = R² condicional. Fonte: Do autor (2020).

9 DISCUSSÃO

O presente estudo de genética da paisagem mostrou que a quantidade de habitat não é determinante para o fluxo gênico da espécie *Copaifera langsdorffii*. Ao analisarmos diferentes paisagens com diferentes porcentagens de habitat (12%, 24%, 24%, 35%, 42% e 51%), não encontramos aumento ou redução nos índices de diversidade e de estrutura genética, de indivíduos adultos ou regenerantes. Já as hipóteses relacionadas a escala biológica dos indivíduos (regenerantes e adultos), à escala da paisagem (local e regional) e/ou a

resistência da paisagem forneceram explicações do movimento de alelos na paisagem. Os indivíduos regenerantes responderam mais expressivamente às métricas atuais da paisagem que os indivíduos adultos. A distância geografia alterou a diversidade genética em escala regional para os regenerantes e foi pouco expressiva para a escala local, tanto para os indivíduos adultos quanto para os regenerantes.

Possivelmente a quantidade de habitat não é determinante para o fluxo gênico de *C. langsdorffii* devido a certas particularidades da espécie. Sendo generalista, ela possui uma grande diversidade de dispersores de sementes e de polinizadores (RABELLO; NUNES; HASUI, 2010), o que facilita o fluxo gênico dessa espécie. *C. langsdorffii* possui semente de ~12 mm de diâmetro, o que favorece a sua dispersão. Espécies com semente de 12 e 16 mm, também presentes na Mata Atlântica, são dispersas facilmente por aves de grande porte como, por exemplo, a *Penelope* sp. e tucanos, ambas as aves são generalistas em dieta e habitat, e essa facilidade de dispersão assegura tanto a diversidade genética das plantas quanto das aves (EMER et al., 2019). Em nossos trabalhos de campo observamos que a *Penelope* sp. também dispersa sementes de *C. langsdorffii* e no capítulo 2 da tese, comprovamos como essas paisagens são permeáveis aos tucanos. Ambas as aves são muito abundantes na região estudada.

O manejo de paisagens agrícolas é realizado por seres humanos, este manejo determina a quantidade de habitat, a fragmentação, a presença de pequenos ou grandes fragmentos, a modificação na matriz com plantio de gramíneas, a manutenção de árvores isoladas, os plantios de restauração, realizam paisagismo, dentre outras atividades (AAVIK et al., 2013). O conjunto de todo esse manejo poderá contribuir negativamente ou positivamente para o fluxo gênico (ARREDONDO; MARCHINI; CRUZAN, 2018). O manejo da paisagem realizado na área de estudo parece contribuir positivamente para o

fluxo gênico de *C. langsdorffii*. Por exemplo, na Paisagem 3 (35% de habitat), há uma linha de árvores centenárias de *C. langsdorffii* plantadas pelos antepassados do proprietário, para serem usadas como medicamentos (extração do óleo) e como elas ficaram exuberantes na propriedade, o proprietário atual manteve a tradição produzindo mudas com sementes de outras áreas (informações do produtor rural), contribuindo assim indiretamente para que a diversidade genética dessa área seja mantida.

O número de alelos, alelos efetivos, Índice de Shannon, alelos privados, heterozigosidade esperada e distância de NEI de indivíduos adultos e de regenerantes foram similares estatisticamente. Normalmente, esses índices de diversidade genética são alterados quando há eventos de separação de tempo evolucionário longo, como por exemplo, a fragmentação resultante da glaciação e para espécies mais raras e especialistas (SCHLAEPFER et al., 2018). Adicionalmente, a resposta dos efeitos advindos da fragmentação de habitat é perceptível somente quando se investiga muitas gerações após a ocorrência da fragmentação (EWERS; DIDHAM, 2006).

No entanto, quando nós investigamos os indivíduos regenerantes de *C. langsdorffii*, que é uma espécie generalista e de vida longa, utilizando índices de diversidade genética que respondem mais rapidamente a mudanças ambientais (Riqueza alélica - AR, Endogamia - F_{IS} , Índice de estruturação genética - F_{ST} , G_{st} primer, distância euclidiana e número de K clusters genéticos) observamos que os mesmos parecem estar se alterando negativamente em relação aos indivíduos adultos. Essa alteração negativa é devida ao menor número de alelos privados encontrado nos regenerantes. Estes efeitos negativos poderão se acentuar com o passar das gerações (YOUNG; CLARKE; COWLISHAW, 2000), caso não ocorra o plantio de novos indivíduos ou a condução da regeneração natural.

A fragmentação florestal foi a única métrica da paisagem que influenciou negativamente a F_{IS} dos indivíduos regenerantes, onde ocorreu um maior número de homozigotos. A fragmentação apesar de recente, quando consideramos o tempo evolucionário, isola os indivíduos e aqueles mais próximos compartilham alelos mais semelhantes entre si (YOUNG; CLARKE; COWLISHAW, 2000), isso ocorre em plantas hermafroditas (FREITAS; OLIVEIRA, 2002), como é o caso da *C. langsdorffii*. Segundo (ALDRICH; HAMRICK, 1998; DICK et al., 2008), as plantas hermafroditas apresentam altas taxas de cruzamentos entre parentes o que resulta em um aumento da endogamia, principalmente quando os parceiros sexuais não aparentados encontram-se mais distantes ou isolados, como é comum em ambientes fragmentados.

Para os indivíduos adultos de *C. langsdorffii*, a fragmentação, a distância geográfica e a diversidade de PEPs da paisagem atual não alteraram a variabilidade e diferenciação genética. Como a espécie é longeva, os indivíduos adultos estão estabelecidos na região de estudo antes da perda e da alteração significativa do habitat. Os indivíduos adultos habitam o local há muitos anos, e isso pôde ser comprovado pelo diâmetro à altura do peito dos indivíduos amostrados, que variou de 40 a 390 cm. Para indivíduos de *C. langsdorffii* com 40 cm ou mais de diâmetro na altura do peito estima-se uma idade de 260 anos (CHAGAS et al., 2001). Logo, esse tempo é maior que o tempo de desmatamento da região (± 150 anos).

Além do recente histórico de fragmentação, a distância geográfica linear é relativamente pequena entre as áreas, variando de 4 km a 41 km (em linha reta), assim os indivíduos adultos de *C. langsdorffii* compartilham a mesma história evolutiva. Resultados similares foram encontrados para a espécie *Euterpe edulis* presente na Mata Atlântica (CARVALHO, et al., 2015).

Para os regenerantes, notou-se que a distância geográfica está afetando o fluxo gênico em escala regional (maiores distâncias), proporcionando efeitos deletérios para estes regenerantes, o que poderá comprometer as gerações seguintes quando esses indivíduos se tornarem adultos e reprodutivos. O tempo que o dispersor de uma determinada espécie gasta para dispersar as sementes ou polén é dependente da distância geográfica.

O fluxo gênico de *C. langsdorffi* acontece de forma aleatória e é alterado pelo tipo de uso do solo, em escala regional. Nós sabemos que eucaliptos são recentes na paisagem e são implantados mais rapidamente que as outras classes de uso de solo. Isso é um fator importante e que traz um alerta para os conservacionistas, pois a substituição de florestas nativas por plantios florestais com espécies exóticas (eucaliptos) conferiu maior resistência ao fluxo gênico tanto para os indivíduos adultos (337,39 tempo) quanto para os regenerantes (460,51 tempo). Nos mapas de resistência da paisagem visualizamos que a água seguida pela pastagem forneceu maior resistência (194,12 e 167,65 tempo, respectivamente) para os indivíduos regenerantes, o que poderá agravar na dispersão de alelos, quando estes estiverem em fase reprodutiva. A substituição de uso solo quando ocorre de forma rápida confere maior resistência para o fluxo gênico e é de forma imediata (YADAV; STOW; DUDANIEC, 2019), como exemplo os plantios de eucaliptos e a criação de reservatórios artificiais de água para geração de energia hidroelétrica.

Embora cada classe de uso do solo tenha a sua particularidade e valor de resistência para o fluxo gênico, a classe floresta apresentou valores de resistência igual a 1 tempo, para os indivíduos adultos e regenerantes. Os dados aqui encontrados mostraram a importância de se manter os remanescentes florestais, mesmo com pequena quantidade de habitat, como é o caso dos pequenos elementos da paisagem como árvores isoladas, valos, cercas, mata ciliares e pequenos fragmentos florestais, pois eles ajudam os animais na dispersão de

sementes e de pólen, concordando com outros estudos (BAUDRY; BUNCE; BUREL, 2000; CASTRO; van den BERG, 2013; ROCHA; PASSAMANI; YANKOUS, 2014; HADDAD et al., 2015).

Hanson et al. (2019) e Khimoun et al. (2017) relataram que as características da paisagem como a resistência, o modo de deslocamento e a escala de estudo são mais essenciais para identificar as áreas consideradas alvos de conservação (*target conservation priorities*) do que pensar somente em quantidade de habitat. Nosso trabalho torna-se uma importante ferramenta de conservação pois demonstrou que paisagens agropecuárias também devem ser incluídas em projetos de proteção ambiental por apresentarem pequenos elementos da paisagem – PEPs e eles são capazes de manter o fluxo gênico.

10 REFERÊNCIAS

- AAVIK, T. et al. Patterns of contemporary gene flow suggest low functional connectivity of grasslands in a fragmented agricultural landscape. **Journal of Applied Ecology**, 50, n. 2, p. 395-403, 2013.
- ALDRICH, P. R.; HAMRICK, J. L. Reproductive dominance of pasture trees in a fragmented tropical forest mosaic. **Science**, 281, n. 5373, p. 103-105, 1998.
- ARREDONDO, T. M.; MARCHINI, G. L.; CRUZAN, M. B. Evidence for human-mediated range expansion and gene flow in an invasive grass. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, 285, n. 1882, p. 20181125, 2018.
- BAUDRY, J.; BUNCE, R.; BUREL, F. Hedgerows: an international perspective on their origin, function and management. **Journal of environmental management**, 60, n. 1, p. 7-22, 2000
- BURKHART, J. J. et al. The influence of breeding phenology on the genetic structure of four pond-breeding salamanders. **Ecology and evolution**, 7, n. 13, p. 4670-4681, 2017.
- CARVALHO, C. et al. Contemporary and historic factors influence differently genetic differentiation and diversity in a tropical palm. **Heredity**, 115, n. 3, p. 216, 2015.
- CARVALHO, C. d. S. et al. Habitat loss does not always entail negative genetic consequences. **BioRxiv**, p. 528430, 2019.
- CARVALHO, P. Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira. Brasília: EMBRAPA, CNPF. Colombo, 1994. 640p. 2005.
- CASTILLA, A. R. et al. Elevation, not deforestation, promotes genetic differentiation in a pioneer tropical tree. **PloS one**, 11, n. 6, p. e0156694, 2016.
- CASTRO, G. C.; VAN DEN BERG, E. Structure and conservation value of high-diversity hedgerows in southeastern Brazil. **Biodiversity and Conservation**, 22, n. 9, p. 2041-2056, 2013.

CHAGAS, R. et al. Tree population dynamics in a fragment of tropical montane semideciduous forest in Lavras, Minas Gerais, Brazil. **Revista Arvore (Brazil)**, 2001.

CHANDRA, A. K. et al. The electrical resistance of a graph captures its commute and cover times. **Computational Complexity**, 6, n. 4, p. 312-340, 1996.

CIAMPI, A.; BRONDANI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Desenvolvimento de marcadores microssatélites para *Copaifera langsdorffii* Desf.(copaíba) Leguminosae–Caesalpinoideae e otimização de sistemas fluorescentes de genotipagem multiloco. **Boletim de Pesquisa da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, 16, p. 1-40, 2000.

DICK, C. W. et al. Spatial scales of pollen and seed-mediated gene flow in tropical rain forest trees. **Tropical Plant Biology**, 1, n. 1, p. 20-33, 2008.

DILEO, M. F.; HUSBY, A.; SAASTAMOINEN, M. Landscape permeability and individual variation in a dispersal-linked gene jointly determine genetic structure in the Glanville fritillary butterfly. **Evolution letters**, 2, n. 6, p. 544-556, 2018.

DILEO, M. F.; WAGNER, H. H. A landscape ecologist's agenda for landscape genetics. **Current Landscape Ecology Reports**, 1, n. 3, p. 115-126, 2016.

DOYLE, J. J. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.

EL MOUSADIK, A.; PETIT, R. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. **Theoretical and applied genetics**, 92, n. 7, p. 832-839, 1996.

EMER, C. et al. Defaunation precipitates the extinction of evolutionarily distinct interactions in the Anthropocene. **Science advances**, 5, n. 6, p. eaav6699, 2019.

ETTEN, J. v. R package gdistance: distances and routes on geographical grids. 2017.

EWERS, R. M.; DIDHAM, R. K. Confounding factors in the detection of species responses to habitat fragmentation. **Biological reviews**, 81, n. 1, p. 117-142, 2006.

FAHRIG, L. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. **Annual review of ecology, evolution, and systematics**, 34, n. 1, p. 487-515, 2003.

FLORES-MANZANERO, A. et al. Functional connectivity and home range inferred at a microgeographic landscape genetics scale in a desert-dwelling rodent. **Ecology and evolution**, 2018.

FOUSS, F. et al. Random-Walk Computation of Similarities between Nodes of a Graph with Application to Collaborative Recommendation. **IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering**, 19, n. 3, p. 355-369, 2007.

FREITAS, C. V.; OLIVEIRA, P. E. Biologia reprodutiva de *Copaifera langsdorffii* Desf.(leguminosae, Caesalpinioideae). **Brazilian Journal of Botany**, 25, n. 3, p. 311-321, 2002.

GONELA, A. et al. Genetic diversity and mating system of *Copaifera langsdorffii* (Leguminosae/Caesalpinioideae). **Genetics and Molecular Research**, 12, n. 1, p. 569-580, 2013.

HADDAD, N. M. et al. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science advances**, 1, n. 2, p. e1500052, 2015.

HANSON, J. O.; FULLER, R. A.; RHODES, J. R. Conventional methods for enhancing connectivity in conservation planning do not always maintain gene flow. **Journal of Applied Ecology**, 56, n. 4, p. 913-922, 2019.

HOLBROOK, K. M. Home range and movement patterns of toucans: implications for seed dispersal. **Biotropica**, 43, n. 3, p. 357-364, 2011.

HOLLAND, J. H. Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence: ed. : MIT press, 1992. p.

JAEGER, J. A. Landscape division, splitting index, and effective mesh size: new measures of landscape fragmentation. **Landscape ecology**, 15, n. 2, p. 115-130, 2000.

JOMBART, T. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. **Bioinformatics**, 24, n. 11, p. 1403-1405, 2008.

KHIMOUN, A. et al. Landscape genetic analyses reveal fine-scale effects of forest fragmentation in an insular tropical bird. **Molecular ecology**, 26, n. 19, p. 4906-4919, 2017.

LION, K. A.; RICE, S. E.; CLARK, R. W. Genetic patterns in fragmented habitats: a case study for two *Peromyscus* species in southern California. **Journal of Mammalogy**, 99, n. 4, p. 923-935, 2018.

LORENZI, H. Árvores brasileiras manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas do Brasil: ed. : , 1998. p.

_____. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. **Nova Odessa: Editora Plantarum 352p.-col. illus. Por Geog**, 4, 1992.

LOWE, A.; HARRIS, S.; ASHTON, P. Ecological genetics: design, analysis, and application: ed. : John Wiley & Sons, 2009. p.

LOWE, W. H.; ALLENDORF, F. W. What can genetics tell us about population connectivity? **Molecular ecology**, 19, n. 15, p. 3038-3051, 2010.

MANEL, S. et al. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. **Trends in ecology & evolution**, 18, n. 4, p. 189-197, 2003.

MANOEL, R. O. et al. Contemporary pollen flow, mating patterns and effective population size inferred from paternity analysis in a small fragmented population of the Neotropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf.(Leguminosae-Caesalpinioideae). **Conservation Genetics**, 13, n. 3, p. 613-623, 2012.

MAPBIOMAS. Disponível em: <http://plataforma.mapbiomas.org/stats>. Acessado em 05 Fev. 2020.

MARSCHNER, I.; DONOGHOE, M. W.; DONOGHOE, M. M. W. Package 'glm2'. **Journal**, Vol, 3, n. 2, p. 12-15, 2018.

MARTINS, K. et al. Estrutura genética populacional de *Copaifera langsdorffii* Desf.(Leguminosae-Caesalpinioideae) em fragmentos florestais no Pontal do Paranapanema, SP, Brasil. **Brazilian Journal of Botany**, 31, n. 1, p. 61-69, 2008.

MATHER, A. T. et al. Comparative phylogeography of two co-distributed but ecologically distinct rainbowfishes of far-northern Australia. **Journal of Biogeography**, 45, n. 1, p. 127-141, 2018.

MCRAE, B. H.; SHAH, V. B. Circuitscape user's guide. **The University of California, Santa Barbara**, 2009.

NEI, M.. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, 89, n. 3, p. 583-590, 1978.

PEDRONI, F.; SANCHEZ, M.; SANTOS, F. A. Fenologia da copaíba (Copaifera langsdorffii Desf.–Leguminosae, Caesalpinioideae) em uma floresta semidecídua no sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, 25, n. 2, p. 183-194, 2002.

PETERMAN, W. E. ResistanceGA: An R package for the optimization of resistance surfaces using genetic algorithms. **Methods in Ecology and Evolution**, 9, n. 6, p. 1638-1647, 2018.

PETERMAN, W. E. ResistanceGA: An R package for the optimization of resistance surfaces using genetic algorithms. **BioRxiv**, p. 007575, 2014.

RABELLO, A.; NUNES RAMOS, F.; HASUI, É. Efeito do tamanho do fragmento na dispersão de sementes de Copaiba (Copaifera langsdorffii Delf.). **Biota Neotropica**, 10, n. 1, 2010.

RCORE, T. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. **Online: <http://www.R-project.org>**, 2013.

ROBERGE, J. M.; ANGELSTAM, P. Usefulness of the umbrella species concept as a conservation tool. **Conservation Biology**, 18, n. 1, p. 76-85, 2004.

ROCHA, M. F.; PASSAMANI, M.; YANKOUS GONÇALVES FIALHO, M. Can vegetation corridors provide habitat in fragmented landscapes? A case-study in the Brazilian Atlantic Domain. **Studies on Neotropical Fauna and Environment**, 49, n. 3, p. 180-184, 2014.

RUIZ-LOPEZ, M. et al. A novel landscape genetic approach demonstrates the effects of human disturbance on the Udzungwa red colobus monkey (Procolobus gordonorum). **Heredity**, 116, n. 2, p. 167, 2016.

SÁNCHEZ-RAMÍREZ, S. et al. Landscape limits gene flow and drives population structure in Agassiz's desert tortoise (*Gopherus agassizii*). **Scientific reports**, 8, n. 1, p. 11231, 2018.

SCHLAEPFER, D. R. et al. Genetic effects of anthropogenic habitat fragmentation on remnant animal and plant populations: a meta-analysis. **Ecosphere**, 9, n. 10, 2018.

SHIRK, A. et al. Inferring landscape effects on gene flow: a new model selection framework. **Molecular ecology**, 19, n. 17, p. 3603-3619, 2010.

SILVA, M. A. M. et al. Traits and functional strategies as predictors of demographic variations over a chronosequence. **Brazilian Journal of Botany**, 40, n. 3, p. 761-770, 2017.

SIQUEIRA, F. F. et al. How scattered trees matter for biodiversity conservation in active pastures. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 250, p. 12-19, 2017.

SLATKIN, M. Gene flow and population structure. **Ecological genetics**, p. 3-17, 1994.

TARAZI, R. et al. Mendelian inheritance, linkage and linkage disequilibrium in microsatellite loci of *Copaifera langsdorffii* Desf. **Conservation Genetics Resources**, 2, n. 1, p. 201-204, 2010.

TARAZI, R. **Diversidade genética, estrutura genética espacial, sistema de reprodução e fluxo gênico em uma população de *Copaifera langsdorffii* Desf. no cerrado.** -, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz 2009.

THATTE, P. et al. Maintaining tiger connectivity and minimizing extinction into the next century: Insights from landscape genetics and spatially-explicit simulations. **Biological Conservation**, 218, p. 181-191, 2018.

VENABLES, W. N.; RIPLEY, B. D. **Modern applied statistics with S-PLUS.** Springer Science & Business Media, 2013.

WARD, M. S. et al. Only ten percent of the global terrestrial protected area network is connected via intact land. **BioRxiv**, 2020.

WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, 38, n. 6, p. 1358-1370, 1984.

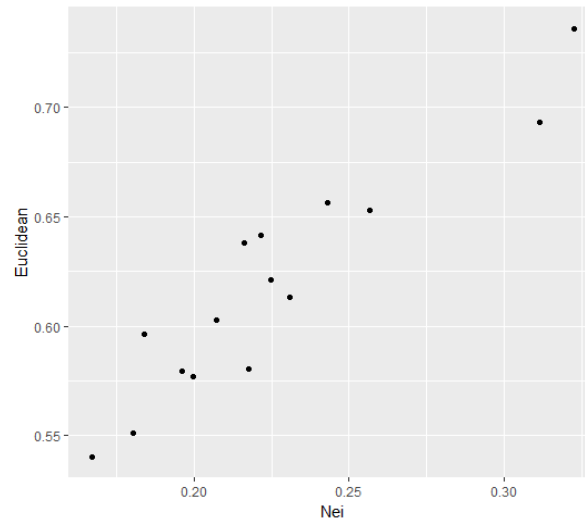
YADAV, S.; STOW, A. J.; DUDANIEC, R. Y. Detection of environmental and morphological adaptation despite high landscape genetic connectivity in a pest grasshopper (*Phaulacridium vittatum*). **Molecular ecology**, 28, p. 3395-3412, 2019.

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in ecology & evolution**, 11, n. 10, p. 413-418, 1996.

YOUNG, A. G.; CLARKE, G. M.; COWLISHAW, G. Genetics, demography and viability of fragmented populations: ed. : Cambridge University Press, 2000, v.4. p.

APÊNDICE C – Complemento do material e métodos

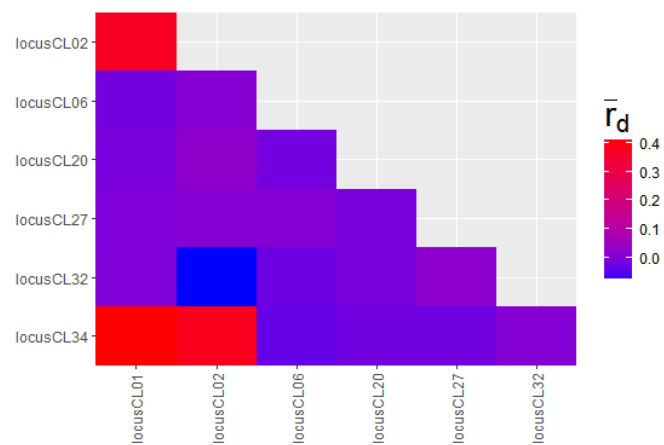
Figura 1 – Distâncias genéticas.



Legenda: Correlação das distâncias genéticas de Nei versus euclidiana, para dados de *C. langsdorffii*. Fonte: Do autor (2020).

APÊNDICE D – COMPLEMENTO DOS RESULTADOS

Figura 1 – Microssatélites



Legenda: Teste da qualidade dos microssatélites CL01, CL02, CL06, CL20, CL27, CL32 e CL34, para a espécie *C. langsdorffii*. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 1 - Equilíbrio de Hardy-Weinberg por locu por população para indivíduos adultos.

	1	2	3	4	5	6
locusCL01	0,175	0,007	0,002	0,06	0	0,231
locusCL02	0	0	0,013	0,684	0,309	0
locusCL06	0,023	0,152	0,178	0,103	0,002	0,238
locusCL20	0	0,009	0,156	0	0,184	0,004
locusCL27	0,002	0	0,002	0,005	0	0,082
locusCL32	0	0,053	0,081	0,013	0,005	0,017
locusCL34	0,001	0,001	0,001	0	0	0

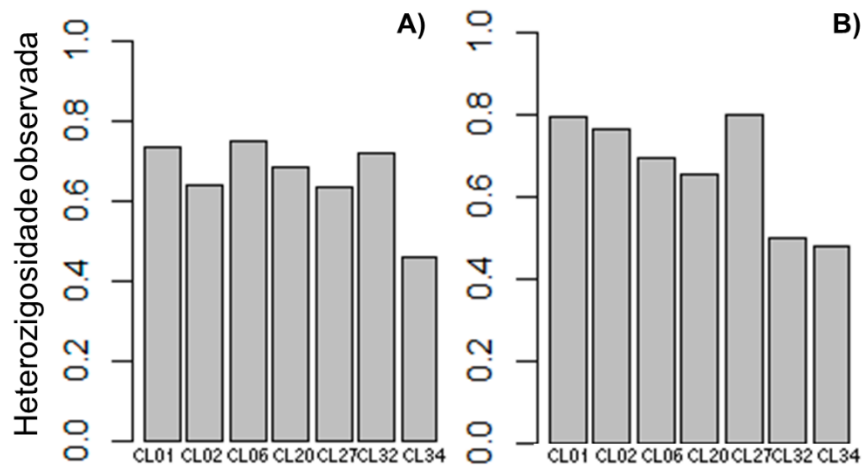
Nota: $p > 0,05$ no Teste de Monte Carlo. 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Tabela 2 - Equilíbrio de Hardy-Weinberg por locu por população para indivíduos regenerantes.

	1	2	3	4	5	6
locusCL01	0,043	0,064	0,012	0,617	0,117	0
locusCL02	0,426	0,004	0,001	0	0,014	0
locusCL06	0,025	0,052	0,017	0,41	0,115	0,07
locusCL20	0,002	0,575	0	0,002	0,454	0,079
locusCL27	0,47	0	0	0,007	0,008	0,044
locusCL32	0	0	0,014	0	0,061	0,06
locusCL34	0	0	0	0	0	0

Nota: $p > 0,05$ no Teste de Monte Carlo. 1 = 51% de habitat; 2 = 42% de habitat; 3 = 35% de habitat; 4 = 24% de habitat; 5 = 24% de habitat e 6 = 12% de habitat. Fonte: Do autor (2020).

Figura 2 – Heterozigosidade observada.



Legenda: Heterozigosidade observada para adultos (A) e para regenerantes (B), onde o eixo X são os locus CL01, CL02, CL06, CL20, CL27, CL32 e CL34, para a espécie *C. langsdorffii*. Fonte: Do autor (2020).

11 CONCLUSÕES GERAIS DA TESE

A região da Mata Atlântica Mineira estudada está altamente fragmentada e possui uma matriz extensa de pastagens exóticas.

Os fragmentos remanescentes de Mata Atlântica (aqui denominadas PEPs – pequenos elementos da paisagem) são de diversas formas, possuem pequenas áreas e possuem um histórico de formação particular para cada um.

Os PEPs promovem acentuadamente a conectividade funcional em paisagens dominadas por atividades agropecuárias e a posição deles na paisagem é fundamental para isso.

A quantidade de habitat não é determinante para o fluxo gênico da espécie estudada.

Os indivíduos regenerantes responderam mais expressivamente às métricas atuais da paisagem que os indivíduos adultos, indicando uma possível perda de diversidade genética com a fragmentação.

12 CONSIDERAÇÕES FINAIS E IMPLICAÇÕES

Os PEPs devem ser considerados em projetos de conectividade entre áreas protegidas, pois são capazes de fornecer conectividade entre fragmentos maiores, fornece abrigo para animais, bem como favorecer a nucleação de novas espécies de plantas.

No Brasil 29% do seu território são de áreas protegidas, no entanto apenas metade dessas áreas estão conectadas por terra intactas (WARD et al., 2020). Os PEPs em propriedades agropecuárias podem ser uma importante estratégia para aumentar essa conectividade, necessitando para isso serem protegidos e manejados adequadamente.

Assim, nós apontamos que é essencial a criação de leis que incentivam a criação, manutenção e proteção dos PEPs, com isso a conectividade funcional será mantida ou inflada na região estudada e favorecerá a manutenção do fluxo

de organismo e fluxo gênico de plantas e animais entre os fragmentos remanescentes.

13 PROXIMOS PASSOS

Em projetos investigando a diversidade e conectividade das paisagens fragmentadas, incluir sempre os PEPs e não apenas a quantidade de habitat.

Proposição mediante o poder público de projetos de lei para conservação dos PEPs em escala municipal e estadual.

Incentivar áreas particulares a conservar os PEPs através de programas de educação ambiental e incentivos fiscais e financeiros.

Investir em novos projetos de pesquisas sobre os PEPs. No nosso núcleo de pesquisa na Universidade Federal de Lavras, já está sendo investigado o interesse dos produtores rurais em manter e criar novos PEPs; estão investigando o quanto os PEPs auxiliam no estoque de carbono e está sendo feita a categorização desses PEPs de acordo com sua origem de formação e as funções ecológicas desempenhada por eles.