UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

O ISOLAMENTO POR DISTÂNCIA LEVARÁ A UMA DESCONEXÃO FUNCIONAL? UMA META- ANÁLISE

JARDYELLE CARVALHO LIMA

ILHÉUS – BAHIA – BRASIL
AGOSTO DE 2023

JARDYELLE CARVALHO LIMA

ISOLAMENTO POR DISTÂNCIA LEVARÁ A UMA DESCONEXÃO FUNCIONAL? UMA META- ANÁLISE

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Santa Cruz, como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Genética e Biologia Molecular.

Área de Concentração: Genética e Biologia Molecular

Orientadora: Profa. Dra. Fernanda Amato Gaiotto

ILHÉUS – BAHIA – BRASIL
AGOSTO DE 2023

JARDYELLE CARVALHO LIMA

ISOLAMENTO POR DISTÂNCIA LEVARÁ A UMA DESCONEXÃO FUNCIONAL? UMA META- ANÁLISE

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Santa Cruz, como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Genética e Biologia Molecular.

Área de Concentração: Genética e Biologia Molecular

APROVADA: 28 de agosto de 2023

Prof. Dr. Rafael Marani Barbosa
(UESC)

Prof. Dr. Leandro Lopes Loguercio
(UESC)

Dr. Carlos Bernard Moreno Cerqueira Silva
(UESB)

Prof. Drª Fernanda Amato Gaiotto
(UESC - Orientadora)

L732 Lima, Jardyelle Carvalho.
O isolamento por distância levará a uma desconexão funcional? uma meta-análise / Jardyelle Carvalho Lima. –Ilhéus, BA: UESC, 2023.
63f.: il.; anexos.

Orientadora: Fernanda Amato Gaiotto
Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual de Santa Cruz. Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular – PPGGBM
Inclui referências.

1. Paisagens fragmentadas. 2. Conectividade de paisagens. 3. Fluxo gênico. 4. Revisão sistemática. I. Título.

CDD 577.27

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por toda força e me auxiliado a chegar até aqui.

À minha família pelo carinho, compreensão e apoio em minhas decisões, sou grata por ter vocês em minha vida. Em especial, a minha mãe Ana Jardes e minha irmã Ranyelle.

Ao meu namorado e amigo João Lucas pelo carinho, pela paciência e por estar sempre me incentivando e acreditando em mim;

À Profª. Drª Fernanda Gaiotto pela orientação, dedicação, suporte, pelos conhecimentos compartilhados e confiança em mim;

À Universidade Estadual de Santa Cruz e ao programa de pós-graduação de Genética e Biologia Molecular pela oportunidade do mestrado;

À CNPq pela concessão da bolsa de mestrado;

À Suzano pela parceria e suporte financeiro a pesquisa;

Ao pessoal do grupo da Genética da Conservação em especial a Cibele, Anderson, Drielle e Victor pela amizade e pelos conhecimentos compartilhados;

A todos que contribuíram, seja de forma direta ou indireta, muito obrigada!

EPÍGRAFE

O sucesso nasce do querer da terminação e persistência em que se chega a um objetivo. Mesmo não atingindo o alvo, quem buscar e vende obstáculos, no mínimo fará coisas admiráveis.

José de Alencar

ÍNDICE

1. INTRODUÇÃO **14**
2. REFERENCIAL TEÓRICO **17**
3. MATERIAIS E MÉTODOS **23**
3.1 Revisão Sistemática 23
3.1.1 Identificação 23
3.1.2 Seleção 24
3.1.3 Elegibilidade 24
3.1.4 Inclusão 24
3.1.5 Exclusão 24
3.2 Coleta de dados 24
3.3 Análise de Dados 25
3.4 Meta-análise 26
4. RESULTADOS **28**
5. DISCUSSÃO **37**
6. CONCLUSÃO **44**
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÂFICAS **45**
8. ANEXO 1 ..... **49**
9. ANEXO 2 ..... **62**

EXTRATO

LIMA, Jardyelle Carvalho., Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Agosto de 2023. **Isolamento por distância levará a uma desconexão funcional? Uma meta- análise**. Orientadora: Drª Fernanda Amato Gaiotto.

A fragmentação florestal e a perda de habitat são as principais ameaças à conservação de paisagens porque leva ao isolamento estrutural. Esses processos resultam na desconexão entre paisagens e na diminuição do fluxo gênico entre os habitats naturais, o que levaria teoricamente a uma desconexão funcional. O fluxo gênico é uma força micro evolutiva fundamental que pode determinar o potencial de diferenciação genética entre populações.

A conectividade estrutural é influenciada pela configuração, dimensão e posição das estruturas na paisagem. Por outro lado, a conectividade funcional descreve as respostas dos indivíduos a tais estruturas (abrangendo comportamentos de dispersão, custos postergados e riscos de mortalidade), bem como os padrões das taxas de dispersão resultantes dessas respostas. A análise dessas conectividades é importante para compreender como os ecossistemas funcionam e como as populações de espécies interagem em paisagens fragmentadas.

Nesse contexto, é crucial compreender como esse isolamento por distância pode afetar a conectividade funcional. O objetivo desta revisão foi reunir informações e avaliar criticamente os artigos que abordam a conectividade funcional e o isolamento por distância. Buscamos compreender se a ruptura da conexão de habitas na paisagem afeta negativamente a funcionalidade das populações, reduzindo a dispersão e o fluxo gênico entre os fragmentos florestais. Para isso, utilizamos métodos descritos na literatura, como o PRISMA, para identificação, seleção, elegibilidade e inclusão dos artigos relevantes.

Além disso, realizamos uma análise Bibliometria descritiva para obter informações relevantes sobre as publicações selecionadas. E para sintetizar e analisar os resultados dos estudos selecionados foi realizado uma meta-análise, utilizamos duas variáveis extraídas dos estudos, como (i) o Número de migrantes e (ii) a distribuição geográfica de cada população avaliada nos artigos. Os resultados da meta-análise englobaram 499 estimativas de tamanho de efeito, juntamente com seus níveis de significância estatística, avaliados através de uma

regressão linear simples. Demonstramos, nesta revisão que em ambientes nos quais as populações não estão conectadas, não existe fluxo gênico. Isso implica que, quando as populações se tornam isoladas, a migração de alelos tende a reduzir-se. Esse achado indica que a fragmentação tem efeitos negativos sobre o fluxo gênico. Isso pode levar ao aumento dos efeitos da deriva genética, aumento da endogamia e a diminuição da diversidade genética dentro das populações. Uma abordagem para combater o isolamento das populações presentes em paisagens florestais fragmentadas é a implementação de corredores que promovam a conexão funcional entre eles. Esses corredores contribuem para locomoção dos indivíduos, aumentando o fluxo gênico entre as populações e evitando seu isolamento.

Palavras-chave: Fragmentação; conectividade, fluxo gênico; revisão.

ABSTRAT

LIMA, Jardyelle Carvalho., State University of Santa Cruz, Ilhéus, August 2023. **Will isolation due to distance lead to functional disconnection? A meta-analysis.** Advisor: Dr. Fernanda Amato Gaiotto.

Forest fragmentation and loss of habitat are the main threats to landscape conservation because it leads to structural isolation. These processes result in a disconnection between landscapes and a decrease in gene flow between natural habitats, or which would theoretically lead to a functional disconnection. Gene flow is a fundamental microevolutionary force that can determine the potential for genetic differentiation between populations.

The structural connectivity is influenced by the configuration, dimension and position of the structures in the landscape. On the other hand, functional connectivity decreases the responses of two individuals to these structures (abranging dispersal behaviors, delayed costs and mortality risks), as well as the standards of the dispersal rates resulting from these responses. The analysis of these connectivities is important to understand how ecosystems function as populations of species interact in fragmented landscapes.

In this context, it is crucial to understand how this disconnection due to distance can affect functional connectivity. The objective of this work was to gather information and critically evaluate the articles that address the functional and structural connectivity of the landscape. We seek to understand whether the break in the connection due to the distance of habitats in the landscape negatively affects the functionality of the populations, reducing the dispersal and gene flow between the forest fragments. For isso, we use methods described in the literature, such as PRISMA, for identification, selection, eligibility and inclusion of two relevant items.

Furthermore, we carried out a descriptive bibliometric analysis to obtain relevant information on the selected publications. And to synthesize and analyze the results of the two selected studies, a meta-analysis was carried out, we used two variables extracted from the two studies, such as (i) the number of migrants and (ii) the geographical distribution of each population evaluated in the articles. The results of the meta-analysis encompassed 499 estimates of effect size, together with their levels of statistical significance obtained by a simple linear regression. We demonstrate, in this work, that in environments where the populations are not

connected, the rate of gene flow tends to decrease as the distance between them increases. This implies that, when the populations become isolated, the migration of alleles tends to be reduced. This flattening indicates that fragmentation has negative effects on gene flow. This can lead to an increase in genetic drift, an increase in inbreeding, and a decrease in genetic diversity among plant and animal populations. One approach to combat the isolation of populations present in fragmented forest landscapes is the implementation of corridors that promote functional connection between them. These corridors contribute to the locomotion of two individuals, increasing the gene flow between the populations and avoiding their isolation.

Key words: Fragmentation; connectivity, gene flow; revision

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Fluxo da informação com as diferentes fases da revisão sistemática.....23

Figura 2 – Gráficos de regressão linear de diferentes categorias dos Quantis teóricos afim de representar a normalidade dos resíduos. Os títulos dos gráficos que contém "com conexão" referem-se a grupos de artigos que tem conectividade entre as populações estudadas e "sem conexão" são aqueles que tem isolamento por distância. O eixo x (horizontal) representa os quantis teóricos da distribuição normal padrão. O eixo y (vertical) representa os resíduos padronizados indicando a diferença entre os valores observados e os valores previstos, normalizados pelo desvio padrão dos resíduos.....34

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Tabela descritiva dos 18 artigos selecionado, com diferentes categorias.....25

Tabela 2. Resultados da regressão linear para cada categoria relevante, * Artigos que utilizaram Plantas e vertebrados como modelo biológico e possuía conexão entre os fragmentos. ** Grupo de artigos que utilizaram Plantas e vertebrados como modelo biológico e não tinha uma conexão entre os fragmentos. O modelo Ho representa a hipótese nula e H_1 a hipótese alternativa. R é o coeficiente de correlação, R^2 é o coeficiente de determinação. Já o Adjusted R^2 é o coeficiente de determinação ajustado, RMSE é erro quadrático médio e o Durbin-Watson é uma estatística que determina a autocorrelação, fornece a estatística e o valor de p associado. 31

Tabela 3. Síntese dos 18 artigos identificados.....38

INTRODUÇÃO

A fragmentação ambiental resulta na separação dos habitats, podendo ocorrer devido a eventos naturais ou antrópicas (TABARELLI; CARDOSO DA SILVA; GASCON, 2004).Essa perda da integridade das florestas representa uma das maiores ameaças à biodiversidade (BROOKS; MITTERMEIER; MITTERMEIER; DA FONSECA *et al.*, 2002) e consequentemente altera processos ecológicos e genéticos de populações(KAGEYAMA; GANDARA; SOUZA, 1998). Nesse contexto, é fundamental ressaltar que estudos que buscam compreender e explorar o processo de reconexão de paisagens são essenciais para o planejamento de ações voltadas à restauração e conservação.

A conectividade é o que contribui para movimentação dos indivíduos entre os locais, podendo existir dois tipos de conectividade, a estrutural que analisa a continuidade física do habitat, e a funcional, que mede o comportamento das espécies, avaliando a dispersão e o fluxo gênico(NAIA; BRITO, 2020). A redução da conectividade, ao restringir a dispersão dos organismos, pode acarretar consequências negativas para as populações, uma vez que diminui o fluxo genético entre elas. Esse cenário pode resultar em endocruzamento e perda de diversidade genética, como já foi constatado em ambientes fragmentados (GIBBS, 2001).

Essa conectividade da paisagem desempenha um papel fundamental na conservação da biodiversidade, mas sua eficácia pode variar entre diferentes grupos biológicos. A capacidade de movimento dos organismos através do ambiente depende das características específicas das espécies, como sua eficiência de dispersão e exigências de habitat. Enquanto alguns organismos podem facilmente se deslocar entre áreas fragmentadas, já outras espécies podem encontrar dificuldades devido á fragmentação do habitat e a falta de conexão entre as áreas.

O fluxo gênico é um processo fundamental da evolução baseado na dispersão de genes entre populações de uma espécie, envolvendo não apenas a dispersão, mas a imigração de genes em uma nova população(WOODRUFF, 2001). E essa transferência de material genético, muda à distribuição da diversidade genética entre as populações, modificando as frequências dos alelos (BURCZYK; DIFAZIO; ADAMS, 2004). A migração é um recurso extremamente importante e útil para o manejo da diversidade genética, pois pode acrescentar alelos ameaçados e, consequentemente, ajudar a readquirir ou mesmo aumentar a diversidade genética (FRANKHAM; BRISCOE; BALLOU, 2002) e essa migração de alelos pode ser usado para desacelerar ou finalizar diferenciação , amenizar a endogamia e potencialmente crescer o ganho genético de longo prazo (LI; CLEMENTS; SHAN; MEMMOTT, 2021).

Uma paisagem fragmentada impede a dispersão, migração e fluxo gênico de uma espécie e isso leva a perda da conectividade funcional, e ao longo do tempo, levar ao isolamento, diferenciação e divergência genética da população(MANEL; SCHWARTZ; LUIKART; TABERLET, 2003). Com isso é viável a utilização de parâmetros genéticos, como por exemplo o uso de marcadores moleculares que é muito eficiente para definir o tamanho efetivo populacional, analise de parentesco e estrutura genética, onde tem sido muito utilizado em estudos de genética de populações (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1996).

Revisões sistemáticas e meta-análise são reconhecidas como ferramentas úteis para combinar evidências científicas de estudos independentes, capazes de influenciar em decisões de manejo e conservação ambiental (KORICHEVA; KULINSKAYA, 2019; O'DEA; LAGISZ; JENNIONS; KORICHEVA *et al.*, 2021). As revisões sistemáticas podem ser consideradas como métodos para identificar, classificar e descrever um corpo de evidências de um determinado tópico, possibilitando, inclusive, a identificação de lacunas na construção do conhecimento, bem como nas estratégias para facilitar disseminação e ampliação da pesquisa

sobre o tema, como observado em estudos bibliométricos (HADDAWAY; FEIERMAN; GRAINGER; GRAY *et al.*, 2019).

Já a meta-análise, combina tamanhos de efeito de estudos primários em um modelo estatístico para resumir as descobertas através desses estudos (MICHAEL BORENSTEIN, 2009; O'DEA; LAGISZ; JENNIONS; KORICHEVA *et al.*, 2021; VETTER; RÜCKER; STORCH, 2013). As medidas de tamanho de efeito são uma ferramenta importante usada na realização de meta-análises porque fornecem um método padronizado para comparar resultados em diferentes estudos (MAHER; MARKEY; EBERT-MAY, 2013).

O tamanho de efeito pode significar uma estatística que estima a magnitude de um efeito, como por exemplo, a diferença media, coeficiente de regressão e coeficiente de correlação, isso se refere a uma estatística de efeito, medida ou índice de tamanho de efeito(NAKAGAWA; CUTHILL, 2007). Ao quantificar a magnitude da diferença entre os grupos ou a relação entre as variáveis, o tamanho do efeito fornece uma medida livre de escala que reflete o significado prático da diferença ou a relação entre as variáveis(COE, 2002; HOJAT; XU, 2004).

A realização da meta-análise foi fundamental pois avalia estatisticamente de uma maneira eficaz e sintetiza a pesquisa porque combina dados coletados e pode ser usada para abordar questões importantes ainda não respondidas na literatura (GILBERT NORTON *et al*. 2010, HADDAD 2008). Nessa análise, a apresentação das estatísticas de efeito e seus ICs (Intervalo de confiança) é obrigatória, a familiarização com as estatísticas de efeito e seus ICs encoraja não apenas o pensamento meta-analítico, mas também o que chamamos de pensamento "eficaz" (NAKAGAWA, S. E CUTHILL, IC, 2007).

A principal finalidade desta pesquisa é reunir informações e realizar uma avaliação crítica de artigos que abordem a conectividade funcional e o isolamento por distância. Nosso objetivo é compreender se o isolamento por distância tem um impacto negativo na funcionalidade dos organismos, levando a uma redução na dispersão e no fluxo gênico entre os fragmentos de habitat. Ao investigar essa relação entre a configuração do ambiente e a movimentação dos indivíduos, buscamos obter informações valiosas para a conservação da biodiversidade e o desenvolvimento de estratégias eficazes de manejo e restauração de ecossistemas fragmentação.

REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Fragmentação Ambiental

A fragmentação é a perda de uma determinada área de um habitat (TABARELLI *et al.* , 2004). Estudos demostram que os riscos de extinção populacional aumentam quando o tamanho do fragmento é reduzido a menos que 60% do seu tamanho original (ANDRÉN 1994; HUGGETT 2005). Além disso, os efeitos negativos da redução de floresta sobre a biodiversidade podem ser potencializados através de interações sinergéticas, quando resta menos de 30% de floresta na paisagem (PARDINI *et al.* 2010; LIMA & MARIANO-NETO 2014), e isso pode aumentar o isolamento entre os fragmentos, amplificando os efeitos de borda dentro dos fragmentos fazendo com que as condições de umidade, temperatura e radiação solar se modifiquem comprometendo o equilíbrio do ecossistema alterando a matriz entre os fragmentos restantes (DIDHAM *et al*. 2012; HADDAD *et al.* 2015; SANTOS *et al.* 2017).

A fragmentação florestal causada pela supressão de espécies florestais, sem um adequado plano de manejo, promove a formação de aglomerados de vegetação e, consequentemente, alterações nos processos ecológicos e genéticos das espécies (KAGEYAMA & GANDARA, 1998)Essa fragmentação está associada principalmente a ameaças às árvores, como extração de madeira, queimadas em florestas e caça dos principais dispersores de sementes, e prevê que isso fará com que ocorra a perda da diversidade de árvores (TABARELLI *et al.* , 2004). E todos esses fatores como a expansão do uso da terra, junto com o crescimento populacional, resulta na fragmentação dos habitats naturais com formação de diferentes tamanhos e formas de fragmentos florestais. (THOMAZINI, M.J. 2000)

A perda do habitat pode causar diversos fatores negativos sobre a biodiversidade, como o isolamento estrutural, a diminuição da dispersão de espécies, redução do fluxo gênico (TABARELLI *et al.* , 2004 ; PARDINI *et al.* , 2010), seleção, deriva e aumento de endogamia (YOUNG et al, 1996; TARAZI et al, 2009).

2.2 Conectividade

A conectividade da paisagem pode ser descrita como o nível em que a configuração do ambiente facilita ou impede o deslocamento entre diferentes áreas com recursos, sendo assim, uma avaliação direta da conectividade da paisagem deve incorporar medidas relacionadas ao movimento dos organismos através do ambiente.(D'EON; GLENN; PARFITT; FORTIN, 2002; TAYLOR; FAHRIG; HENEIN; MERRIAM, 1993).Essa conexão desempenha um papel fundamental como ferramenta de conservação para combater os efeitos negativos da perda de habitat e fragmentação (ZELLER; LEWISON; FLETCHER JR; TULBURE *et al.*, 2020).

A criação da conectividade entre as populações em áreas com fragmentação é dependente das espécies e sua eficiência dispersão (PROFT, KM *et al*., 2018). Segundo PE' ER *et al.,* (2005) os corredores institucionais seria uma melhor alternativa para florestas fragmentadas, nesse caso seria programar na matriz antrópica, práticas agrícolas e uso do solo adequado para a passagem da biota, gerando uma diminuição do uso de agrotóxicos. Os corredores e sua conectividade são fundamentais para restauração da fragmentação florestal, sendo uma das principais e mais viáveis alternativas de reduzir esse efeito (SEOANE, C. E. S *et al.,* 2010), pois os fatores negativos da fragmentação podem ser amenizados, pela manutenção da conectividade entre as populações (BACLES & JUMP 2011). Os movimentos de alelos entre fragmentos de habitats podem abrandar os efeitos da fragmentação (MACARTHUR & WILSON 1967; BROWN & KODRICK-BROWN 1977). Com isso, o movimento através da paisagem é crítico para a sobrevivência da população e das espécies (HADDAD et al. 2003). A capacidade de dispersão de um habitat para outro é de extrema importante, dadas às mudanças de alcance esperadas com as mudanças climáticas (MCLAUGHLIN et al. 2002; GILBERT- NORTON et al. 2010).

Por isso a necessidade e importância dos corredores, pois eles auxiliam na promoção da dispersão tendo uma possível importância para populações pequenas e isoladas podendo resgata-las aumentando a conectividade funcional e a viabilidade populacional em paisagens fragmentadas (LI et al. 2021). A dispersão é afetada não apenas pelas características do

corredor, como largura e comprimento, mas também pelas características das espécies em dispersão, com efeitos na fonte e nas populações colonizadoras (DEWHIRST & LUTSCHER 2009; DE BIE *et al*. 2012). Os corredores e sua conectividade são fundamentais para restauração da fragmentação florestal, sendo uma das principais e mais viáveis alternativas de reduzir esse efeito (SEOANE, C. E. S *et al.*, 2010), pois os fatores negativos da fragmentação podem ser amenizados, pela manutenção da conectividade entre as populações (BACLES & JUMP 2011).

Todo tipo de estratégias de conservação e restauração é essencial para a manutenção da biodiversidade, como os corredores ecológicos que fazem a conexão e aumenta a diversidade genética das populações que se encontra fragmentada. A diversidade genética e a matéria prima onde a seleção natural pode trabalhar permitindo a evolução dos organismos e sua adaptação (FRANKHAM, 2005). A diversidade entre espécies refere-se à variabilidade que ocorre em determinado ambiente (SCARIOT *et al*., 2011).

2.3 Fluxo gênico

O fluxo gênico é a migração de genes dentro e entre as populações, e pode desempenhar um papel importante na determinação da estrutura genética dessas populações. E essa transferência de material genético, muda à distribuição da diversidade genética entre as populações, modificando as frequências dos alelos (CZYK, JAROSLAW *et. al*, 2004; KELLY, E. *et.al* 2016). A migração é um recurso extremamente importante e útil para o manejo da diversidade genética, pois pode acrescentar alelos ameaçados ou extintos no curso da evolução e, consequentemente, ajudar a readquirir ou mesmo aumentar a diversidade genética da população doméstica (FRANKHAM *et al.* , 2002).

O fluxo gênico em espécies arbóreas envolve o fluxo de pólen e sementes (SMOUSE, PE *et al*., 2004) e esse fluxo gênico pode ser usado para desacelerar ou finalizar diferenciação de populações domésticas, aliviar a endogamia e potencialmente crescer o ganho genético de longo prazo (LI. CAO *et al*., 2021). A preservação do meio ambiente e sua conectividade podem proporcionar o fluxo gênico entre populações e diversas espécies, minimizando o endocruzamento e auxiliando na diminuição do processo de estrutura genética (COULON, 2004).

O fluxo gênico também é importante na biologia da conservação, principalmente por causa de sua influência no tamanho efetivo da população de espécies ameaçadas (LANDE

1988; SCHEMSKE *et al.* 1994). Por exemplo, o conceito de metapopulação depende do fluxo gênico entre populações disjuntas, algumas das quais estão sujeitas à extinção sem entrada de propágulos de populações externas (HANSKI & G ILPIN 1997). Habilitando o fluxo gênico entre fragmentos e corredores diminuem os efeitos deletérios causados pelo isolamento e a redução da área florestal que de aumentar as populações e sua diversidade genética, aumentando assim o risco de extinções locais ao longo do tempo (CARVALHO *et al.*,2015). Existe grande esforços para restaurar paisagens anteriormente degradadas e sua conectividade aumenta, tornando uma grande prioridade para a conservação (KROSBY et al. 2015).

A precisão na estimativa dos níveis contemporâneos de fluxo gênico é fundamental para o planejamento de reservas e estratégias de conservação que visam maximizar a interconexão das populações, ao mesmo tempo que minimizam o fluxo gênico indesejado (BURCZYK; ADAMS; MORAN; GRIFFIN, 2002). Essa abordagem garante a preservação da diversidade genética e a viabilidade a longo prazo das espécies, assegurando que os esforços de conservação sejam eficazes e embasados em dados sólidos. Esses grandes esforços para restaurar paisagens anteriormente degradadas e aumentar a sua conectividade, tornando-se uma grande prioridade para a conservação (KROSBY et al., 2015).

2.4 Microssatélites

Microsatellites são marcadores codominantes, o que significa que permitem a observação de ambos os alelos de um mesmo locus. Isso torna possível a sua utilização em pesquisas genéticas e ecológicas para analisar a estrutura genética de populações que foram isoladas e fragmentadas ao longo do tempo (MORAND *et al.*, 2002; COLLEVATTI *et al.*, 2001). Os microssatélites são chamados de SSRs (*Simple Sequence Repeats*) consistem em pequenas sequências de DNA genômico repetidas em tandem, geralmente encontrados em regiões não codificadoras, podendo variar de 01 até 08 nucleotídeos (TAUTZ, D. 1989) são uma ferramenta altamente informativa, exibem alta especificidade, são transferíveis entre espécies relacionadas, baixo custo (WANG, H., YANG,B.,WANG,H. *et al.*,2021) são altamente abundantes, polimórficos e dispersos aleatoriamente ao longo dos genomas nuclear, cloroplasto e mitocondrial de muitas espécies (KALIA *et al*., 2011)

Essas ferramentas têm desempenhado um papel fundamental na abordagem de diversas questões relacionadas à genética de populações. Essas questões incluem a análise do fluxo gênico, determinação de paternidade e a investigação da estrutura populacional. Os dados gerados por meio dessas análises fornecem informações cruciais sobre a distribuição da

variabilidade genética dentro e entre populações naturais (OLIVEIRA *et al*., 2006). O estudo de genética de populações pode ser realizado por meio das análises através dos marcadores moleculares. Diversos avanços atuais na tecnologia produziram novas técnicas que estão facilitando muito as pesquisas em todas as áreas de desenvolvimento (AMITEYE, Samuel. 2021). Por ser uma ferramenta muito eficiente nos parâmetros relacionados ao tamanho efetivo populacional, análise de parentesco e estrutura genética, tem sido muito utilizado em estudos de genética de populações (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1995; YOUNG *et al*., 1996).

Os SSRs são encotrados aleatoriamente em todo genoma nuclear e do citoplasma (em c cloroplastos e mitocôndrias) das plantas. Os genomas de cloroplastos (cpDNA) exibem menor taxa de mutação genética do que os genomas nucleares, sendo mais acessível detectar uma quantidade considerável de variações de sequência em genomas de cloroplastos. Porém cpSSRs fornecem níveis mais alto de polimorfismo e, logo, tornando o marcador atraente para fácil genotipagem e estudos de genética de populações (DREW *et al.*, 2014; MOORE *et al*., 2010). Os marcadores SSR são úteis para investigar a estrutura populacional da espécie e a conectividade genética entre diferentes populações. Através da análise dos SSR, pode determinar a diversidade genética e a diferenciação entre as populações, o que proporcionou informações valiosos sobre como a paisagem afeta o fluxo gênico e a adaptação de um animal em um ambiente fragmentado, essas ferramentas demonstraram ser eficaz para compreender a dinâmica genética da espécie em estudo e sua resposta às mudanças na paisagem (KEYGHOBADI; ROLAND; STROBECK, 2005).

2.5 Grupos Biológicos

A conectividade é independente dos grupos biológicos e é fundamental para a preservação da diversidade genética e a manutenção do equilíbrio dos ecossistemas. Portanto, compreender a capacidade de dispersão, polinização, se a espécie é generalista ou especialista, preferência de habitat de cada grupo biológico, o tanto que o animal dispersor percorre, é fundamental para entender como isso pode influenciar a conexão funcional entre as paisagens fragmentadas.

A configuração física espacial de uma paisagem pode impor diversas restrições de conectividade, variando de acordo com a espécie em questão (GAGNAIRE, 2020).A criação da conectividade entre as populações em áreas com fragmentação é dependente das espécies de diferentes grupos biológicos e sua eficiência dispersão (PROFT; JONES; JOHNSON; BURRIDGE, 2018). A mobilidade de um organismo figura como um dos determinantes mais

cruciais da conectividade funcional da paisagem, requerendo uma análise na escala da interação entre a paisagem e o organismo em questão (D´EON et al., 2003). Isso se deve ao fato de que diferentes organismos respondem de maneiras diversas à heterogeneidade ambiental em escalas variadas, e, como resultado, uma paisagem não pode ser inerentemente rotulada como fragmentada ou conectada. A verdadeira conectividade somente pode ser estabelecida ao avaliarmos a habilidade intrínseca do organismo de se deslocar entre fragmentos (JOHNSON *et al*., 1992; D´EON *et al*., 2003).

Entender a estrutura dos corredores e o tipo de vegetação é essencial para que os animais dispersores possam percorrer esse corredor, não basta apenas construir uma passagem e sim permite o deslocamento, fornece locais adequados para se abrigar, se alimentar e se reproduzir ao longo do percurso, interação entre os ecossistemas terrestres e aquáticos, ou seja, um habitat favorável para sobrevivência. E com a disponibilidade desses recursos, mantem e aumenta a cobertura florestal da paisagem, o que aumenta o tamanho da população, diversidade genética e a persistência de espécies no ambiente.(FAHRIG, 2003; 2013; PHALAN, 2018)

MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Revisão Sistemática

Nesse estudo foi realizado um protocolo de revisão (vide Anexo 2). A seleção dos estudos foi realizada seguindo o método descrito na literatura como fluxo da informação, com base nas diferentes fases de uma revisão sistemática, conforme o protocolo PRISMA- Eco-evo (Preferred Reporting Items for Systematic review and Meta-Analysis Protocols) (O'DEA; LAGISZ; JENNIONS; KORICHEVA *et al.*, 2021). Esse fluxo compreende as etapas de identificação, seleção, elegibilidade, inclusão e exclusão (Figura 1).

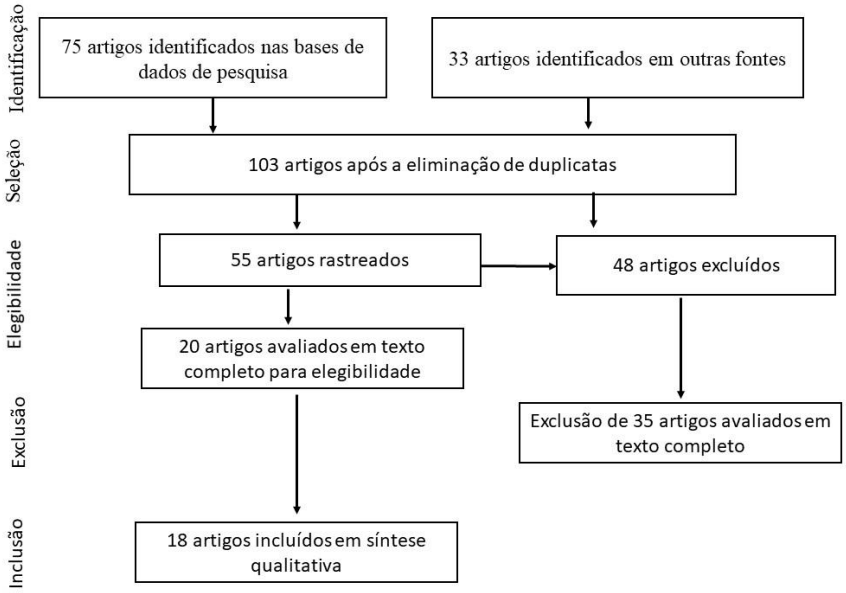

Figura 1- Fluxo da informação com as diferentes fases da revisão sistemática

3.1.1 Identificação

Para a escolha dos artigos científicos, realizamos uma busca nas plataformas Web of Science, Scopus e no site Google Acadêmico, utilizando o sistema CAFe (https://www-periodicos-capes-gov-br.ezl.periodicos.capes.gov.br/index.php/acesso-cafe.html). A busca nos bancos de dados foi realizada com base em critérios de identificação pré-definidos, incluindo as seguintes palavras-chave específicas: "gene flow" AND "structural connection" OR "corridors" OR "functional connection" OR "microsatellites" OR “fragmentation”.

3.1.2 Seleção

Para etapa de seleção dos artigos nas plataformas, os arquivos foram compilados em um formato RIS e adicionados à ferramenta gratuita Rayyan Systematic Review, encontrado no endereço https://www.rayyan.ai. Essa ferramenta permitiu a inclusão exclusão dos estudos com base em critérios como título, resumo, ano e autores, além de identificar e remover estudos duplicados e acompanhar a quantidade de palavras-chave incluídas nos estudos.

3.1.3 Elegibilidade

Os artigos selecionados foram avaliados integralmente, considerando a metodologia, resultados e discussão, para determinar sua elegibilidade. Durante essa etapa, conduzimos a seleção e exclusão dos estudos, seguindo critérios predefinidos, conforme descritos a seguir.

3.1.4 Inclusão

Na fase de inclusão, foram selecionados artigos que abordavam animais vertebrados, invertebrados e plantas, bem como a utilização de marcadores moleculares, e seus índices como valores de índice de fixação de Wrigth- F_{ST}, (WRIGHT, 1965) e a distribuição geográfica das populações estudadas. Além disso, foram considerados estudos que forneciam elementos claros sobre a extensão em que a fragmentação limita o fluxo gênico e, consequentemente, causa desconexão funcional.

3.1.5 Exclusão

Na fase de exclusão, foram descartados os estudos de revisão, bem como aqueles que não apresentavam dados empíricos, como também a exclusão dos artigos que não tinha o método genético para estimar o objetivo da pesquisa.

3.2 Coleta de dados

Para a coleta e processamento de dados, organizamos uma tabela contendo categorias consideradas relevantes para responder às questões da revisão proposta (Tabela 1). Para categoria de modelo biológico, categorizamos entre planta, invertebrado ou vertebrado. Para o tipo de ecossistema, foi classificado entre Mata Atlântica e outros ecossistemas.

Tabela 1- Tabela descritiva dos 17 artigos selecionado com diferentes categorias.

Autores	Modelo Biológico	Ecossistema	Conexão	Método
ADAMS,R.V *et.al*	Vertebrado	Mata Atlântica	Sim	Microssatélites
BRANDÃO,M.M *et.al*	Planta	Mata Atlântica	Sim	ISSR
MANOEL,R.O *et.al*	Planta	Mata Atlântica	Não	Microssatélites
MARTINS, K. *et.al*	Planta	Mata Atlântica	Sim	Microssatélites
HORSKINS, K. *et.al*	Vertebrado	Outros	Sim	Microssatélites
EPPS,C.W. *et.al*	Vertebrado	Outros	Não	Microssatélites
SAEKI AB.I *et.al*	Planta	Outros	Não	Microssatélites
HMELJEVSKI, K.V. *et.al*	Planta	Mata Atlântica	Não	Microssatélites
KEYGHOBADI, N. *et.al*	Invertebrado	Outros	Não	Microssatélites
STEVES, V.M. *et.al*	Vertebrados	Outros	Não	Microssatélites
SUNNY, A. *et.al*	Vertebrados	Outros	Não	Microssatélites
DUTCHER,K.E *et.al*	Vertebrados	Outros	Sim	Microssatélites
ROSA, J. F *et.al*	Invertebrado	Mata Atlântica	Sim	Microssatélites
SANTOS, A.S. *et.al*	Planta	Mata Atlântica	Não	Microssatélites
ABDELKRIM, B.A. *et.al*	Invertebrado	Outros	Não	Microssatélites
REYNE, M.I *et.al*	Vertebrados	Outros	Não	Microssatélites
BYERLY, P.A. *et.al*	Vertebrados	Outros	Sim	Microssatélites

Nessa categoria outros ecossistemas, agrupamos aqueles que não se enquadra nos ecossistemas de Mata atlântica. Categorizamos se nos estudos havia informações sobre as populações estudadas terem algum tipo de conexão por distância ou não. Também verificamos se cada artigo selecionado utilizou marcadores genéticos como ferramenta em sua pesquisa. Esse critério foi considerado relevante para avaliar o fluxo gênico e determinar se o uso desses marcadores foi adequado para responder às perguntas de pesquisa propostas, e se a partir os artigos fornecia dados como os valores de F_{ST} (índice de fixação de Wright) (WRIGHT, 1965) e a distância entre as populações avaliadas nos estudo.

3.3 Análise de Dados

Para informações complementares e para a combinação de resultados, foi realizada uma bibliometria utilizando uma ferramenta R para análise abrangente de mapeamento

cientifico, conhecida como a Bibliometrix, disponível em https://www.bibliometrix.org/home/. A análise foi realizada utilizando dados bibliográficos dos artigos científicos selecionados.

Essa abordagem permitiu a condução de análises quantitativas, visando obter resultados sobre a pesquisa. Por meio dessas análises, foram identificados aspectos como a produção de artigos ao longo dos anos, revistas mais relevantes, artigos mais citados, em como a avaliação da importância e influência de periódicos científicos.

3.4 Meta-análise

Essa técnica foi utilizada para sintetizar os resultados dos estudos selecionados, sobre uma mesma pergunta biológica, de forma que pudéssemos obter uma estimativa mais precisa e confiável entre as variáveis estudadas (Número de migrantes e a Distribuição geográfica). Para essa análise foi realizada uma extração de dados onde obtivemos os valores de F_{ST} (índice de fixação de Wright) e o comprimento dos fragmentos em metros de cada população dos artigos estudados, e copilamos no Excel (Anexo 1). Dentro do Excel, usamos uma formula via indireta para estimar o número de migrantes entre duas populações (Equação 1).

Com essa fórmula é possível estimar quantos migrantes existem entre duas populações, esse valor sendo 1 ou mais, isso demostra que as populações não ocorrem o risco de ficar isoladas (SLATKIN, 1989).

$$Nm = \frac{1}{4} * \left(\frac{1}{\mathrm{FST}} - 1\right)$$

Equação 1. Via indireta para estimar o fluxo gênico.

Devido à variabilidade dos dados em cada artigo, foi essencial calcular o tamanho de efeito utilizando as variáveis quantitativas do número de migrantes e da distribuição geográfica entre as populações, o para estabelecer uma relação entre elas. O tamanho de efeito é um parâmetro estatístico que permite comparar os resultados de diferentes estudos em uma mesma escala (ROSENBERG; ROTHSTEIN; GUREVITCH, 2013), possibilitando a avaliação e correlação desses estudos, mesmo que tenham amostras de tamanhos diferentes.

Para realizar a análises estatísticas usamos a Regressão Linear simples, que é uma ferramenta útil para prever uma resposta quantitativa e descrever a relação entre as diferentes categorias e compreender o comportamento dos dados. A codificação das duas variáveis (Número de migrantes e Distribuição geográfica) foi realizada utilizando o programa JASP 0.17.2 (GONÇALVES; COUTO; BARROS; NEIVA, 2023) para obter os dados de regressão linear. Com essa abordagem, buscamos comparar categorias relevantes, como, por exemplo, estudos com conexões versus estudos sem conexões, e avaliar os resultados desse comportamento.

$$Y = a + bx$$

Equação 2. Regressão Linear com duas incógnitas.

A formula de regressão linear representa um modelo com duas incógnitas, onde a incógnita "a" é o intercepto de y, (ou seja, o valor de y para o qual x = 0, ou ainda, o ponto da reta que toca o eixo de x) e "b" é o coeficiente angular da reta (ou seja, a variação de y que acompanha um aumento de uma unidade em x, ou ainda, a intensidade com que x interfere em y).

Nesse contexto aplicamos esta fórmula para analisar a relação entre duas variáveis o número de migrantes como a variável dependente (y) e o isolamento por distância entre os fragmentos a variável independente (x). Ao usar essas duas variáveis, buscamos entender como a distância entre os fragmentos influência o número de migrantes entre as populações.

O coeficiente "a" representa a estimativa de y quando a distância x é zero, ou seja, o ponto de origem da reta. Já o coeficiente "b" indica a mudança estimada em y para cada unidade de mudança em x, refletindo a intensidade com que a distância entre fragmentos interfere no número de migrantes. Essa abordagem permite modelar e quantificar a relação linear entre as variáveis, fornecendo informações sobre como o isolamento por distância pode impactar o padrão de migração entre as populações estudadas.

RESULTADOS

Foram identificados um total de 108 artigos nesta revisão sistemática. Destes, 75 foram encontrados nas plataformas Web of Science e Scopus, enquanto outros 33 foram obtidos por meio da ferramenta de busca Google Acadêmico. Dos 108, 5 artigos foram excluídos por serem duplicadas, ficando 103 artigos. Durante a primeira filtragem com base apenas na leitura dos resumos, foram pré-selecionados 55 artigos e 48 foram excluídos com base em critérios pré-determinados.

Após a avaliação e leitura completa, 20 artigos foram considerados elegíveis e os outros 35 artigos foram excluídos. Dos 20 artigos selecionados, dois deles não possuíam dados compatíveis com a análise que gostaríamos de realizar nesta investigação. Portanto após essa fase de inclusão e exclusão, apenas 18 artigos foram mantidos para análise e síntese qualitativa (Figura 1)**,** e 17 artigos foram usados para análise quantitativa.

Nossos resultados destacam a relevância da pesquisa sobre conectividade genética e sua relação com a fragmentação do habitat. No entanto, também identificamos várias lacunas na literatura existente. Essas lacunas incluem a necessidade de explorar mais o fundo da conectividade genética em grupos taxonômicos específicos, a variação geográfica na pesquisa e a investigação de novos métodos genéticos. Esses resultados de busca fornecem uma base para futuras pesquisas na área da conectividade genética, com o objetivo de aprimorar nossa compreensão da genética populacional e contribuir para estratégias mais eficazes de conservação da biodiversidade.

Dentre os artigos analisado, o trabalho de STEVES, 2006, foi o mais citado globalmente com 129 referências e o segundo foi artigo de KEYGROBADI, com 114 citações, ambos publicados na revista, Molecular Ecology. Oito dos artigos selecionas acumularam mais de vinte citações globais, destacando a relevância e importâncias dessas contribuições. As fontes mais relevantes foram Conservation Genetics e Molecular Ecology com cinco e três artigos em destaque, respectivamente.

As palavras-chaves mais recorrente nos artigos selecionados foram, “connectivity”, “gene flow”, “functional” “genetic”, e “diversity”, corroboram com as palavras-chaves escolhidas como critério de identificação. Quanto aos resumos, termos como “gene flow”, “microsatellite repeats”, “animals”, “genetic variation”, “genetics population” e “animal distribution”, foram mais frequentes, mostrando uma ampla variedade de termos importantes. A estratégia de busca utilizada, com base em critérios de identificação pré-definidos e palavras-chave específicas, tem sido relevante e eficaz na seleção de artigos relacionados a revisão. As palavras-chave mais recorrentes nos artigos selecionados, tais como "connectivity", "gene flow", "functional", "genetic" e "diversity", corroboram com as palavras-chave escolhidas como critério de identificação, o que sugere que a estratégia de busca foi bem direcionada para encontrar artigos relevantes sobre a conexão funcional.

Além disso, a análise dos resumos dos artigos selecionados revelou que termos como "gene flow", "microsatellite repeats", "animals", "genetic variation", "genetics population" e "animal distribution" foram frequentes, indicando uma ampla variedade de tópicos e aspectos relacionados à genética populacional e à distribuição de animais. Isso reforça a abrangência da pesquisa e a diversidade de informações disponíveis sobre o assunto.A relevância dessa estratégia de busca é crucial, ajuda a identificar e coletar informações pertinentes para a compreensão da conectividade genética entre populações, a influência da fragmentação do habitat e a variação genética em diferentes espécies. Esses aspectos são fundamentais para a conservação da biodiversidade, o manejo de populações e a compreensão da evolução das espécies.

Ao analisar qualitativamente os artigos incluídos nesta revisão percebemos que os modelos biológicos variam bastante. Foram identificados oito indivíduos vertebrados, sendo eles Aves (*Poecile atricapillus* e *Sterna dougallii*), ratos (*Melomys cervinipes e Uromys caudimaculatus*), carneiros selvagens *(Ovis canadensis nelsoni*), Sapo (*Epidalea calamita*), salamnadra (*Pseudoeurycea robertsi),* e Tartaruga do deserto *(Gopherus agassizii)* três

invertebrados, borboleta adulta (*Parnassius smintheus),* abelhas orquídeas *(Eulaema cingulata*) e mosca branca *(Bemisia tabaci)* e sete tipos de plantas como guapiciquí-mirim

(*Myrcia splendens),* Copaíba *(Copaifera langsdorffii),* junípero *(Juniperus thuriferaL), Acer miyabeié, Encholirium horridum,* e Juçara (*Euterpe edulis*).

A avaliação sobre o estado de conservação do ecossistema em cada estudo, indicou aqueles em que houve fragmentação bem como o impacto dessa fragmentação no habitat e na diversidade genética das espécies estudadas. Nessa análise, foram categorizados seis como Mata Atlântica e dez como outros ecossistemas como floresta tropical de notofilo que se refere a uma floresta mais úmida e mesofilo que se refere-se a uma floresta tropical de altitude preservada, áreas que foram originalmente utilizadas para atividades humanas e após abandono se regenerou como floresta natural, deserto de Mojave localizado no sul da Califórnia, ecossistemas de várzea fluvial que inclui áreas adjacentes a rios periodicamente inundadas, ambientes de sopé, montanhosos e rochosos canadenses, planície fluvial são áreas planas adjacentes a rios , manchas de florestas primária são florestas que não teve modificação do homem, secundaria são florestas que se regeneram após perturbações e ilhas são áreas isoladas, cercadas por outro tipo de paisagens. Entre os estudos analisados, apenas oito estudos forneceram informações sobre a existência de conectividade entre as populações estudadas.

Tabela 2 – Resultados da regressão linear simples entre as categorias, com conexão e sem conexão.

Plantas com conexão*

Model	R	R^2	Adjusted R^2	RMSE	Durbin-Watson Autocorrelation	Statistic	p
H_0	0.000	0.000	0.000	2.555	0.465	1.053	0.001
H_1	0.056	0.003	-0.023	2.585	0.460	1.064	0.001

Vertebrados com conexão*

Model	R	R^2	Adjusted R^2	RMSE	Durbin-Watson Autocorrelation	Statistic	p
H_0	0.000	0.000	0.000	7.896	0.301	1.390	< .001
H_1	0.265	0.070	0.065	7.636	0.246	1.506	< .001

Plantas sem conexão**

Model	R	R^2	Adjusted R^2	RMSE	Durbin-Watson Autocorrelation	Statistic	p
H_0	0.000	0.000	0.000	4.464	0.586	0.823	< .001
H_1	0.493	0.243	0.236	3.901	0.422	1.144	< .001

Vertebrados sem conexão**

Model	R	R^2	Adjusted R^2	RMSE	Durbin-Watson Autocorrelation	Statistic	p
H_0	0.000	0.000	0.000	10.333	0.086	1.828	0.287
H_1	0.046	0.002	-0.005	10.357	0.062	1.876	0.427

Tabela 2- Resultados da regressão linear para cada categoria relevante, * Artigos que utilizaram Plantas e vertebrados como modelo biológico e possuía conexão entre os fragmentos. ** Grupo de artigos que utilizaram Plantas e vertebrados como modelo biológico e não tinha uma conexão entre os fragmentos. O modelo Ho representa a hipótese nula e H_1 a hipótese alternativa. R é o coeficiente de correlação, R^2 é o coeficiente de determinação. Já o Adjusted R^2 é o coeficiente de determinação ajustado, RMSE é erro quadrático médio e o Durbin-Watson é uma estatística que determina a autocorrelação, fornece a estatística e o valor de p associado.

As equações lineares são úteis porque muitas relações biológicas têm efetivamente esta forma, pois quando grafadas constituem uma reta, além de representarem aproximações de relações com alta precisão. Na prática, os valores de a e b são calculados com base em dados observados e, uma vez estimados, podemos introduzir, na equação, valores de x, calculando os correspondentes valores preditos de y (DE SOUZA, 2007). Os resultados incluíram 499 estimativas de tamanho de efeito e essa estimativa é o número total de tamanho de efeito de todas as populações dos artigos analisado. Isso inclui todas as populações dos artigos com conexão (216) mais populações dos artigos com isolamento por distância (283) que dá o total de 499 estimativas (Anexo 1).

Os resultados das análises de regressão linear para diferentes grupos de plantas e vertebrados, com e sem conexão demostra a relação entre a distância entre fragmentos e o número de migrantes (Nm) entre as populações. Para o grupo de Plantas com Conexão, o modelo nulo (H_o), que mostra a relação entre o número de migrantes e a distância entre fragmentos, já o R2 e R2 ajustado como o valor foi 0,000, demostra que o modelo não explica significativamente a variabilidade nos dados. O modelo completo (H_1), que considera a distância como variável preditora, apresentou um R2 de 0,003 e um R2 ajustado negativo, estabelecendo um ajuste limitado do modelo de dados. Já o teste de Durbin- Watson revelou uma autocorrelação positiva (0,465) e um p associado de 0,001. Biologicamente esses resultados sugerem que, para plantas com conexão, a distância entre fragmentos pode ter uma influência ao número de migrantes.

Já no caso de Vertebrados com conexão, o modelo nulo (H_0) não explica significativamente a variabilidade no número de migrantes, com R^2 e R^2 ajustados ambos iguais a 0,000. No entanto, ao considerar a distância como variável preditora no modelo completo (H_1), observa-se um R^2 de 0,070 e um R^2 ajustado de 0,065, indicando que a distância entre fragmentos contribui modestamente para a explicação da variação no número de migrantes. O teste Durbin-Watson revelou uma autocorrelação positiva significativa nos resíduos (0,301), com um valor p associado inferior a 0,001. Isso sugere que, para vertebrados com conexão, a distância entre fragmentos pode destruir um papel modesto na determinação do número de migrantes, mas há autocorrelação em resíduos que requerem atenção.

Para o grupo de Plantas sem Conexão, os resultados apontam que o modelo nulo não oferece uma explicação significativa para a variação no número de migrantes. No entanto, ao incorporar a variável da distância no modelo completo, observa-se uma melhoria substancial no ajuste, evidenciada por um R^2 de 0,243 e um R^2 ajustado de 0,236. Notavelmente, o Root

Mean Squared Error (RMSE) fornece uma métrica de precisão na previsão do número de migrantes com base na distância; nesta categoria, os valores de RMSE foram relativamente baixos, indicando um modelo mais preciso. Ao comparar com as plantas com conexão, onde os valores de RMSE foram ainda mais baixos e mais próximos, surge a inferência de que, em termos biológicos, a presença ou ausência de conexão entre os fragmentos exerce uma influência considerável na capacidade do modelo de explicar a variação no número de migrantes. Essa observação destaca a importância da conectividade entre fragmentos na dinâmica do fluxo gênico para as plantas estudadas.

O teste Durbin-Watson sugere uma autocorrelação positiva nos resíduos (0,586), com um valor p associado inferior a 0,001. Estatística que quando os valores forem abaixo de 2 indicam uma autocorrelação positiva. Esses resultados indicam que, para plantas sem conexão, a distância entre fragmentos tem uma influência mais substancial no número de migrantes, embora a presença de autocorrelação nos resíduos também deva ser considerada.

No grupo de vertebrados sem conexão a análise de mostra que o modelo nulo não explica significativamente a variação no número de migrantes, com R^2 e R^2 ajustados iguais a 0,000. Ao incluir a distância no modelo completo, observe um R^2 de 0,002 e um R^2 ajustado de -0,005, diminuindo um ajuste limitado do modelo aos dados. O teste Durbin-Watson não indica significância na autocorrelação dos resíduos (0,086, $p = 0,287$). Para vertebrados sem conexão, a distância entre fragmentos parece ter uma influência limitada no número de migrantes, e a autocorrelação nos resíduos não é estatisticamente significativa. Os resultados indicam que a distância entre fragmentos está associada ao número de migrantes, especialmente para aqueles onde o modelo com distância apresentou um ajuste mais significativo. Contudo, a presença contínua de autocorrelação entre as variáveis sugere que outros fatores não incluídos nos modelos podem influenciar essas dinâmicas, como a diferença de modelos biológicos que influenciam nessa dinâmica.

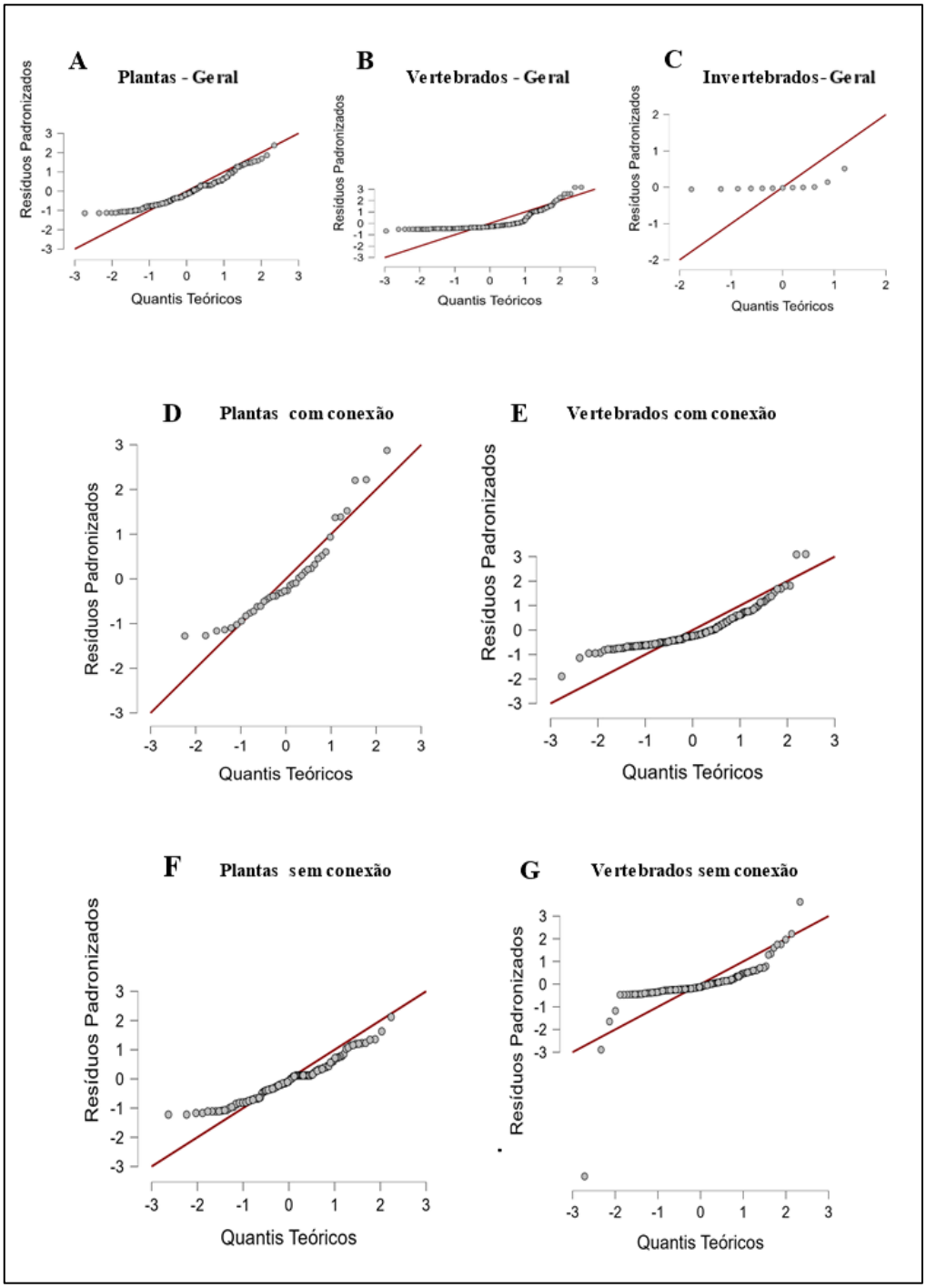

Figura 2- Gráficos de regressão linear de diferentes categorias dos Quantis teóricos afim de representar a normalidade dos resíduos. Os títulos dos gráficos que contém "com conexão" referem-se a grupos de artigos que tem conectividade entre as populações estudadas e "sem conexão" são aqueles que tem isolamento por distância. O eixo x (horizontal) representa os quantis teóricos da distribuição normal padrão. O eixo y (vertical) representa os resíduos padronizados indicando a diferença entre os valores observados e os valores previstos, normalizados pelo desvio padrão dos resíduos.

Os gráficos de regressão linear dos quantis teóricos fornecem uma visualização crucial da normalidade dos resíduos em diferentes conjuntos de dados, permitindo uma avaliação abrangente do desempenho do modelo (GUNST, 1980). Os resíduos padronizados, que representam as discrepâncias entre os valores previstos pelo modelo e os valores observados, servem como uma métrica valiosa para quantificar a magnitude dos erros e identificar possíveis observações atípicas (GUNST, 1980). Desta forma, a interpretação desses gráficos é essencial para compreender como os dados se alinham às expectativas de uma distribuição normal.

No Gráfico A, os pontos formam uma distribuição alinhada à linha diagonal, indicando uma conformidade notável com a normalidade. Em contraste, o Gráfico B revela uma dispersão dos pontos em relação à linha diagonal, sinalizando desvios na distribuição dos resíduos. No gráfico C, a predominância dos pontos na horizontal, apesar da presença da linha diagonal, reforça a indicação de desvios significativos na distribuição dos resíduos. Esse padrão pode ser atribuído a um número limitado de dados adquiridos, destacando a importância de considerar o contexto amostral ao interpretar os resultados. Esses desvios podem sugerir que, à medida que a distância aumenta, o número de migrantes pode diminuir de maneira mais complexa, influenciado por fatores específicos dos invertebrados estudados.

O Gráfico D, representando os dados de artigos que utilizaram plantas como modelo biológico em fragmentos conectados, apresenta uma predominância de pontos alinhados à linha principal, sugerindo uma distribuição homogênea dos resíduos. No Gráfico E, referente a artigos que exploraram vertebrados em fragmentos conectados, a maioria dos pontos está alinhada à linha principal, indicando uma conformidade notável com a expectativa de uma distribuição normal. Isso sugere uma relação mais linear entre a distância e o número de migrantes para vertebrados em ambientes conectados. Essa consistência fortalece a inferência de que, em contextos com conexões entre fragmentos, a influência da distância na migração de vertebrados pode seguir padrões mais previsíveis.

O Gráfico F, que representa dados de plantas em fragmentos sem conexão, apresenta uma predominância de pontos alinhados à linha horizontal, indicando que a ausência de conexão entre os fragmentos pode impactar significativamente a relação entre a distância e o número de migrantes. Essa observação sugere que, em ambientes isolados, a dinâmica do fluxo gênico para plantas pode seguir padrões menos previsíveis, possivelmente relacionados a limitações de dispersão. No gráfico G, referente a vertebrados em fragmentos sem conexão, os pontos estão fora da linha principal, sugerindo uma distribuição dos resíduos que não segue a expectativa de uma distribuição normal. Isso indica que, em ambientes sem conexão, a relação

entre a distância e o número de migrantes para vertebrados é mais complexa e não linear. A presença de pontos fora da linha reforça a importância de considerar outros fatores que podem influenciar a migração em ambientes desconectados.

DISCUSSÃO

Muitos estudos científicos foram realizados no intuito de compreender o fluxo gênico e a conectividade entre populações em ambientes fragmentados ou antropizados. Porém, não havia, até o presente momento um trabalho que compilasse estes dados de modo a resumir o estado da arte sobre o tema, e facilitasse a compreensão de que o isolamento por distância pode levar a uma desconexão funcional. Tal desconexão parece depender de diversos fatores que foram analisados aqui na presente revisão sistemática, incluindo a influência dos diferentes grupos biológicos.

Identificamos inicialmente um total de 108 artigos relevantes para a revisão sistemática. Entretanto, após a aplicação de critérios específicos de seleção, 18 artigos foram retidos para uma análise e síntese qualitativa mais aprofundada. Destes, 17 desses artigos foram utilizados para a análise quantitativa. A discrepância entre o número inicial e final de artigos resulta da aplicação de filtros criteriosos durante a busca, os quais incluíram considerações sobre a presença de informações essenciais, como valores de FST, distância entre os fragmentos e a utilização de diversos modelos biológicos. Este processo garantiu a inclusão de apenas aqueles estudos que ofereciam dados relevantes e viáveis para nossa análise. Desta forma, os 18 artigos finais representam uma seleção estratégica, assegurando a qualidade e pertinência dos dados para nossos objetivos da revisão.

Tabela 3. Síntese dos 18 artigos identificados.

Modelo Biológico	Quant	Ecossistema	Quant.	Conexão	Quant.
Plantas	6	Mata Atlântica	7	Sem conexão	9
Vertebrados	8	Outros ecossistemas	10	Com conexão	8
Invertebrados	3				

De posse dos artigos 18 selecionados, classificamos em grupos com a adoção de três distintos modelos biológicos, plantas, vertebrados e invertebrados. Em seis desses artigos, os pesquisadores utilizam plantas como seus modelos biológicos, enquanto oito optaram por vertebrados e apenas três concentraram-se em invertebrados. Quanto à distribuição nos ecossistemas, investigados, constatamos que sete artigos exploraram ecossistemas na Mata Atlântica, enquanto os demais, num total de dez, outros ecossistemas. Nove dos artigos selecionados, estabeleceram algum tipo de conexão entre os fragmentos estudados, já os outros oito descreveram as populações isoladas. Essa análise ressalta a diversidade de abordagens adotadas na pesquisa, evidenciando uma ampla gama de perspectivas sobre a interação entre modelos biológicos e ecossistemas específicos.

Caracterizando aqueles grupos biológicos que tiveram conexão, duas espécies de plantas *Myrcia splendens* e *Copaifera langsdorffii*, se destacam por desempenhar um papel significativo na conectividade. Essas plantas são predominantemente dispersas por aves e animais, que consomem os frutos por elas produzidos e desempenham um papel fundamental na disseminação das sementes (BRANDAO; VIEIRA; NAZARENO; DE CARVALHO, 2015; LORENZI, 1992). A *Myrcia splendens*, conhecida como Guapiciqui-mirin, é uma espécie arbórea cujas flores são polinizadas por abelhas. Além disso, suas sementes são dispersas por uma variedade de animais, incluindo macacos, aves e pequenos mamíferos (TOREZAN-SILINGARDI; OLIVEIRA, 2004). Essa interação entre a planta e os diferentes agentes dispersores ressalta a importância da *Myrcia splendens* na da conectividade entre fragmentos, uma vez que esses animais contribuem para a ampla distribuição das sementes e, consequentemente, para a diversidade da vegetação em áreas que estão isoladas.

Já a Copaíba *(Copaifera langsdorffii),* outra espécie lenhosa e perene, a dispersão de sementes envolve pássaros e mamíferos. Trata-se de uma espécie que vive muito e a polinização ocorre por abelhas (*Apis melifera e Trigona* sp.) (CARVALHO, 2003) a dispersão de sementes envolve principalmente aves como os tucanos. Essas aves desempenham um papel crucial na disseminação das sementes dessa planta. Os tucanos, com seus bicos grandes e poderosos, são capazes de ingerir os frutos da Copaíba e, consequentemente, carregar as sementes por distâncias consideráveis.

Essa interação entre a Copaíba e os tucanos é particularmente relevante para a conectividade funcional dos ecossistemas. Os tucanos, por voarem longas distâncias em busca de alimento e habitat, têm a capacidade de transportar as sementes da Copaíba para áreas distantes. Isso é fundamental para o fluxo gênico e a diversidade genética das populações da Copaíba em diferentes regiões (JORDANO *et al*.,2006). A dispersão de sementes realizada por frugívoros possui papel ecológico fundamental, atuando no aumento populacional e de diversidade genética das espécies vegetais e podem atuar como fator limitante da dispersão das plantas zoocóricas. Também são responsáveis pela ocupação de novas áreas pelas plantas e a recuperação de áreas que foram degradadas, ou se tornaram isoladas (JORDANO *et al.*,2006).

Os estudos analisados destacam a influência das diferentes formas de conexão e características da paisagem na promoção da conectividade funcional e do fluxo gênico entre as populações. Os resultados apresentados revelam que a conectividade não é uma abordagem de tamanho único, mas varia de acordo com a extensão e a composição dos corredores ecológicos em diferentes paisagens. Exemplos incluem corredor florestal irregular, indicando que a sua extensão e composição não são uniformes, mas variam ao longo da paisagem (ADAMS; BURG, 2015), corredores de vegetação secundária conectados com fragmentos remanescentes de floresta primária (BRANDAO; VIEIRA; NAZARENO; DE CARVALHO, 2015), corredor de vegetação ribeirinha original ligando dois remanescentes de floresta tropical dentro de uma matriz de pastagens curtas e com pastoreadas (HORSKINS; MATHER; WILSON, 2006), conexão por passagens montanhosas (DUTCHER; VANDERGAST; ESQUE; MITELBERG *et al.*, 2020), corredor Mata Atlântica (CAF) que é uma iniciativa do governo brasileiro para preservar a Mata Atlântica (ROSA; RAMALHO; ARIAS, 2016), bacia do atlântico como a conexão entre as populações de ilhas (BYERLY; CHESSER; FLEISCHER; MCINERNEY *et al.*, 2023).

Essa variedade de abordagens destaca a importância de adaptar as estratégias de conectividade de acordo com as características específicas da paisagem e das espécies

envolvidas. A compreensão das diferenças nas conexões e na composição da paisagem desempenha um papel fundamental na promoção do fluxo gênico, na conservação da biodiversidade e na manutenção dos ecossistemas saudáveis em todo o mundo. Portanto, a pesquisa nessa área desempenha um papel essencial na adaptação das estratégias de conservação e no desenvolvimento de práticas sustentáveis para as paisagens em constante mudança. Entender a estrutura dos corredores e o tipo de vegetação é essencial para que os animais dispersores possam percorrer esse corredor, não basta apenas construir uma passagem e sim permite o deslocamento, fornece locais adequados para se abrigar, se alimentar e se reproduzir ao longo do percurso, interação entre os ecossistemas terrestres e aquáticos, ou seja, um habitat favorável para sobrevivência. E com a disponibilidade desses recursos, mantem e aumenta a cobertura florestal da paisagem, o que aumenta o tamanho da população, diversidade genética e a persistência de espécies no ambiente.(FAHRIG, 2003; 2013; PHALAN, 2018)

Dentro do grupo de vertebrados foi encontrado duas espécies de aves Chapim-real (*Poecile atricapillus*) e Gaivota-de-patas-amarelas *(Sterna dougallii),* e uma tartaruga do deserto, onde os estudos com essas espécies tiveram conexão entre os fragmentos. As aves são espécies que tem preferencias diferentes de habitats e comportamentos distintos, a Chapim-real prefere habitats de florestas temperadas e mistas, e a Gaivota prefere ilhas, recifes e áreas ao oceano (ADAMS; BURG, 2015; BYERLY; CHESSER; FLEISCHER; MCINERNEY *et al.*, 2023). Os estudos com pequenos roedores também tiveram conectividade entre os fragmentos. O Rato-de-canguru-do-norte (*Melomys cervinipes*) e Rato-de-árvore (*Uromys caudimaculatus)* tem habitas distintos, porém são semelhantes no tempo curto de geração, e tem estratégias de história de vida parecidos. Um fator importante é a sua capacidade de dispersão em relação à distância, o rato-de-canguru atinge de 74m (CALLAWAY; TURNER; CROSHAW; FERGUSON *et al.*, 2018) e o rato-de-árvore se move até 1km (STREATFEILD, 2009). A abelhas orquídeas (*Eulaema cingulata*) foi a única espécie de invertebrado a ter conectividade entre as populações estudadas, ela tem uma relação de simbiose entre plantas e polinizadores (ROSA; RAMALHO; ARIAS, 2016).

Dentro dos grupos biológicos, aqueles que não tinham nenhum tipo de conexão foram, do grupo de plantas a *Encholirium horridum*, Acer miyabeié e Palmito juçara *(Euterpe edulis),* dos vertebrados foram Sapo natterjack *(bufo calamita),* salamantra (*Pseudoeurycea robertsi),* e Carneiros selvagens. Já no grupo de invertebrados a borboleta adulta (*Parnassius smintheus*), e Mosca branca (*Bemisia tabaci*), são aqueles animais invertebrados que não possui nenhum tipo de conectividade entre os fragmentos.

A tabela Model (Tabela 2) fornece informações sobre o ajuste global do modelo, H_o representa o modelo nulo, que é a intercepção, já p H_1 representa p modelo completo incluindo a variáveis independente (Distância entre os fragmentos – x). Na categoria plantas com conexão, o H1 indicou 0,3% da variação que Nm é explicada pelo isolamento por distância entre os fragmentos. O R é o coeficiente de transparência entre as variáveis dependentes e independentes, onde representa a força entre ela, os valores de R varia de 0 a 1. Um R^2 mais alto indica um modelo que explica uma maior porcentagem da variação nos dados. Mas nesse caso, em todas as categorias os valores de R^2 foram mais baixos que os valores de R.

Já os valores de RMSE (Root Mean Square Error) representa o desvio médio entre os valores observados e os valores previstos pelo modelo, nesse caso nas categorias de plantas com conexão e plantas sem conexões os valores são baixos indicando um ajuste do modelo de dados, e como os valores são próximos, indica uma previsão adequada. Na estatística de Durbin- Watson, os valores que são abaixo de 2 indicam uma auto correlação positiva, que como mostrado na tabela, todos as categorias possuem valores de Dubin- Watson próximos, demostrando uma previsão adequada e abaixo de 2 indicando um auto correlação (GUNST, 1980).

A análise dos gráficos A B e C são dos dados gerais dos três tipos diferentes de modelo biológicos. O gráfico A sugere que, à medida que a distância entre os fragmentos aumenta, não há desvios significativos na distribuição dos resíduos. Este padrão pode sugerir que o modelo captura adequadamente a relação entre a distância e o número de migrantes, proporcionando uma base sólida para inferências. Já o B, por ter uma dispersão diferente, sugere que, conforme a distância aumenta, os resíduos não seguem uma distribuição normal esperada. Esses desvios podem indicar que o modelo pode não se ajustar de maneira ideal à variação nos dados de vertebrados. Em geral enquanto o Gráfico A sugere uma relação mais linear entre a distância e o número de migrantes, os Gráficos B e C indicam desvios significativos, destacando a influência de fatores distintos para vertebrados e invertebrados. A expectativa de uma diminuição no número de migrantes à medida que os fragmentos se tornam mais isolados é coerente com as condições do habitat, tipo de espécie e a presença de conexões entre os fragmentos, reforçando a complexidade da dinâmica do fluxo gênico em diferentes modelos biológicos.

A análise dos gráficos D, E, F e G destaca a influência significativa da presença ou ausência de conexão entre fragmentos na relação entre a distância e o número de migrantes. Ambientes conectados parecem favorecer padrões mais previsíveis, enquanto a ausência de

conexão introduz complexidade nas interações. A presença de alguns pontos fora da linha horizontal indica que há variação na relação entre o número de migrantes e a distância, mesmo em ambientes com conexão. Essa observação destaca a complexidade das interações entre as plantas e a distância, mesmo quando a conectividade entre os fragmentos está presente, essa variação observada nos pontos fora das linhas principais reforça a necessidade de considerar fatores adicionais, como características específicas das espécies e condições do habitat. Essas informações ressaltam a importância de compreender a dinâmica do fluxo gênico em diferentes contextos e destaca a complexidade da interação entre distância e migração em ambientes fragmentados.

A medida FST, que quantifica a estrutura genética em populações, tende a aumentar à medida que as populações se tornam mais isoladas. Isso significa que quando as populações estão isoladas, a diferença genética entre elas se torna mais pronunciada e o fluxo gênico entre elas diminui. Os resultados significativos observados podem ser reflexos do passado, quando essas populações não estavam isoladas e mantinham uma conectividade genética. Mesmo quando as populações se tornam funcionalmente desconectadas, ainda podemos observar vestígios do passado, representados pelo FST menos elevado, que indica pouca estrutura genética anterior quando as populações estavam mais interligadas.

Quanto mais isolada uma população se encontra, maior é a diferença genética entre ela e outras populações, e isso pode persistir mesmo quando a conectividade atual está comprometida. Isso é importante para entender como o isolamento afeta a genética das populações ao longo do tempo. A genética da conservação desempenha um papel crucial ao realizar análises e estudos genéticos. Dentro deste contexto, uma variedade de estratégias, incluindo medidas de conservação e restauração, se torna importante para a manutenção dos ecossistemas. Quando se trata de colocar em prática ações de manejo de paisagem e práticas da conservação, é preciso montar estratégias, pensar de forma abrangente e detalhada. É importante saber quais são as espécies presentes nos fragmentos que se deseja conectar, compreender as suas dispersões e identificar seus possíveis dispersores, se a espécie é arbórea ou perene, e quais são suas condições de habitat. O manejo também precisa ser voltado para os fragmentos, precisa entender como eles são estruturados, qual o tipo de fauna ou de flora. E, isto ajuda a compreender qual tipo de vegetação mais apropriada para estabelecer conexões entre os fragmentos isolados, se existe um corredor ecológico original, ou seria necessário a restauração da vegetação para haver conexão.

Considerando paisagens muito fragmentadas em que seja desejável conectar os fragmentos remanescentes caso haja espécies que sejam dispersas por aves, é essencial entender qual espécie de ave está envolvida, como ela se comporta, se estaria disposta a se deslocar e voar ao longo desse corredor proposto. É necessário entender o tipo de floresta que essas espécies são encontradas, como é sua dieta, saber se é um dispersor significativo de semente, porque cada espécie tem um comportamento ecológicos diferentes, e cada ecossistema tem suas espécies chave para dispersão, e a escolha adequada depende das características especificas da flora e da fauna daquela região que precisa de manejo. Portanto nossos resultados podem ser utilizados para o planejamento adequado de manejo de paisagem e conservação, analisando as necessidades das espécies, dos dispersores, dos fragmentos, e o tipo de conexão adequada para o isolamento por distância. Assim é possível transformar esses resultados em ações de conservação, resguardando os ecossistemas e as espécies que os habitam.

CONCLUSÃO

Através desta revisão sistemática, procuramos responder à pergunta central desse projeto "O isolamento por distância levará a desconexão funcional? ". Concluímos que não é possível ter uma resposta direta para essa pergunta, mesmo após a realização de uma meta-análise. Isso ocorre devido aos agentes envolvidos a essa pergunta que são diversos, e terá uma resposta diferente a depender do modelo biológico. Agentes esses como espécie envolvida, sua eficiência na dispersão, seus agentes dispersores, a propagação de pólen, a distância entre os fragmentos, a existência de potenciais conexões, e a distância que o animal dispersor é capaz de percorrer naturalmente.

A depender do modelo biológico a magnitude das distâncias são completamente diferentes, por isso que o simples isolamento por distância estaria associado a desconexão funcional e é complexa quando não consegue fazer essa relação linear porque a distância é diferente. Portanto, a complexidade dessa relação decorre da diversidade de contextos biológicos e ecológicos, destacando a necessidade de abordagens mais específicas para cada situação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÂFICAS

ADAMS, R. V.; BURG, T. M. Gene Flow of a Forest-Dependent Bird across a Fragmented Landscape. **PLOS ONE**, 10, n. 11, NOV 18 2015.

BRANDAO, M. M.; VIEIRA, F. D.; NAZARENO, A. G.; DE CARVALHO, D. Genetic diversity of neotropical tree Myrcia splendens (Myrtaceae) in a fragment-corridor system in the Atlantic rainforest. **FLORA**, 216, p. 35-41, 2015.

BROOKS, T. M.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; DA FONSECA, G. A. B. *et al.* Habitat Loss and Extinction in the Hotspots of Biodiversity. **Conservation Biology**, 16, n. 4, p. 909-923, 2002.

BURCZYK, J.; ADAMS, W.; MORAN, G.; GRIFFIN, A. Complex patterns of mating revealed in a Eucalyptus regnans seed orchard using allozyme markers and the neighbourhood model. **Molecular Ecology**, 11, n. 11, p. 2379-2391, 2002.

BURCZYK, J.; DIFAZIO, S.; ADAMS, W. Gene flow in forest trees: how far do genes really travel? **Forest Genetics**, 11, n. 3/4, p. 179, 2004.

BYERLY, P. A.; CHESSER, R. T.; FLEISCHER, R. C.; MCINERNEY, N. *et al.* Conservation genomics reveals low connectivity among populations of threatened roseate terns (Sterna dougallii) in the Atlantic Basin. **Conservation Genetics**, 24, n. 3, p. 331-345, 2023/06/01 2023.

CALLAWAY, W. A.; TURNER, A. A.; CROSHAW, O. B.; FERGUSON, J. A. *et al.* Melomys cervinipes (Rodentia: Muridae). **Mammalian Species**, 50, n. 968, p. 134-147, 2018.

CARVALHO, P. Espécies Arbóreas Brasileiras. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília. 2003.

COE, R., 2002, **It's the effect size, stupid**. 14.

D'EON, R. G.; GLENN, S. M.; PARFITT, I.; FORTIN, M.-J. Landscape connectivity as a function of scale and organism vagility in a real forested landscape. **Conservation Ecology**, 6, n. 2, 2002.

DUTCHER, K. E.; VANDERGAST, A. G.; ESQUE, T. C.; MITELBERG, A. *et al.* Genes in space: what Mojave desert tortoise genetics can tell us about landscape connectivity. **Conservation Genetics**, 21, p. 289-303, 2020.

FAHRIG, L. Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, 34, n. 1, p. 487-515, 2003.

FAHRIG, L. Rethinking patch size and isolation effects: the habitat amount hypothesis. **Journal of Biogeography**, 40, n. 9, p. 1649-1663, 2013.

FERREIRA, M.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 1996.

FRANKHAM, R.; BRISCOE, D. A.; BALLOU, J. D. **Introduction to conservation genetics**. Cambridge university press, 2002. 0521639859.

GAGNAIRE, P. A. Comparative genomics approach to evolutionary process connectivity. **Evolutionary Applications**, 13, n. 6, p. 1320-1334, 2020.

GIBBS, J. P. Demography versus habitat fragmentation as determinants of genetic variation in wild populations. **Biological conservation**, 100, n. 1, p. 15-20, 2001.

GONÇALVES, E.; COUTO, C.; BARROS, S.; NEIVA, E. **Análises Estatísticas com JASP: Um Guia Introdutório**. 2023. 978-65-00-66981-7.

GUNST, R.F., AND MASON, R.L., **Análise de regressão and its applications. A Data-oriented Approach**. New York: Marcel Dekker, Inc., 1980.

HADDAWAY, N. R.; FEIERMAN, A.; GRAINGER, M. J.; GRAY, C. T. *et al.* EviAtlas: a tool for visualising evidence synthesis databases. **Environmental Evidence**, 8, n. 1, p. 1-10, 2019.

HOJAT, M.; XU, G. A visitor's guide to effect sizes–statistical significance versus practical (clinical) importance of research findings. **Advances in health sciences education**, 9, p. 241-249, 2004.

HORSKINS, K.; MATHER, P. B.; WILSON, J. C. Corridors and connectivity: when use and function do not equate. **Landscape ecology**, 21, p. 641-655, 2006.

JORDANO, P., GALETTI, M., PIZO, M.A. & SILVA, W.R.. Ligando frugivoria e dispersão de sementes à biologia da conservação. In Biologia da conservação: essências (C.F.D. Rocha, H.G. Bergallo & M.A.S. Alves, eds). Rima, São Carlos, p. 411-436, 2006

KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. B.; SOUZA, L. D. Conseqüências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série técnica IPEF**, 12, n. 32, p. 65-70, 1998.

KEYGHOBADI, N.; ROLAND, J.; STROBECK, C. Genetic differentiation and gene flow among populations of the alpine butterfly, Parnassius smintheus, vary with landscape connectivity. **Molecular Ecology**, 14, n. 7, p. 1897-1909, 2005.

KORICHEVA, J.; KULINSKAYA, E. Temporal instability of evidence base: a threat to policy making? **Trends in ecology & evolution**, 34, n. 10, p. 895-902, 2019.

LI, D.; CLEMENTS, C. F.; SHAN, I. L.; MEMMOTT, J. Corridor quality affects net movement, size of dispersers, and population growth in experimental microcosms. **Oecologia**, 195, p. 547-556, 2021.

LORENZI, H. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. **Plantarum**, 1, 1992.

MAHER, J. M.; MARKEY, J. C.; EBERT-MAY, D. The Other Half of the Story: Effect Size Analysis in Quantitative Research. **CBE—Life Sciences Education**, 12, n. 3, p. 345-351, 2013/09/01 2013.

MANEL, S.; SCHWARTZ, M. K.; LUIKART, G.; TABERLET, P. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. **Trends in ecology & evolution**, 18, n. 4, p. 189-197, 2003.

MICHAEL BORENSTEIN, L. V. H., JULIAN PT HIGGINS, HANNAH R. ROTHSTEIN. How a Meta-Analysis Works. *In*: **Introduction to Meta-Analysis**, 2009. p. 1-7.

MOORE, D.; NOTZ, W.; FLINGER, M. Scatterplots and Correlation. **The basic practice of statistics (6th ed.). New York, NY: WH Freeman and Company**, 2013.

NAIA, M.; BRITO, J. C. Dinâmica de metapopulações em regiões áridas. **Revista de Ciência Elementar**, 8, n. 4, 2020.

NAKAGAWA, S.; CUTHILL, I. C. Effect size, confidence interval and statistical significance: a practical guide for biologists. **Biological reviews**, 82, n. 4, p. 591-605, 2007.

O'DEA, R. E.; LAGISZ, M.; JENNIONS, M. D.; KORICHEVA, J. *et al.* Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses in ecology and evolutionary biology: a PRISMA extension. **Biological Reviews**, 96, n. 5, p. 1695-1722, 2021.

PHALAN, B. T. What Have We Learned from the Land Sparing-sharing Model? **Sustainability**, v.10, n. 6, DOI: 10.3390/su10061760.

ROSA, J. F.; RAMALHO, M.; ARIAS, M. C. Functional connectivity and genetic diversity of Eulaema atleticana (Apidae, Euglossina) in the Brazilian Atlantic Forest Corridor: assessment of gene flow. **Biotropica**, 48, n. 4, p. 509-517, 2016.

ROSENBERG, M. S.; ROTHSTEIN, H. R.; GUREVITCH, J. Effect sizes: conventional choices and calculations. **Handbook of meta-analysis in ecology and evolution**, 61, 2013.

SCHOBER, P.; BOER, C.; SCHWARTE, L. A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. **Anesthesia & analgesia**, 126, n. 5, p. 1763-1768, 2018.

SLATKIN, M. Detecting small amounts of gene flow from phylogenies of alleles. **Genetics**, 121, n. 3, p. 609-612, 1989.

STREATFEILD, C. A. **The effects of habitat fragmentation on the demography and population genetic structure of Uromys caudimaculatus**. 2009. -, Queensland University of Technology.

TABARELLI, M.; CARDOSO DA SILVA, J. M.; GASCON, C. Forest fragmentation, synergisms and the impoverishment of neotropical forests. **Biodiversity & Conservation**, 13, p. 1419-1425, 2004.

TAYLOR, P. D.; FAHRIG, L.; HENEIN, K.; MERRIAM, G. Connectivity is a vital element of landscape structure. **Oikos**, p. 571-573, 1993.

TOREZAN-SILINGARDI, H.; OLIVEIRA, P. Phenology and reproductive ecology of Myrcia rostrata and M. tomentosa (Myrtaceae) in central Brazil. **Phyton**, 44, p. 23-43, 07/09 2004.

VETTER, D.; RÜCKER, G.; STORCH, I. Meta-analysis: A need for well-defined usage in ecology and conservation biology. **Ecosphere**, 4, n. 6, p. art74, 2013.

WEAVER, R. J.; SANTOS, E. S.; TUCKER, A. M.; WILSON, A. E. *et al.* Carotenoid metabolism strengthens the link between feather coloration and individual quality. **Nature communications**, 9, n. 1, p. 73, 2018.

WOODRUFF, D. S. Populations, species, and conservation genetics. **Encyclopedia of biodiversity**, p. 811, 2001.

WRIGHT, S. THE INTERPRETATION OF POPULATION STRUCTURE BY F-STATISTICS WITH SPECIAL REGARD TO SYSTEMS OF MATING. **Evolution**, 19, n. 3, p. 395-420, 1965.

ZELLER, K. A.; LEWISON, R.; FLETCHER JR, R. J.; TULBURE, M. G. *et al.* Understanding the importance of dynamic landscape connectivity. **Land**, 9, n. 9, p. 303, 2020.

ANEXO 1

DADOS EXTRAÍDOS DOS ARTIGOS SELECIONADOS PARA META ANÁLISE

ADAMS, Rachael V.; BURG, Theresa M, 2015.

Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distâancia
Vertebrado	Sim	NSK-BUC	0.031	7.81451613	91.722,97
Vertebrado	Sim	IN- BUC	0.052	4.55769231	112.041,09
Vertebrado	Sim	RD1- BUC	0.029	8.37068966	92.494,75
Vertebrado	Sim	RD2- BUC	0.028	8.67857143	122.417
Vertebrado	Sim	DR- BUC	0.042	5.70238095	211.771,68
Vertebrado	Sim	BO- BUC	0.035	6.89285714	253.592,58
Vertebrado	Sim	SB2- BUC	0.026	9.36538462	437.293,17
Vertebrado	Sim	DY-BUC	0.027	9.00925926	412.096,58
Vertebrado	Sim	SB1- BUC	0.026	9.36538462	400.886,34
Vertebrado	Sim	CR- BUC	0.028	8.67857143	379.444,5
Vertebrado	Sim	OM- BUC	0.039	6.16025641	386.234,02
Vertebrado	Sim	FO- BUC	0.035	6.89285714	369.337,73
Vertebrado	Sim	LE- BUC	0.035	6.89285714	382.110,43
Vertebrado	Sim	SSK- BUC	0.039	6.16025641	321.644,26
Vertebrado	Sim	IN- NSK	0.029	8.37068966	164.281,26
Vertebrado	Sim	RD1- NSK	0.015	16.4166667	133.355,61
Vertebrado	Sim	RD2- NSK	0.022	11.1136364	132.149,5
Vertebrado	Sim	BO-NKS	0.012	20.5833333	292.794,6
Vertebrado	Sim	SB2- NSK	0.012	20.5833333	486.229,66
Vertebrado	Sim	DY-NYS	0.017	14.4558824	470.828,31
Vertebrado	Sim	SB1- NSK	0.017	14.4558824	458.040,85
Vertebrado	Sim	CR- NSK	0.02	12.25	441.178,06
Vertebrado	Sim	OM- NSK	0.036	6.69444444	436.402,28
Vertebrado	Sim	FO- NSK	0.023	10.6195652	415.161,00
Vertebrado	Sim	LE- NSK	0.017	14.4558824	427.142,55
Vertebrado	Sim	SSK- NSK	0.03	8.08333333	426.660,19
Vertebrado	Sim	RD1-IN	0.027	9.00925926	32.962,22
Vertebrado	Sim	RD2-IN	0.029	8.37068966	66.274,27
Vertebrado	Sim	DR-IN	0.032	7.5625	107.930,82
Vertebrado	Sim	BO- IN	0.033	7.32575758	139.608,26
Vertebrado	Sim	SB2-IN	0.031	7.81451613	329.254,65
Vertebrado	Sim	DY-IN	0.034	7.10294118	306.362,96
Vertebrado	Sim	SB1-IN	0.03	8.08333333	295.032,23
Vertebrado	Sim	CR-IN	0.028	8.67857143	275.300,59
Vertebrado	Sim	OM-IN	0.049	4.85204082	278.439,73
Vertebrado	Sim	FO-IN	0.046	5.18478261	258.235,6
Vertebrado	Sim	LE-IN	0.04	6	270.731,9

Vertebrado	Sim	SSK-IN	0.039	6.16025641	322.303,59
Vertebrado	Sim	RD2-RD1	0.017	14.4558824	45.150,52
Vertebrado	Sim	DR-RD1	0.023	10.6195652	119.977
Vertebrado	Sim	BO-RD1	0.014	17.6071429	164.722,97
Vertebrado	Sim	SB2-RD1	0.011	22.4772727	360.365,38
Vertebrado	Sim	DY-RD1	0.015	16.4166667	335.992,46
Vertebrado	Sim	SB1-RD1	0.01	24.75	326.290,97
Vertebrado	Sim	CR-RD1	0.017	14.4558824	308.584,01
Vertebrado	Sim	OM-RD1	0.033	7.32575758	307.428,38
Vertebrado	Sim	FO-RD1	0.02	12.25	287.451,38
Vertebrado	Sim	LE-RD1	0.015	16.4166667	299.363,92
Vertebrado	Sim	SSK-RD1	0.027	9.00925926	334.894,11
Vertebrado	Sim	DR-RD2	0.024	10.1666667	101.267,45
Vertebrado	Sim	BO-RD2	0.023	10.6195652	170.738,66
Vertebrado	Sim	SB2-RD2	0.016	15.375	373.630,33
Vertebrado	Sim	DY-RD2	0.016	15.375	350.744,79
Vertebrado	Sim	SB1-RD2	0.016	15.375	341.171,41
Vertebrado	Sim	CR-RB2	0.01	24.75	320.544,54
Vertebrado	Sim	OM-RD2	0.026	9.36538462	311.261,14
Vertebrado	Sim	FO-RD2	0.024	10.1666667	293.060,82
Vertebrado	Sim	LE-RD2	0.023	10.6195652	297.025,69
Vertebrado	Sim	SSK-RD2	0.022	11.1136364	313.546,62
Vertebrado	Sim	BO- DR	0.025	9.75	84.579,3
Vertebrado	Sim	SB2-DR	0.025	9.75	277.426,41
Vertebrado	Sim	DY-DR	0.026	9.36538462	258.258,09
Vertebrado	Sim	SB1-DR	0.027	9.00925926	257.070,58
Vertebrado	Sim	CR-DR	0.022	11.1136364	235.006,83
Vertebrado	Sim	OM-DR	0.041	5.84756098	221.830,16
Vertebrado	Sim	FO-DR	0.042	5.70238095	196.266,48
Vertebrado	Sim	LE-DR	0.032	7.5625	195.414,93
Vertebrado	Sim	SSK-DR	0.037	6.50675676	214.702,69
Vertebrado	Sim	SB2-BO	0.013	18.9807692	196.452,22
Vertebrado	Sim	DY-BO	0.021	11.6547619	177.979,04
Vertebrado	Sim	SB1-BO	0.017	14.4558824	174.544,54
Vertebrado	Sim	CR-BO	0.021	11.6547619	151.497,23
Vertebrado	Sim	OM-BO	0.043	5.56395349	144.087,23
Vertebrado	Sim	FO-BO	0.028	8.67857143	123.170,46
Vertebrado	Sim	LE-BO	0.018	13.6388889	130.499,36
Vertebrado	Sim	SSK-BO	0.034	7.10294118	214.256
Vertebrado	Sim	DY-SB2	0.01	24.75	27.524,79
Vertebrado	Sim	SB1-SB2	0.007	35.4642857	49.168,51
Vertebrado	Sim	CR-SB2	0.014	17.6071429	61.939,06
Vertebrado	Sim	OM-SB2	0.035	6.89285714	53.048,37
Vertebrado	Sim	FO-SB2	0.012	20.5833333	79.237,93

Vertebrado	Sim	LE-SB2	0.015	16.4166667	99.354,85
Vertebrado	Sim	SSK-SB2	0.024	10.1666667	254.649,13
Vertebrado	Sim	SB1-DY	0.014	17.6071429	25.573,45
Vertebrado	Sim	CR-DY	0.014	17.6071429	33.689,27
Vertebrado	Sim	OM-DY	0.03	8.08333333	32.582,22
Vertebrado	Sim	FO-DY	0.019	12.9078947	66.195,68
Vertebrado	Sim	LE-DY	0.021	11.6547619	94.974,92
Vertebrado	Sim	SSK-DY	0.025	9.75	257.770,21
Vertebrado	Sim	CR-SB1	0.017	14.4558824	21.779,17
Vertebrado	Sim	OM-SB1	0.036	6.69444444	41.402,58
Vertebrado	Sim	FO-SB1	0.018	13.6388889	76.857,31
Vertebrado	Sim	LE-SB1	0.014	17.6071429	111.795,04
Vertebrado	Sim	SSK-SB1	0.026	9.36538462	273.811,83
Vertebrado	Sim	OM-CR	0.028	8.67857143	29.290,19
Vertebrado	Sim	FO-CR	0.025	9.75	62.070,76
Vertebrado	Sim	LE-CR	0.024	10.1666667	99.706,61
Vertebrado	Sim	SSK-CR	0.023	10.6195652	262.138,62
Vertebrado	Sim	FO-OM	0.036	6.69444444	37.073,14
Vertebrado	Sim	LE-OM	0.034	7.10294118	71.345,25
Vertebrado	Sim	SSK-OM	0.035	6.89285714	233.483,1
Vertebrado	Sim	LE-FO	0.021	11.6547619	38.185,66
Vertebrado	Sim	SSK-FO	0.036	6.69444444	198.634,75
Vertebrado	Sim	SSK-LE	0.032	7.5625	161.615,15
Vertebrado	Sim	DR-NSK	0.024	10.1666667	233.764,82

BRANDÃO, Murilo Malveira et al, 2015.

Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Planta	Sim	F1-F2		5.07	748,9
Planta	Sim	F1-F3		4.15	781,34
Planta	Sim	F1-F4		7.42	1.128,89
Planta	Sim	F1-F5		11.04	642,38
Planta	Sim	F1- C1		2.45	390,02
Planta	Sim	F1- C2		2.86	553,4
Planta	Sim	F1- C3		3.11	845,54
Planta	Sim	F1- C4		4.64	955,13
Planta	Sim	F2-F3		9.43	906,26
Planta	Sim	F2-F4		9.71	1.582,12
Planta	Sim	F2-F5		4.56	1.380,68
Planta	Sim	F2-C1		2.64	392,87
Planta	Sim	F2-C2		3.69	438,63
Planta	Sim	F2-C3		3.6	1.349,96
Planta	Sim	F2-C4		5.21	1.602,57
Planta	Sim	F3-F4		7.63	737,93
Planta	Sim	F3-F5		3.62	1.141,4
Planta	Sim	F3-C1		1.84	876,5

Planta	Sim	F3-C2		2.6	476,9
Planta	Sim	F3-C3		2.9	604,49
Planta	Sim	F3-C4		4.38	995,74
Planta	Sim	F4-F5		7.35	1.041,63
Planta	Sim	F4-C1		2.69	1.407,48
Planta	Sim	F4-C2		3.65	1.135,13
Planta	Sim	F4-C3		3.77	279,15
Planta	Sim	F4-C4		6.06	545,73
Planta	Sim	F5-C1		2	1.015,63
Planta	Sim	F5-C2		2.9	1.129,59
Planta	Sim	F5-C4		5.31	800,86
Planta	Sim	F5-C3		3.08	800,86
MANOEL, Ricardo O. et al, 2012.					
Planta	Não	CL		1.39473684	1.200,00
MARTINS, Karina et al, 2016.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Planta	Sim	A-B	0.167	1.24700599	1.063,29
Planta	Sim	A-C	0.26	0.71153846	1.368,02
Planta	Sim	A-D	0.11	2.02272727	1.824,3
Planta	Sim	A-E	0.22	0.88636364	1.789,15
Planta	Sim	B-C	0.26	0.71153846	383,92
Planta	Sim	B-D	0.1985	1.00944584	909,37
Planta	Sim	B-E	0.244	0.77459016	739,17
Planta	Sim	C-D	0.107	2.0864486	522,55
Planta	Sim	C-E	0.163	1.28374233	588,38
Planta	Sim	D-E	0.102	2.20098039	787,21
HORSKINS, Kerrilee; MATHER, Peter B.; WILSON, John C, 2006.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Sim	Connected R all/ Conenected M all	0.03	8.08333333	1.122,07
Vertebrado	Sim	Connected R all/Isolate B	0.05	4.75	8.905,1
Vertebrado	Sim	Connected R all/Isolate L	0.07	3.32142857	6.805,98
Vertebrado	Sim	Connected R all/Isolate W	0.05	4.75	6.885,53
Vertebrado	Sim	Continuous 1/ Continuous 2	0.01	24.75	13.410,41
Vertebrado	Sim	Continuous 3/ Continuous 4	0.02	12.25	12.717,44
EPPS, Clinton W.; CROWHURST, Rachel S.; NICKERSON, Brandon S, 2018.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Não	CL-GR	0.08	2.875	29.362,9
Vertebrado	Não	CL-PR	0.1	2.25	23.783,78
Vertebrado	Não	KD-NE	0.19	1.06578947	33.942,39
Vertebrado	Não	KD-SB	0.11	2.02272727	61.914,18
Vertebrado	Não	MA-GR	0.105	2.13095238	21.034,1
Vertebrado	Não	MA-NB	0.11	2.02272727	21.034,1
Vertebrado	Não	MA-PR	0.1	2.25	30.227,11
Vertebrado	Não	SB-GR	0.1	2.25	22.020,73

Vertebrado	Não	SB-NB	0.15	1.41666667	31.578,5
Vertebrado	Não	CL-GR	0.07	3.32142857	29.362,9
Vertebrado	Não	CL-PR	0.11	2.02272727	23.783,78
Vertebrado	Não	KD-NE	0.22	0.88636364	33.942,39
Vertebrado	Não	KD-SB	0.13	1.67307692	61.914,18
Vertebrado	Não	MA-GR	0.042	5.70238095	21.034,1
Vertebrado	Não	MA-NB	0.09	2.52777778	21.034,1
Vertebrado	Não	MA-PR	0.09	2.52777778	30.227,11
Vertebrado	Não	SB-GR	0.08	2.875	22.020,73
Vertebrado	Não	SB-NB	0.1	2.25	31.578,5
SAEKI, Ikuyo et al, 2018.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Planta	Não	Rankoshi- Nesshikoshi	0.24	0.79166667	8.460
Planta	Não	Rankoshi- Bibi	0.2	1	10.800
Planta	Não	Rankoshi- Baro	0.24	0.79166667	44.200
Planta	Não	Nesshikoshi- BiBi	0.04	6	8.360
Planta	Não	Nesshikoshi- Kyouwa	0.04	6	8.470
Planta	Não	Baro- Bibi	0.2	1	35.000
Planta	Não	Baro- Hobertsuhiraoka	0.17	1.22058824	23.500
Planta	Não	Baro- Kuratomizawa	0.16	1.3125	12.800
Planta	Não	Baro- Oiwake	0.1	2.25	39.200
Planta	Não	Baro- Nioi	0.13	1.67307692	16.600
Planta	Não	Bibi- Kyouwa	0.04	6	10.200
Planta	Não	Bibi- Oiwake	0.05	4.75	10.700
Planta	Não	Oiwake- Kyouwa	0.04	6	4.280
Planta	Não	Oiwake-Hobertsuhiraoka	0.08	2.875	33.800
Planta	Não	Hobertsuhiraoka- Toyonukabashi	0.04	6	18.900
Planta	Não	Hobertsuhiraoka- Nioi	0.05	4.75	82.900
Planta	Não	Toyonukabashi- Nioi	0.04	6	16.400
Planta	Não	Toyonukabashi-Shizunai-North	0.04	6	28.300
Planta	Não	Toyonukabashi- Biu	0.04	6	23.600
Planta	Não	Nioi- biu	0.04	6	41.800
Planta	Não	Nioi- Kuratomizawa	0.12	1.83333333	16.200
Planta	Não	Kuratomizawa- Shizunai-South	0.04	6	77.500
Planta	Não	Kuratomizawa - Biu	0.04	6	48.400
Planta	Não	Shizunai-North - Biu	0.04	6	12.600
Planta	Não	Shizunai-South - Biu	0.04	6	13.100
Planta	Não	Shizunai-North- Shizunai-South	0.04	6	3.530
HMELJEVSKI, Karina Vanessa; DOS REIS, Maurício Sedrez; FORZZA, Rafaela Campostrini, 2015.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Planta	Não	GT-CC	0.499	0.251002	197000
Planta	Não	GT-EC	0.765	0.07679739	202000
Planta	Não	GT-AD	0.459	0.29466231	256000

Planta	Não	GT-VP	0.409	0.36124694	244000
Planta	Não	GT-PA	0.495	0.25505051	316000
Planta	Não	GT-CO	0.615	0.15650407	341000
Planta	Não	GT-MA	0.751	0.08288948	467000
Planta	Não	GT-UM	0.436	0.3233945	416000
Planta	Não	GT-VV	0.652	0.13343558	422000
Planta	Não	GT-CA	0.847	0.04515939	558000
Planta	Não	CC-EC	0.52	0.23076923	54000
Planta	Não	CC-AD	0.244	0.77	79000
Planta	Não	CC-VP	0.185	1.10135135	100000
Planta	Não	CC-PA	0.261	0.70785441	156000
Planta	Não	CC-CO	0.292	0.60616438	197000
Planta	Não	CC-MA	0.5	0.25	270000
Planta	Não	CC-UM	0.266	0.68984962	236000
Planta	Não	CC-VV	0.446	0.31053812	286000
Planta	Não	CC-CA	0.623	0.15128411	390000
Planta	Não	EC-AD	0.524	0.23	55000
Planta	Não	EC-VP	0.476	0.28	51000
Planta	Não	EC-PA	0.538	0.21468401	119000
Planta	Não	EC-CO	0.68	0.11764706	154000
Planta	Não	EC-MA	0.742	0.08692722	275000
Planta	Não	EC-UM	0.537	0.21554935	215000
Planta	Não	EC-VV	0.714	0.10014006	243000
Planta	Não	EC-CA	0.895	0.02932961	361000
Planta	Não	AD-VP	0.133	1.62969925	43000
Planta	Não	AD-PA	0.207	0.96	77000
Planta	Não	AD-CO	0.345	0.47463768	120000
Planta	Não	AD-MA	0.505	0.2450495	222000
Planta	Não	AD-UM	0.189	1.07275132	162000
Planta	Não	AD-VV	0.4	0.375	209000
Planta	Não	AD-CA	0.593	0.17158516	313000
Planta	Não	VP-PA	0.168	1.23809524	71000
Planta	Não	VP-CO	0.331	0.51	103000
Planta	Não	VP-MA	0.448	0.30803571	255000
Planta	Não	VP-UM	0.167	1.24700599	175000
Planta	Não	VP-VV	0.352	0.46022727	191000
Planta	Não	VP-CA	0.543	0.21040516	314000
Planta	Não	PA-CO	0.317	0.53864353	46000
Planta	Não	PA-MA	0.518	0.23	208000
Planta	Não	PA-UM	0.206	0.96359223	107000
Planta	Não	PA-VV	0.428	0.33411215	132000
Planta	Não	PA-CA	0.603	0.1645937	243000
Planta	Não	CO-MA	0.663	0.12707391	231000
Planta	Não	CO-UM	0.367	0.43	110000

Planta	Não	CO-VV	0.582	0.17955326	89000
Planta	Não	CO-CA	0.759	0.07938076	219000
Planta	Não	MA-UM	0.511	0.23923679	131000
Planta	Não	MA-VV	0.594	0.17	262000
Planta	Não	MA-CA	0.87	0.03735632	231000
Planta	Não	UM-VV	0.398	0.3781407	131000
Planta	Não	UM-CA	0.536	0.22	157000
Planta	Não	VV-CA	0.68	0.11764706	159000
KEYGHOBADI, Nusha; ROLAND, J. E. N. S.; STROBECK, Curtis, 2005.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Invertebrado	Não	East	0.038	6.32894737	49.844,39
Invertebrado	Não	Banff	0.011	22.4772727	68.454,63
Invertebrado	Não	West	0.0016	156	23.334,01
STEVENS, Virginie M. et al, 2006.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Não	MER-ROM		0.84	6.292,64
Vertebrado	Não	MER-FLC		0.23	13.173,81
Vertebrado	Não	MER-MAR		0.25	11.151,5
Vertebrado	Não	ROM-MER		0.88	6.292,64
Vertebrado	Não	ROM-MAR		0.33	11.151,5
Vertebrado	Não	ROM- FLC		0.15	13.173,81
Vertebrado	Não	FLC-MER		0.23	13.173,81
Vertebrado	Não	FLC-MAR		0.47	2.114,71
Vertebrado	Não	FLC-ROM		0.1	17.149,55
Vertebrado	Não	MAR-FLC		0.06	2.114,71
Vertebrado	Não	MAR-ROM		0.34	15.255,42
Vertebrado	Não	MAR-MER		0.03	11.151,5
SUNNY, Armando et al, 2022.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Aman B	-0.021	-12.1547619	44100
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Aman A	0.03	8.08333333	712000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Cerretera	0.027	9.00925926	1693000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- MV	0.0118	20.9364407	1389000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Aman C	0.052	4.55769231	1108000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Raices	0.113	1.96238938	1795000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Santa Cruz	-0.031	-8.31451613	3255000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Riacho V	0.051	4.65196078	1954000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Palo Seco	0.12	1.83333333	2848000
Vertebrado	Não	Agua Bendita- Las Lagrimas	0.006	41.4166667	2771000
Vertebrado	Não	Aman B- Aman A	0.06	3.91666667	272000
Vertebrado	Não	Aman B- Cerretera	0.048	4.95833333	1546000
Vertebrado	Não	Aman B- MV	0.144	1.48611111	1095000

Vertebrado	Não	Aman B- Aman C	0.061	3.84836066	686000
Vertebrado	Não	Aman B- Raices	0.15	1.41666667	15611000
Vertebrado	Não	Aman B- Santa Cruz	-0.003	-83.5833333	3058000
Vertebrado	Não	Aman B- Riacho V	0.067	3.48134328	1552000
Vertebrado	Não	Aman B- Palo Seco	0.135	1.60185185	2509000
Vertebrado	Não	Aman B- Las Lagrimas	0.045	5.30555556	238000
Vertebrado	Não	Aman A- Cerretera	0.011	22.4772727	1544000
Vertebrado	Não	Aman A- MV	0.022	11.1136364	10000
Vertebrado	Não	Aman A- Aman C	0.026	9.36538462	463000
Vertebrado	Não	Aman A- Raices	0.0196	12.505102	1494000
Vertebrado	Não	Aman A- Santa Cruz	0.038	6.32894737	2991000
Vertebrado	Não	Aman A- Riacho V	0.01	24.75	1335000
Vertebrado	Não	Aman A- Palo Seco	0.085	2.69117647	234000
Vertebrado	Não	Aman A- Las Lagrimas	0.042	5.70238095	2166000
Vertebrado	Não	Cerretera- MV	0.057	4.13596491	666000
Vertebrado	Não	Cerretera- Aman C	0.011	22.4772727	1301000
Vertebrado	Não	Cerretera- Raices	0.166	1.2560241	366000
Vertebrado	Não	Cerretera- Santa Cruz	0.026	9.36538462	1568000
Vertebrado	Não	Cerretera- Riacho V	0.005	49.75	793000
Vertebrado	Não	Cerretera- Palo Seco	0.022	11.1136364	1531000
Vertebrado	Não	Cerretera- Las Lagrimas	0.052	4.55769231	1772000
Vertebrado	Não	MV- Aman C	0.024	10.1666667	661000
Vertebrado	Não	MV- Raices	0.303	0.57508251	502000
Vertebrado	Não	MV- Santa Cruz	0.117	1.88675214	1991000
Vertebrado	Não	MV- Riacho V	0.009	27.5277778	793000
Vertebrado	Não	MV- Palo Seco	0.111	2.00225225	1466000
Vertebrado	Não	MV- Las Lagrimas	0.0135	18.2685185	1482000
Vertebrado	Não	Aman C- Raices	0.24	0.79166667	1158000
Vertebrado	Não	Aman C- Santa Cruz	0.049	4.85204082	2622000
Vertebrado	Não	Aman C- Riacho V	-0.01	-25.25	873000
Vertebrado	Não	Aman C- Palo Seco	0.063	3.71825397	1887000
Vertebrado	Não	Aman C- Las Lagrimas	0.1	2.25	1704000
Vertebrado	Não	Raices- Santa Cruz	0.133	1.62969925	15000
Vertebrado	Não	Raices- Riacho V	0.24	0.79166667	988000
Vertebrado	Não	Raices- Palo Seco	0.238	0.80042017	1205000
Vertebrado	Não	Raices- Las Lagrimas	0.049	4.85204082	1409000
Vertebrado	Não	Santa Cruz- Riacho V	0.049	4.85204082	2104000
Vertebrado	Não	Santa Cruz- Palo Seco	0.088	2.59090909	1281000
Vertebrado	Não	Santa Cruz- Las Lagrimas	0.014	17.6071429	1843000
Vertebrado	Não	Riacho V- Palo Seco	0.059	3.98728814	1092000
Vertebrado	Não	Riacho V- Las Lagrimas	0.091	2.49725275	832000
Vertebrado	Não	Palo Seco- Las Lagrimas	0.105	2.13095238	565000

DUTCHER, Kirsten E. et al, 2020.

Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Sim	MV-SL	0.013	18.9807692	41.206,29
Vertebrado	Sim	MV-IN	0.028	8.67857143	47.290,06
Vertebrado	Sim	MV-IS	0.032	7.5625	52.114,77
Vertebrado	Sim	MV-SP	0.035	6.89285714	58.349,87
Vertebrado	Sim	MV-NI	0.036	6.69444444	66.654,89
Vertebrado	Sim	MV-SS	0.028	8.67857143	45.610,88
Vertebrado	Sim	MV-SH	0.025	9.75	46.438,82
Vertebrado	Sim	MV-MC	0.033	7.32575758	70.896,93
Vertebrado	Sim	MV-EV	0.04	6	73.613,46
Vertebrado	Sim	MV-PV	0.037	6.50675676	91.266,88
Vertebrado	Sim	SL-IN	0.011	22.4772727	11.327,24
Vertebrado	Sim	SL-IS	0.028	8.67857143	15.886,13
Vertebrado	Sim	SL-SP	0.021	11.6547619	19.462,01
Vertebrado	Sim	SL-NI	0.016	15.375	25.649,19
Vertebrado	Sim	SL-SS	0.012	20.5833333	40.553,03
Vertebrado	Sim	SL-SH	0.022	10.1666667	17.095,18
Vertebrado	Sim	SL-MC	0.024	10.1666667	41.860,82
Vertebrado	Sim	SL-EV	0.03	8.08333333	43.920,46
Vertebrado	Sim	SL-PV	0.025	9.75	50.648,32
Vertebrado	Sim	IN-IS	0.018	13.6388889	5.339,28
Vertebrado	Sim	IN-SP	0.007	35.4642857	11.551,99
Vertebrado	Sim	IN-NI	0.012	20.5833333	20.915,94
Vertebrado	Sim	IN-SS	0.003	83.0833333	51.609,27
Vertebrado	Sim	IN-SH	0.019	12.9078947	27.794,36
Vertebrado	Sim	IN-MC	0.025	9.75	50.116,45
Vertebrado	Sim	IN-EV	0.027	9.00925926	51.711,19
Vertebrado	Sim	IN-PV	0.027	9.00925926	50.825,33
Vertebrado	Sim	IS-SP	0.024	10.1666667	7.013,66
Vertebrado	Sim	IS-NI	0.017	14.4558824	17.620,5
Vertebrado	Sim	IS-SS	0.018	13.6388889	56.475,99
Vertebrado	Sim	IS-SH	0.028	8.67857143	31.718,79
Vertebrado	Sim	IS-MC	0.027	9.00925926	51.877,58
Vertebrado	Sim	IS-EV	0.041	5.84756098	53.126,55
Vertebrado	Sim	IS-PV	0.039	6.16025641	48.806,9
Vertebrado	Sim	SP-NI	0.013	18.9807692	10.719,44
Vertebrado	Sim	SP-SS	0.014	17.6071429	57.915,16
Vertebrado	Sim	SP-SH	0.029	8.37068966	31.848,19
Vertebrado	Sim	SP-MC	0.027	9.00925926	48.752,63
Vertebrado	Sim	SP-EV	0.033	7.32575758	50.220,18
Vertebrado	Sim	SP-PV	0.033	7.32575758	42.077,73
Vertebrado	Sim	NI-SS	0.015	16.4166667	59.003,89
Vertebrado	Sim	NI-SH	0.025	9.75	32.810,82
Vertebrado	Sim	NI-MC	0.025	9.75	43.804,51

Vertebrado	Sim	NI-EV	0.034	7.10294118	44.071,28
Vertebrado	Sim	NI-PV	0.027	9.00925926	31.396,38
Vertebrado	Sim	SS-SH	0.017	14.4558824	26.235,29
Vertebrado	Sim	SS-MC	0.023	10.6195652	33.281,71
Vertebrado	Sim	SS-EV	0.022	11.1136364	36.495,47
Vertebrado	Sim	SS-PV	0.021	11.6547619	67.604,32
Vertebrado	Sim	SH-MC	0.028	8.67857143	26.454,46
Vertebrado	Sim	SH-EV	0.035	6.89285714	28.825,13
Vertebrado	Sim	SH-PV	0.033	7.32575758	46.875,2
Vertebrado	Sim	MC-EV	0.033	7.32575758	2.947,49
Vertebrado	Sim	MC-PV	0.035	6.89285714	37.952,88
Vertebrado	Sim	EV-PV	0.019	12.9078947	36.879,13

SANTOS, Alesandro S. et al, 2016.

Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Planta	Não	28-19	0.045	5.30555556	13.645,44
Planta	Não	34-19	0.043	5.56395349	29.091,55
Planta	Não	43-19	0.04	6	54.725,64
Planta	Não	51-19	0.027	9.00925926	52.539,71
Planta	Não	59-19	0.025	9.75	58.087,38
Planta	Não	64-19	0.025	9.75	30.012,7
Planta	Não	70-19	0.029	8.37068966	26.605,51
Planta	Não	83-19	0.044	5.43181818	57.632,7
Planta	Não	34-28	0.041	5.84756098	15.873,65
Planta	Não	43-28	0.053	4.46698113	63.377,82
Planta	Não	51-28	0.056	4.21428571	61.350,52
Planta	Não	59-28	0.043	5.56395349	68.185,99
Planta	Não	64-28	0.043	5.56395349	17.520,82
Planta	Não	70-28	0.049	4.85204082	14.815,43
Planta	Não	83-28	0.067	3.48134328	65.012,02
Planta	Não	43-34	0.034	7.10294118	78.343,91
Planta	Não	51-34	0.042	5.70238095	76.368,6
Planta	Não	59-34	0.02	12.25	83.761,68
Planta	Não	64-34	0.03	8.08333333	15.762,66
Planta	Não	70-34	0.03	8.08333333	15.197,7
Planta	Não	83-34	0.035	6.89285714	78.809,53
Planta	Não	51-43	0.024	10.1666667	2.156,67
Planta	Não	59-43	0.026	9.36538462	9.085,57
Planta	Não	64-43	0.043	5.56395349	68.758,07
Planta	Não	70-43	0.041	5.84756098	66.775,37
Planta	Não	83-43	0.023	10.6195652	68.556,66
Planta	Não	59-51	0.024	10.1666667	9.089,28
Planta	Não	64-51	0.043	5.56395349	67.213,58
Planta	Não	70-51	0.044	5.43181818	64.963,22
Planta	Não	83-51	0.036	6.69444444	9.109,51

Planta	Não	64-59	0.026	9.36538462	75.617,53
Planta	Não	70-59	0.029	8.37068966	73.302,66
Planta	Não	83-59	0.025	9.75	15.486,08
Planta	Não	70-64	0.007	35.4642857	3.117,15
Planta	Não	83-64	0.04	6	68.556,66
Planta	Não	83-70	0.037	6.50675676	66.708,89
BEN ABDELKRIM, Ahmed et al, 2017.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Invertebrado	Não	North- Extreme North	0.2388	0.79707656	560.031,41
Invertebrado	Não	Sahel- Extreme North	0.895	0.02932961	193.800,14
Invertebrado	Não	North eastern- Extreme North	0.5773	0.18305041	96.932,36
Invertebrado	Não	South- Extreme North	0.2861	0.62375926	472.999,16
Invertebrado	Não	Sahel- North	0.8695	0.0375381	604.295,21
Invertebrado	Não	North eastern- North	0.5801	0.18096018	565.107,4
Invertebrado	Não	South- North	0.3199	0.53149422	417.152,08
Invertebrado	Não	North eastern- Sahel	0.2739	0.6627752	83.116,31
Invertebrado	Não	South- Sahel	53527	-0.24999533	365.104,54
REYNE, Marina I. et al, 2023.					
Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Não	South- North eastern	0.1708	1.21370023	397.497,06
Vertebrado	Não	Quarry - Glenbeigh	0.031	7.81451613	2520
Vertebrado	Não	DGC- Glenbeigh	0.038	6.32894737	6000
Vertebrado	Não	Dooks- Glenbeigh	0.023	10.6195652	6560
Vertebrado	Não	Namnrackdarrig- Glenbeigh	0.02	12.25	5420
Vertebrado	Não	Yganavan- Glenbeigh	0.038	6.32894737	6960
Vertebrado	Não	Inch- Glenbeigh	0.04	6	39680
Vertebrado	Não	Roscullen- Glenbeigh	0.065	3.59615385	25460
Vertebrado	Não	Killeen- Glenbeigh	0.068	3.42647059	23960
Vertebrado	Não	CGC- Glenbeigh	0.082	2.79878049	48900
Vertebrado	Não	Lough Gill- Glenbeigh	0.102	2.20098039	48280
Vertebrado	Não	Magharres- Glenbeigh	0.11	2.02272727	48560
Vertebrado	Não	DGC- Quarry	0.037	6.50675676	2970
Vertebrado	Não	Dooks- Quarry	0.037	6.50675676	3570
Vertebrado	Não	Namnrackdarrig-Quarry	0.033	7.32575758	2900
Vertebrado	Não	Yganavan- Quarry	0.029	8.37068966	4440
Vertebrado	Não	Inch- Quarry	0.025	9.75	37610
Vertebrado	Não	Roscullen-Quarry	0.051	4.65196078	3570
Vertebrado	Não	Killeen-Quarry	0.041	5.84756098	26440
Vertebrado	Não	CGC-Quarry	0.053	4.46698113	49690
Vertebrado	Não	Lough Gill-Quarry	0.074	3.12837838	49990
Vertebrado	Não	Magharres-Quarry	0.071	3.27112676	5070
Vertebrado	Não	Dooks-DGC	0.26	0.71153846	790
Vertebrado	Não	Namnrackdarrig- DGC	0.024	10.1666667	2020

Vertebrado	Não	Yganavan- DGC	0.037	6.50675676	2650
Vertebrado	Não	Inch- DGC	0.034	7.10294118	34690
Vertebrado	Não	Roscullen- DGC	0.066	3.53787879	24500
Vertebrado	Não	Killeen- DGC	0.076	3.03947368	25900
Vertebrado	Não	CGC- DGC	0.084	2.72619048	45060
Vertebrado	Não	Lough Gill- DGC	0.097	2.32731959	44920
Vertebrado	Não	Magharres- DGC	0.121	1.8161157	45010
Vertebrado	Não	Namnrackdarrig- Dooks	0.027	9.00925926	2000
Vertebrado	Não	Yganavan-Dooks	0.023	10.6195652	1860
Vertebrado	Não	Inch-Dooks	0.039	6.16025641	33900
Vertebrado	Não	Roscullen-Dooks	0.05	4.75	21080
Vertebrado	Não	Killeen-Dooks	0.073	3.17465753	221400
Vertebrado	Não	CGC-Dooks	0.09	2.52777778	44640
Vertebrado	Não	Lough Gill-Dooks	0.109	2.04357798	44410
Vertebrado	Não	Magharres-Dooks	0.2	1	44680
Vertebrado	Não	Yganavan-Namnrackdarrig	0.02	12.25	15140
Vertebrado	Não	Inch-Namnrackdarrig	0.029	8.37068966	33430
Vertebrado	Não	Roscullen-Namnrackdarrig	0.048	4.95833333	23520
Vertebrado	Não	Killeen-Namnrackdarrig	0.055	4.29545455	25120
Vertebrado	Não	CGC-Namnrackdarrig	0.067	3.48134328	44580
Vertebrado	Não	Lough Gill-Namnrackdarrig	0.09	2.52777778	44080
Vertebrado	Não	Magharres-Namnrackdarrig	0.105	2.13095238	44460
Vertebrado	Não	Inch-Yganavan	0.022	11.1136364	31860
Vertebrado	Não	Roscullen-Yganavan	0.039	6.16025641	20090
Vertebrado	Não	Killeen-Yganavan	0.039	6.16025641	21430
Vertebrado	Não	CGC-Yganavan	0.048	4.95833333	40870
Vertebrado	Não	Lough Gill-Yganavan	0.074	3.12837838	40910
Vertebrado	Não	Magharres- Yganavan	0.081	2.83641975	40850
Vertebrado	Não	Rosculle- Inch	0.029	8.37068966	13420
Vertebrado	Não	Killeen-Inch	0.043	5.56395349	11940
Vertebrado	Não	CGC-Inch	0.067	3.48134328	15470
Vertebrado	Não	Lough Gill-Inch	0.086	2.65697674	15640
Vertebrado	Não	Magharres-Inch	0.093	2.43817204	16060
Vertebrado	Não	Killeen-Roscullen	0.034	7.10294118	1500
Vertebrado	Não	CGC-Roscullen	0.067	3.48134328	20560
Vertebrado	Não	Lough Gill-Roscullen	0.087	2.62356322	20240
Vertebrado	Não	Magharres-Roscullen	0.099	2.27525253	20530
Vertebrado	Não	CGC-Killen	0.038	6.32894737	19500
Vertebrado	Não	Lough Gill-Killen	0.048	4.95833333	19070
Vertebrado	Não	Magharres-Killen	0.054	4.37962963	19340
Vertebrado	Não	Lough Gill- CGC	0.022	11.1136364	1460
Vertebrado	Não	Magharres-CGC	0.024	10.1666667	2350
Vertebrado	Não	Lough Gill- Magharres	0.02	12.25	900
BYERLY, Paige A. et al, 2023					

Modelo Biolófico	Conexão	Populações	**FST**	**Nm**	Distância
Vertebrado	Sim	MA- VI	0.05	4.75	2760000
Vertebrado	Sim	MA- FL	0.06	3.91666667	2241000
Vertebrado	Sim	MA- AZ	0.12	1.83333333	3418000
Vertebrado	Sim	VI-MA	0.09	2.52777778	2241000
Vertebrado	Sim	VI-FL	0.02	12.25	1885000
Vertebrado	Sim	VI-AZ	0.11	2.02272727	4038000
Vertebrado	Sim	FL-VI	-0.03	-8.58333333	1885000
Vertebrado	Sim	FL-AZ	0.12	1.83333333	1798000
Vertebrado	Sim	AZ-MA	0.16	1.3125	3418000
Vertebrado	Sim	AZ-VI	0.09	2.52777778	4038000
Vertebrado	Sim	AZ-FL	0.09	2.52777778	1798000

ANEXO 2

Informações Gerais	**Protocolo de Revisão Sistemática**
Titulo	**ISOLAMENTO POR DISTÂNCIA LEVARÁ A UMA DESCONEXÃO FUNCIONAL? UMA META- ANÁLISE**
Pesquisadores	**Jardyelle Carvalho Lima** **Fernanda Amato Gaiotto**
Descrição	Existe inúmeros fatores que leva a desconexão entre as populações, tornando –ás isoladas prejudicando todo a biodiversidade. Devido isto é essencial garantir a preservação e quando possível o aumento da diversidade genética, com estratégias de conservação genética que pode ser alcançado por meio do aumento da conectividade e da facilitação do fluxo gênico entre as subpopulações. Com isso é importante analisar estudos acadêmicos já descritos na literatura sobre a conectividade, tanto funcional quanto estrutural, com o objetivo de compreender se a estrutura de paisagem das áreas fragmentadas afeta negativamente a capacidade dos organismos de se deslocarem e ocorrer a troca de material genético entre os fragmentos de habitat. E buscar nós artigos quais ações visa promover isso, evitando a desconexão e ajudando a manter a variabilidade genética, o que é crucial par adaptação e sobrevivência das espécies ao longo prazo.
Objetivo Geral	Reunir informações e avaliar criticamente artigos que abordem a conectividade funcional e estrutural da paisagem. Buscamos compreender através de uma meta-análise se o isolamento por distância afeta negativamente a conexão funcional, reduzindo a dispersão e o fluxo gênico entre os fragmentos de habitat.

Objetivo Específicos	• Avaliar se os artigos selecionados obtiveram uma solução para essa desconexão; • Entender quais fatores leva a essa desconexão. • E responder a pergunta chave: O isolamento por distância leva a uma desconexão funcional?
Pergunta Biológica	**1- O isolamento por distância leva a uma desconexão funcional?** **2- Qual melhor estratégia para reverter a desconexão?**
Strings de busca	1 (Gene flow) AND (structural connection) or corridors Or (functional connection) or (microsatellites) or (fragmentation)
Critérios de Seleção das fontes de buscas	o Base de dados; o Estudos disponível em plataformas digitais;
Lista das fontes de busca	o Scorpus o Web of Science o CaFe o Google Acadêmico
Estratégia de busca	Busca direta na base de dados
Seleção e avaliação dos estudos	
Critérios de inclusão e exclusão dos estudos	Inclusão: o Artigos que possa responder à pergunta biológica; o Artigos publicados em inglês; o Artigos que abordavam animais vertebrados, invertebrados e plantas; o Artigos com a utilização de marcadores moleculares, e seus índices como valores de índice de fixação de Wrigth- F_{ST}. Exclusão: o Estudos de revisão; o Estudos que não apresentavam dados empíricos; o Estudos que não utilizavam algum método genético para estimar o objetivo da pesquisa.

Estratégia para seleção inicial dos estudos	Leitura do título, abstract, keywords, para relacionar com as perguntas da Revisão Sistemática.
Estratégia para seleção final dos estudos	Leitura completa do paper e aplicar o método de inclusão e exclusão e verificar se tem informações importantes que responda à pergunta biológica.
Síntese dos dados e apresentação dos resultados	
Estratégia de extração de dados	○ Material Biológico; ○ Bioma; ○ Conexão; ○ Metodologia aplicada para estimar o fluxo gênico; ○ DOI; ○ Autores; ○ Tipo de busca. ○ Índices de fixação de Wrigth- F_{ST}. ○ Distribuição geográfica
Estratégia de sumarização dos dados	Tabela independente para extração e sumarização dos dados
Estratégia de publicação	