UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

COMO DIFERENTES INTENSIDADES DE MANEJO ALTERAM A DINÂMICA GENÉTICA POPULACIONAL DE *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE*) AO LONGO DAS GERAÇÕES?

DANIELA ACOSTA BRITO

ILHÉUS – BAHIA – BRASIL

Fevereiro de 2020

DANIELA ACOSTA BRITO

COMO DIFERENTES INTENSIDADES DE MANEJO ALTERAM A DINÂMICA GENÉTICA POPULACIONAL DE *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE*) AO LONGO DAS GERAÇÕES?

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.

ILHÉUS – BAHIA – BRASIL

Fevereiro de 2020

DANIELA ACOSTA BRITO

COMO DIFERENTES INTENSIDADES DE MANEJO ALTERAM A DINÂMICA GENÉTICA POPULACIONAL DE *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE)* AO LONGO DAS GERAÇÕES?

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: 19 de fevereiro de 2020

Prof. Dr. Daniel Piotto

(UFSB)

Prof. Dra. Eliana Cazetta

(UESC)

Prof. Dra. Thâmara Moura Lima

(IFBA)

Prof. Dra. Fernanda Amato Gaiotto

(UESC – Orientadora)

Estejamos lado a lado, ou a milhas de distância,
estaremos sempre conectados pelo coração.

À minha família!

DEDICO

“Se você tem conhecimento, deixe os outros acenderem as suas velas nele”.

(Margaret Fuller)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus e aos meus guias espirituais por toda proteção, serenidade, saúde, sabedoria e fé que iluminaram e fortaleceram minha caminhada.

À minha família pela capacidade de acreditar e investir em mim. Minha mãe, meu maior exemplo de luta e superação. Meu pai, por demonstrar orgulho pela minha caminhada. Tia Maryse, tia Marluce e Vó Lusia por serem sempre tão presentes e me estimularem a correr atrás dos meus sonhos e acreditar na educação, sempre foram fonte de inspiração como mulheres guerreiras e determinadas que são. Valentina, por ser o pacotinho de pelos mais doce e maluco que eu podia ter, e ainda assim, minha melhor terapia. A todos familiares da Bahia, São Paulo e Paraguai. Amo muito vocês!

* * *

À Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC), pela infraestrutura, pelo maravilhoso corpo docente e funcionários.

À Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGGBM) pela contribuição na minha formação profissional.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de mestrado.

Ao Grupo de Pesquisa Genética da Conservação da UESC, que tenho imenso orgulho de ter feito parte. Fui acolhida de maneira tão generosa, desenvolvi habilidades profissionais, de senso crítico, de aprender fazer ciência e, sobretudo, me fizeram ter paixão pela pesquisa. Tenho uma admiração e carinho enorme por todos que fazem desse grupo, o MELHOR grupo de pesquisa da UESC!

À minha Orientadora Prof. Dr. Fernanda Amato Gaiotto, pela profissional que é, que faz qualquer pessoa se apaixonar por esse mundo da genética só em ver seus olhinhos brilharem até ao falar de uma "simples" meiose. Admiro não só seu profissionalismo, mas o ser humano especial que é. Agradeço por todo apoio, incentivo e paciência que teve comigo durante esses dois anos de parceria.

Ao Laboratório de Ecologia Espacial da UFBA, pelo período que me acolheu na missão de realizar simulações.

Ao meu Co-orientador Prof. Dr. Pavel Dodonov pela generosidade e incentivo. Sem ele o mundo da programação e estatística não seria tão divertido e fantástico! Muito obrigada pela parceria e por ter sido tão paciente comigo.

Ao Laboratório de Ecologia Aplicada à Conservação (LEAC) da UESC e ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia (INCT). Essa dobradinha sob liderança da Prof. Dra. Deborah Faria e Prof. Dr. Eduardo Mariano teve grande importância na execução do projeto.

Ao Núcleo de Biologia Computacional e Gestão de Informações Biotecnológicas (NBCGIB), por conceder sua infraestrutura e equipamentos para execução do projeto.

Ao servidor Carlos Magno e ao doutorando Jonathan Mucherino por me guiarem no mundo da bioinformática.

Aos servidores da secretaria do PPGGBM, Fabrícia, Mara e Felipe pela atenção, simpatia e paciência para sanar tantas dúvidas.

Àqueles que no dia-a-dia da pós-graduação deixaram a jornada mais leve como Talu, Taise, Naiane, Francine, Dalila, Natch, José, Vitor e Francisco, e aquela que além de tornar mais leve, se transformou numa irmã, numa parceira, que me apoia, que chora junto comigo (chora muuuito), que me coloca em confusões (milhares!) e que é risada garantida sempre, não é Elinaira?

Àquelas que me suportam dia e noite, que construíram comigo um lar em Ilhéus, Lidi, Nay e Luana. Lidi parceira desde o início, conselheira, amiga e porquê não dizer uma mãezona? Agradeço demais o carinho e o apoio de vocês!

Àqueles que mesmo longe, mas sempre presentes, que mandam energias positivas, torcem por mim e que tem palavras de conforto e calmaria para os momentos certos (Nai, Iracema, Suelen, João e Manas). Amo vocês!

Gratidão!

ÍNDICE

EXTRATO 9
ABSTRACT 11
INTRODUÇÃO 13
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 16
A VULNERABILIDADE DA FLORESTA ATLÂNTICA DO SUL DA BAHIA ... 16
PAISAGEM AGROFLORESTAL CACAUEIRA (CABRUCA) 17
LEGISLAÇÃO AMBIENTAL 18
DIVERSIDADE GENÉTICA EM ESPÉCIES ARBÓREAS 20
SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL DE DADOS GENÉTICOS 22
A ESPÉCIE: *Plathymenia reticulata* Benth. 23
Como diferentes intensidades de manejo alteram a dinâmica genética populacional de *Plathymenia reticulata* Benth. ao longo das gerações? 25
Resumo 25
Introdução 26
Material e métodos 27
Resultados 30
Discussão 32
Conclusão 37
Figuras 38
Tabelas 45
Referências 48
REFERÊNCIAS COMPLEMENTARES 53

EXTRATO

BRITO, Daniela Acosta, M.S., Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, fevereiro de 2020. **Como diferentes intensidades de manejo alteram a dinâmica genética populacional de *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE*) ao longo das gerações?** Orientadora: Fernanda Amato Gaiotto. Co-orientador: Pavel Dodonov.

Perturbações antrópicas têm levado à fragmentação de populações naturais de espécies florestais e podem gerar um risco real de erosão genética ou até mesmo de extinção local. Para amenizar impactos ocasionados pela intensa eliminação de cobertura florestal, alternativas de manejo e aplicação de políticas ambientais ganharam espaço como forma de proteger os recursos naturais remanescentes e promover o desenvolvimento sustentável. A espécie arbórea *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE),* possui importância madeireira e potencial para ações de recuperação ambiental. No Sul da Bahia, a espécie sofreu impacto pelo estabelecimento de fronteiras agrícolas e, atualmente, se encontra imersa em meio a uma matriz dominada pelo sistema agroflorestal cabruca, uma associação de cultivo de cacau com árvores nativas da Mata Atlântica. Ferramentas genéticas, como os marcadores moleculares, têm sido amplamente aplicadas por fornecer informações sobre a diversidade genética, que pode auxiliar na elaboração de estratégias mais eficientes para planos de manejo e conservação de espécies por longo prazo. Entretanto, como as arbóreas apresentam alta longevidade, ocorre uma limitação em verificar mudanças de padrões genéticos entre gerações ao longo do tempo. Por isso, o uso de simulação computacional, aliado às informações obtidas a partir de marcadores genéticos, permite delinear modelos biológicos realísticos, assim como avaliar o efeito de diversos fenômenos que atuam na organização da diversidade genética, sendo informações úteis e aplicáveis ao manejo de paisagens. Com base em diferentes intensidades de manejo e normas da atual legislação ambiental brasileira, o objetivo deste trabalho foi simular as mudanças evolutivas que poderiam ocorrer nas populações da espécie ao longo do tempo e verificar se a dinâmica genética populacional poderá ser afetada a longo prazo, com a aplicação da legislação florestal vigente. Assim, a dissertação será apresentada na forma de artigo baseado na simulação de dados genéticos empíricos de *P. reticulata*. A história evolutiva da espécie foi simulada a partir de dados de marcadores moleculares microssatélites (SSR - *Simple Sequence Repeat*) de

quatro populações, as quais foram amostradas em cabrucas e florestas. Foi utilizada a linguagem de programação em *loops*, na estrutura *for* pela plataforma R. Parâmetros de autofecundação, mortalidade, recrutamento e mutação foram referências para traçar um modelo biológico realístico para 30 gerações ao acaso e autofecundação. Os resultados indicaram perda de diversidade genética ao longo das gerações nos cenários em que a mortalidade foi intensa. O número de alelos (At) foi o parâmetro que indicou ser o mais sensível às oscilações entre mortalidade e natalidade populacional. Apesar da diferença entre as estimativas de heterozigosidades observada e esperada apontarem endogamia nas populações, os valores se mantiveram constantes, não sendo observados picos ou oscilações ao longo das gerações. Portanto, com a alteração da dinâmica genética populacional ao longo de 30 gerações simuladas e considerando que nossos cenários ocorram no futuro, fica o alerta com relação aos resultados práticos deste estudo. Assim, são sugeridos a aplicabilidade da legislação ambiental no que tange ao enriquecimento de áreas de cabruca com árvores nativas e o incentivo à restauração de áreas degradadas para auxiliar na manutenção e na conservação genética da espécie.

Palavras-chave: Conservação genética. Legislação ambiental. Floresta Tropical. Simulação *forward*.

ABSTRACT

BRITO, Daniela Acosta, M.S., Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, february 2020. **How different management intensities alter the population genetic dynamics of *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE*) over the generations?** Advisor: Fernanda Amato Gaiotto. Advisor Committee Member: Pavel Dodonov.

Anthropic disturbances have led to the fragmentation of natural populations of forest species and can generate a real risk of genetic erosion or even local extinction. To mitigate impacts caused by the intense elimination of forest cover, alternatives for the management and application of environmental policies have gained space as a way to protect the remaining natural resources and promote sustainable development. The tree species Plathymenia reticulata Benth. (LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE), has timber importance and potential for environmental recovery actions. In the south of Bahia, the establishment of agricultural borders affected the species and, currently, it is immersed in the middle of a matrix dominated by the agroforestry cabruca system, an association of cocoa cultivation with native trees of the Atlantic Forest. Genetic tools, such as molecular markers, have been widely applied for providing information on genetic diversity, which can assist in the development of more efficient strategies for long-term species management and conservation plans. However, as trees have high longevity, there is a limitation in verifying changes in genetic patterns between generations over time. For this reason, the use of computer simulation, combined with information obtained from genetic markers, allows to outline realistic biological models, as well as to evaluate the effect of various phenomena that act in the organization of genetic diversity, being useful and applicable information for landscape management. Based on different management intensities and norms of the current Brazilian environmental legislation, the objective of this work was to simulate the evolutionary changes that could occur in the populations of the species over time and to verify if the population genetic dynamics can be affected in the long term, with the application of the current forestry legislation. Thus, the dissertation will be presented in the form of an article based on the simulation of empirical genetic data of P. reticulata. The evolutionary history of the species was simulated from data from microsatellite molecular markers (SSR - Simple Sequence Repeat) from four populations, which were sampled in cabrucas and forests. The programming language

was used in loops, in the for structure by the R platform. Parameters of self-fertilization, mortality, recruitment and mutation were references to draw a realistic biological model for 30 generations at random and self-fertilization. The results indicated loss of genetic diversity over the generations in scenarios in which mortality was intense. The number of alleles (At) was the parameter that indicated to be the most sensitive to the fluctuations between mortality and population birth. Despite the difference between the observed and expected heterozygosity estimates point to inbreeding in populations, the values remained constant, with no peaks or fluctuations observed over the generations. Therefore, with the change in population genetic dynamics over 30 simulated generations and considering that our scenarios occur in the future, we are alert to the practical results of this study. Thus, the applicability of environmental legislation with regard to enriching cabruca areas with native trees and encouraging the restoration of degraded areas to assist in the maintenance and genetic conservation of the species are suggested.

Keywords: Genetic conservation. Environmental legislation. Tropical forest. Forward simulation.

INTRODUÇÃO

A crescente demanda madeireira, estabelecimento de áreas de fronteiras agrícolas e expansão populacional ameaçaram a conservação ecossistêmica e alteraram a dinâmica de florestas tropicais, em especial, no domínio da Mata Atlântica (PERES et al., 2010; BARLOW et al., 2018). Por conta da intensa eliminação de cobertura vegetal, muitas consequências a longo prazo ainda não são conhecidas (BARLOW, 2018). Alternativas de manejo e políticas ambientais ganharam espaço como forma de garantir a proteção do patrimônio natural através da promoção do desenvolvimento sustentável nos trópicos (ROMEIRO, 2012; BRITTO, 2017).

O Estado da Bahia lidera o ranking de desmatamento na Floresta Atlântica (SOS Mata Atlântica e INPE, 2017), principalmente, na região Sul do Estado, que foi marcada pela chegada dos portugueses no Brasil Colonial. Nessa época, espécies florestais nativas como pau-brasil e jacarandá-da-bahia foram exploradas até a escassez, quando então, outras espécies como o vinhático (*Plathymenia reticulata* Benth.), espécie focal deste trabalho, passaram a ser alvo dessa exploração devido ao valor econômico agregado (DIAS, 2010).

Na região Sul da Bahia as florestas são fragmentadas (SAMBUICHI, et al., 2012). O sistema regional agroecológico “cabruca” conjuga o desenvolvimento econômico e conservação da biodiversidade (MOREIRA, 2013; ROCHA et al., 2017). O mesmo implementa o cultivo do cacaueiro sob a sombra de floresta nativa raleada e cria conexão entre fragmentos florestais promovendo a formação de corredores ecológicos (NOGUEIRA et al, 2019). Porém, a depender da forma e intensidade com que o manejo do sistema é empregado, se observa alterações e empobrecimento do banco de espécies nativas (SAMBUICHI, 2006; MARTÍN-QUELLER, 2013).

Apesar de duros golpes devido à crise do cacau e da modificação da paisagem e dinâmica dos ecossistemas na região Sul da Bahia, a cabruca ainda influencia sobremaneira a economia agrícola pela qualidade da produção de amêndoas de cacau fino e serviços ecossistêmicos ao se levar em consideração sua proximidade com os fragmentos de Mata Atlântica nativa que favorece a preservação da biodiversidade local (LOBÃO, 2003; FARIA et al., 2007; PARDINI et al., 2009).

Medidas de políticas ambientais também têm sido implementadas para regulamentar o uso e proteção dos recursos naturais. O Código Florestal Brasileiro (CFB) é o mais importante instrumento de preservação da vegetação nativa a nível nacional. Porém, em 2016 o nível de desmatamento aumentou 75% em relação ao ano de 2012

(SOS, Mata Atlântica e INPE, 2017). Dois mil e doze foi o ano da última revisão do CFB, o que traz à tona a importância em recorrer ao conhecimento científico para avaliar a eficácia da legislação em proteger os remanescentes florestais e conter níveis de desmatamento (SCHETTINO, 2018). Caso semelhante ocorreu com a promulgação de novos regulamentos de planejamento da Lei Nacional de Manejo Florestal em 2012 pelo Serviço Florestal dos Estados Unidos, onde foi comprovado que o processo de revisão é eficaz e auxilia no gerenciamento público de terras, podendo ser aplicado em outras Florestas Nacionais (WILLIAMSON, 2019).

Em meio ao cenário de redução em larga escala de populações naturais, estudos de diversidade genética são amplamente empregados no intuito de traçar estratégias de manejo e conservação de espécies (GANZHORN et al., 2015; SILVA-JUNIOR et al., 2016; SOARES et al., 2019). Os marcadores moleculares são ferramentas de interesse nesses estudos por serem neutros e aplicáveis a qualquer tipo de material vegetal e permitir obtenção de polimorfismos distribuídos ao longo do genoma. Os marcadores microssatélites (SSR - Simple Sequence Repeat) por possuírem características de codominância e alto conteúdo informativo, são comumente utilizados na investigação de parentesco e genética da conservação (PATERSON et al., 1991).

Apesar da disponibilidade de técnicas para acessar a diversidade genética diretamente a nível de DNA, espécies arbóreas apresentam característica de alta longevidade, que é um fator limitante para inferir sobre mudanças de padrões genéticos entre gerações ao longo do tempo e espaço. Por isso, o uso de simulação computacional, aliado às informações de marcadores genéticos, permite delinear modelos biológicos realísticos. Assim, é possível compreender consequências futuras de práticas atuais empregadas em prol da preservação da biodiversidade e maximizar estratégias para a conservação e perpetuação de espécies florestais, que assim como *Plathymenia Reticulata* Benth., estão classificadas como vulneráveis à extinção (IUCN, 2016).

O vinhático (*Plathymenia reticulata* Benth.), possui grande importância madeireira e potencial para ações de recuperação ambiental. A literatura abrange os mais diversos estudos sobre a espécie arbórea (GOULART, 2005; NOVAES et al., 2010; OLIVEIRA, et al., 2012; SOUZA et al., 2017; BORGES et al, 2019), porém, ainda não foram registrados estudos sobre mudanças nos padrões genéticos entre gerações devido a pertubações antrópicas, como as que colocaram a Mata Atlântica do Sul da Bahia em situação de vulnerabilidade.

Portanto, o presente trabalho objetivou avaliar parâmetros genéticos populacionais entre gerações de *Plathymenia reticulata* Benth. a partir de simulação computacional na abordagem *forward* e verificar se o sistema de manejo empregado no Sul da Bahia, assim como as normas da atual legislação ambiental brasileira, podem afetar a dinâmica genética populacional a longo prazo.

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

A VULNERABILIDADE DA FLORESTA ATLÂNTICA DO SUL DA BAHIA

A Floresta Atlântica é uma das maiores florestas tropicais das Américas, cobrindo uma área de 150 milhões de hectares. No Brasil, abriga mais de 125 milhões de habitantes e ocupa uma área correspondente a 15% do território nacional, incluindo 17 estados, entres eles 4 grandes centros urbanos, São Paulo, Rio de Janeiro, Belo Horizonte e Salvador (SCARANO e CEOTTO, 2015). O bioma concentra cerca de 70% do produto interno bruto (PIB) brasileiro, resultado de atividades de abastecimento de água, agricultura, pesca, geração de energia, turismo e lazer (JOLY et al., 2014).

Para alcançar números expressivos e ser um motor da economia nacional, seu desenvolvimento está atrelado à intensa exploração e desmatamento, refletindo, na presença de apenas 29% de remanescentes florestais, atualmente (SOS MATA ATLÂNTICA e INPE, 2019). Em geral, esses remanescentes são isolados e de tamanhos pequenos, abrangendo áreas menores que 50 hectares (RIBEIRO et al., 2009). Estão situados em locais onde a ação humana foi menos intensa, em sua maioria em terrenos declivosos (TABARELLI et al., 2010). Devido ao alto grau de fragmentação, as espécies nativas se encontram ameaçadas ou vulneráveis à extinção, o que leva este bioma tão biodiverso a ser considerado um *hotspot* de importância global (MITTERMEIER et al., 2011).

Assim, apesar de ser considerado um dos domínios mais ricos em biodiversidade, é ao mesmo tempo altamente vulnerável às perturbações ocasionadas pelo constante processo de expansão urbana, agropecuária e industrial (LINO e DIAS, 2014). No Sul da Bahia, o contexto de devastação não foi diferente. Boa parte da responsabilidade da degradação do bioma está relacionada à produção cacaueira, iniciada há mais de 260 anos (CEPLAC, 2018). Os grandes proprietários de terras promoveram derrubada de florestas no passado devido ao preço do cacau compensar o investimento da expansão agrícola na região, onde em 1979 foi responsável por cerca de 6,2% do produto interno bruto (PIB) e em 1987 alcançou seu pico produtivo com cerca de 400 mil toneladas (ALGER, 1994).

No entanto, o auge da produção cacaueira sofreu um terrível golpe com a detecção da doença denominada “vassoura-de-bruxa”, que declinou a produção de maneira drástica entre os anos de 1980 e 1990 (DIAS, 2010). E mais uma vez, a floresta foi alvo de intensa exploração madeireira para compensar o prejuízo causado com a lavoura cacaueira devido aos danos provocados pela vassoura-de-bruxa que, consequentemente, ocasionou a queda

do preço do cacau no mercado internacional. Assim, o desmatamento ilegal foi fortemente praticado afim de aumentar a renda no período de crise (CAMPANILI e PROCHNOW, 2006). Neste contexto, é possível notar a situação de vulnerabilidade ao qual o bioma foi exposto no Sul da Bahia, onde a perturbação antrópica causou modificação da paisagem e da dinâmica dos ecossistemas florestais (MARQUES et al., 2011; SCRTROTH et al., 2015)

Os remanescentes florestais da região se localizam imersos em meio a uma matriz essencialmente composta pelo sistema agroflorestal cabruca (LOBÃO et al., 2004). Este é descrito pelo Decreto nº 15.180 (BRASIL, 2014) como cultivo em associação com espécies nativas de forma descontínua e aleatória no bioma Mata Atlântica. Dessa maneira, as cabrucas se enquadram às exigências do manejo sustentável por movimentar a economia, fixar o homem no campo e atuar na conservação dos recursos naturais, culminando no desenvolvimento socioeconômico da região (LOBÃO e VALERI, 2009).

O uso da terra pelo agroecossistema beneficia a manutenção da biodiversidade, presta um relevante serviço ambiental e desempenha um importante papel cultural na região (CASSANO, 2008). É válido ressaltar que a capacidade de uma cabruca servir de habitat para espécies nativas depende da existência de florestas conservadas na paisagem (SCHROTH et al., 2013). Portanto, ainda é preocupante imaginar o futuro destes remanescentes que sofreram drásticas modificações na paisagem e estão submetidos a intensificação de manejo, assim como idealizar a real capacidade desse agroecossistema e de políticas ambientais, em garantir sua conservação genética e ecossistêmica a longo prazo.

PAISAGEM AGROFLORESTAL CACAUEIRA (CABRUCA)

O sistema agroflorestal cabruca se tornou protagonista na região Sul do Estado da Bahia. Apesar da produção agrícola do cacau levar em consideração diversos aspectos, na microrregião Ilhéus/Itabuna o agroecossistema foi fortemente potencializado e se tornou motor da economia local. A cabruca é uma associação de cultivo agrícola de cacau com árvores nativas no bioma Mata Atlântica. Seu significado está intimamente relacionado ao dialeto tupi-guarani, originalmente, "*cabroca*", que remete ao ato de construir uma casa ou abrigo para o cacaueiro (SETENTA e LOBÃO, 2012).

A essência desse agroecossistema contribui para a conservação de remanescentes florestais por meio da manutenção de espécies arbóreas nativas para o sombreamento de cultivos de cacau e apresentam uma elevada capacidade de regeneração da riqueza de

espécies arbóreas após o abandono (SAMBUICHI et al., 2007; ROLIM et al., 2016). É notável sua influência na economia agrícola através da qualidade de amêndoas de cacau fino produzidas na região e na economia ecológica ao considerar sua semelhança com a Mata Atlântica primária que possibilita a formação de corredores ecológicos que interligam fragmentos florestais (FARIA et al., 2007; CASSANO et al., 2009; DAWSON, 2013).

A produção cacaueira no Sul da Bahia declinou no período de 1980 a 1990 por conta da doença vassoura-de-bruxa e foi agravada pelo longo período de estiagem que ocorreu entre os anos de 1993 e 1997. Apesar destes problemas de ordem prática a área cultivada ainda ocupa boa parte da região Sul da Bahia e contribui para a conservação da biodiversidade local (MOREIRA, 2013; ROCHA et al., 2016; ROCHA et al., 2017). Os últimos levantamentos registrados por Lobão (2007) e Sambuichi (2012) apontaram uma relação de mais de 30 espécies da flora, onde se destacam árvores nobres de potencial econômico como *Cedrela odorata* (cedro), *Cariniana estrelensis* (jequitibá-rosa) e *Plathymenia reticulata* (vinhático).

A fauna também é favorecida com a presença desse agroecossistema. A conexão estabelecida entre os fragmentos florestais e as cabrucas minimiza o isolamento de populações, que é uma consequência em paisagens onde as florestas são substituídas por ambientes abertos (CASSANO, 2009). Apesar da sensibilidade de indivíduos da fauna à degradação do *habitat* original, se observa uma boa capacidade de adaptação de mamíferos, anfíbios, artrópodes e répteis à lavoura cacaueira, desde que sejam mantidas condições mínimas de conectividade entre remanescentes florestais e disponibilidade de recursos (DELABIE et al., 2011).

O sistema agroflorestal cacau contribui para o desenvolvimento socioeconômico e conservação de remanescentes florestais através da formação de corredores ecológicos que favorecem a fauna (CHOMITZ et al., 2005; LOBÃO, 2011). Assim, satisfaz as premissas técnicas necessárias para o desenvolvimento sustentável. Porém, é interessante estimular também o uso das espécies arbóreas além da função de proteção do cultivo agrícola e explorar o potencial para a produção sustentável de madeira, flores, frutos, entre outros produtos florestais.

LEGISLAÇÃO AMBIENTAL

No Brasil Colonial as florestas eram vistas apenas como meio de exploração madeireira, fato que contribuiu para a modificação da paisagem e esgotamento dos

recursos naturais ao longo do tempo. Nessa época foram criadas normas para regulamentar o uso e exploração de sítios produtivos, com intuito de aumentar a produção e concentração de renda, já que até então se acreditava que os recursos eram realmente inesgotáveis (SOTERRONI, 2018).

Atualmente, a legislação ambiental brasileira visa a preservação do patrimônio natural e se configura como um direito constitucional dos brasileiros em usufruir de um meio ambiente ecologicamente equilibrado (BRASIL, 1988). Assim, uma legislação que visa regulamentar parâmetros socioambientais é indispensável para uma sociedade moderna comprometida no uso racional dos recursos. E o cumprimento efetivo das normas ambientais é de suma importância, visto que mais da metade da vegetação nativa remanescente do país se encontra em propriedades privadas, e não em unidades de conservação (BRANCALION et al., 2016).

A legislação florestal brasileira teve seu início em 1934 através do Decreto nº 23.793/1934 e seguiu por sucessivas alterações nos anos de 1965 e 2012. Tais modificações eram reflexo da baixa eficiência em proteger a vegetação nativa do território nacional e não equilibrar práticas sociais aos interesses do meio rural. Além disso, nas décadas de 70 e 80 as questões ambientais ganharam destaque através da tomada de consciência da sociedade, que culminou em uma série de alterações tanto no Código Florestal Brasileiro (CFB) quanto nas demais normas vigentes (SCHETINO, 2018).

O Código Florestal Brasileiro (CFB) é um dos mais importantes instrumentos da política de proteção ambiental. O início de sua implementação enfrentou inúmeros obstáculos, reflexo de uma mentalidade antiga sobre práticas exploratórias sem execução de medidas contra devastação. Assim, a floresta sempre foi vista como um empecilho para o estabelecimento de lavouras e desenvolvimento econômico (SILVA, 2018).

Em 2012, última revisão do CFB, vieram à tona polêmicas relacionadas a anistia de crimes ambientais com a isenção da obrigatoriedade de recuperação de áreas desmatadas até o ano de 2008, incluindo medidas protetivas como Reserva Legal (RL) e Área de Preservação Permanente (APP) (POSSAMAI, 2017). Em contrapartida, foram pontuados avanços com a criação de um banco de dados para controle, monitoramento, planejamento ambiental e econômico e combate ao desmatamento, que é o Cadastro Ambiental Rural (CAR), válido para todo o território nacional, e na Bahia, o Cadastro Estadual Florestal de Imóveis Rurais (CEFIR) (COUTINHO et al., 2013).

O bioma Mata Atlântica conta com legislação própria (Lei nº 11.423/2006 – Lei da Mata Atlântica) que regulamenta a utilização e proteção de sua vegetação nativa, além

de, subsidiar o monitoramento da perda de cobertura florestal por meio de imagens de satélite na parceria entre o Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE) e a Fundação SOS Mata Atlântica. Do ponto de vista do Estado, a Bahia conta com o Decreto nº 15.180/2014 (BRASIL, 2014) para gestão das florestas estaduais e inclui normas sobre práticas de manejo do sistema agroflorestal cabruca, muito empregado na região Sul.

Ao considerar a importância da implementação de políticas ambientais para fornecer benefícios para preservação da vegetação nativa e auxiliar a economia, a comunidade científica possui um papel de relevância no desenvolvimento de pesquisas que avaliem os impactos da legislação a longo prazo e no incentivo à consciência da sociedade de que a proteção ambiental não é impedimento para o desenvolvimento econômico.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM ESPÉCIES ARBÓREAS

A diversidade genética representa a variação herdável de determinada sequência de DNA, entre e dentro de populações. Através da sua inferência é possível delinear estimativas sobre o reservatório gênico presente. Dessa forma condiciona a possibilidade de conservação in situ (ex.: unidade de conservação) e ex situ (ex.: banco de germoplasma), que são de grande importância para fins de estratégias de manutenção da variabilidade genética e por consequência atividades de melhoramento genético. Trabalhos com foco em diversidade genética comparativo entre populações permite a avaliação do impacto causado pela atividade humana na biodiversidade. Ainda são igualmente importantes no entendimento de mecanismos evolutivos que atuam na diversificação de espécies, (RAO e HODGKIN, 2001).

As florestas remanescentes foram reduzidas a pequenos fragmentos isolados, ocasionado pela intensa ação antrópica de devastação. Como consequência da formação desses mosaicos de vegetação, problemas relacionados à biodiversidade local, como redução do tamanho de populações, causam alteração de processos ecológicos e genéticos de espécies nativas, tornando cada vez mais difícil a conservação e a manutenção ecossistêmica (ESTOPA et al., 2006).

Estudos de estrutura genética de populações, buscam avaliar e quantificar de que forma a variabilidade genética está distribuída no tempo e no espaço. A partir deste conhecimento, é possível compreender como a seleção influencia na adaptação entre e dentro de populações, afinal, quanto maior a diversidade genética de uma população, maiores são as chances de perpetuação da espécie em longo prazo (HUGHES et al.,2008).

Desta forma, ao caracterizar os níveis de variabilidade e compreender a dinâmica de movimentação dos alelos nas populações naturais, se adquire subsídios para a maximização de estratégias de conservação (JUNIOR et al., 2004).

A junção de conceitos da ecologia de populações e da genética de populações é fundamental para o direcionamento de ações a serem realizadas e na definição de parâmetros adequados para o monitoramento destas (KAGEYAMA et al., 1998, LANCAU, 2011; TEIXEIRA e BARKER, 2016). Jaeger (2004) assegura que a união dos fundamentos teóricos e práticos da ecologia e da genética permite analisar, de acordo com o enfoque evolutivo, a dinâmica populacional, ou seja, é possível planejar o manejo de espécies e a recomposição de áreas preservando a variabilidade genética necessária para a manutenção de processos evolutivos.

A diversidade genética é introduzida constantemente nas populações através de mutação, onde novos alelos são inseridos ao acaso pelo processo de replicação do DNA, e migração, onde são adicionados alelos em uma população a partir de alelos já existentes de populações vizinhas (BALLOUX e GOUDER, 2002). Em contrapartida, esta diversidade é perdida através da deriva genética, onde ocorre a alteração das frequências alélicas de maneira aleatória e, seleção natural, onde indivíduos adaptados sobrevivem em populações e passam a frente alelos selecionados (CONTE, 2006). Portanto, é de suma importância compreender a variação genética envolvida na dinâmica desses quatro mecanismos evolutivos.

Inicialmente, o acesso à diversidade genética era feito através de informações fenotípicas, por exemplo, características morfológicas de espécies arbóreas. Posteriormente, com o avanço da biologia molecular, essa variação pôde ser detectada diretamente a nível de DNA (CRUZ et al., 2011). Os marcadores moleculares possuem as vantagens de serem neutros e aplicáveis a qualquer tipo de material vegetal, seja qual for o seu estágio de desenvolvimento, permitindo obter polimorfismos distribuídos ao longo do genoma. Em estudos de parentesco e na genética da conservação os comumente empregados são os marcadores microssatélites (SSR - *Simple Sequence Repeat*) que são codominantes e possuem alto conteúdo informativo (PATERSON et al., 1991).

Ao empregar marcadores polimórficos, a exemplo, dos microssatélites, observam-se parâmetros para estimativa da diversidade genética em populações naturais e as alterações decorrentes da ação antrópica (STEANE, 2006; VÄLI et al., 2008; FOFANA, 2009; FREITAS, 2018). Os mais utilizados: são número de alelos (At), riqueza alélica (Ar), coeficiente de endogamia (F_{IS}), heterozigosidade esperada (He), heterozigosidade

observada (Ho) e tamanho efetivo (Ne). Porém, vale ressaltar que os parâmetros mais adequados para indicar perda brusca de diversidade genética entre gerações são número de alelos (At) e riqueza alélica (Ar) (RAPOSO et al., 2007).

A endogamia é fonte de modificação de frequências genotípicas, sendo seu principal efeito é a queda da heterozigosidade da população ao se comparar os parâmetros de heterozigosidade observada e esperada (KAGEYAMA, 2003). Assim pode levar à diminuição de alelos em uma população, em específico, em populações de polinização cruzada, espécies podem ser conduzidas à extinção devido à diminuição da fecundidade, aumento de alelos deletérios (FRANKHAM, 2005). Quando há diminuição no tamanho das populações, como na fragmentação florestal, geralmente se observa aumento da endogamia e maiores consequências relacionadas à deriva genética. Esta representa as oscilações nas frequências alélicas de uma população, onde pode ocorrer eventualmente a fixação ou perda de alelos (HARTL E CLARK, 2010).

SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL DE DADOS GENÉTICOS

Na biologia evolutiva, as populações passam por processos naturais que abrangem mutação, deriva genética, migrações e seleção natural, além de processos artificiais mediados pela ação humana (YUAN, 2012). Em todos os casos, são observadas interações complexas difíceis de prever. Por isso, a simulação computacional é uma ferramenta que tem ganhado espaço na genética populacional e evolutiva devido à capacidade de simular interações complexas entre múltiplos fatores, no intuito de realizar predições futuras condizentes à realidade (ASSIS, 2005; HOBAN et al., 2012).

A genética de populações conta com um considerável número de métodos estatísticos de estimação de parâmetros e à medida que são requeridas mais informações sobre a população, há necessidade de conhecimento de metodologias eficazes (SÁNCHEZ, 2008). Por isso, é comum utilizar modelos matemáticos que caracterizam fenômenos biológicos, no intuito de prever estimativas de vários parâmetros genéticos, o que remete à simulação um papel importante no desenvolvimento de novos métodos estatísticos para auxiliar na análise de diversidade, definir processos da história e estrutura da população (BALKENHOL, 2009). Além disso, esta ferramenta é destaque entre pesquisadores no que tange à minimização de recursos financeiros, estruturais e logísticos na instalação de experimentos em campo que demandam grande número de observações e repetições para obtenção de estimativas precisas (OLIVEIRA, 2015).

Na genética populacional existem duas abordagens comumente utilizadas para simular histórias evolutivas, as quais envolvem algoritmos de simulação *backward* e *forward*, ou seja, para trás do tempo (tempo de retrocesso) e para frente (tempo de avanço), respectivamente (ARENAS et al., 2012). A abordagem do tempo de retrocesso é um processo de coalescência implementado pelo modelo de Whight-Fisher que parte da amostra observada na geração atual para o passado. Ou seja, a partir de uma população são traçados todos alelos para um ancestral comum mais recente (MCRA) e, em seguida, trabalha até a geração atual, introduzindo mutações ou outras informações genéticas na genealogia gerada. Os simuladores coalescentes possuem alta eficiência na simulação de sequências longas, porém, são limitados ao lidar com alguns cenários evolutivos complexos (HOBAN et al., 2012).

A abordagem do tempo de avanço parte de uma população inicial ancestral para sua evolução ao longo de um determinado número de gerações sob influência de vários cenários evolutivos e demográficos. Portanto, é possível estudar todo processo evolutivo subsequente da população como sistema de acasalamento, dispersão e interação dos genes. Porém, como toda a história populacional é simulada, essa abordagem requer muita velocidade e uso de mémoria computacional (PENG et al., 2014).

A ESPÉCIE: *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE*)

Plathymenia reticulata Benth. (Leguminosae) é uma árvore nativa brasileira de ocorrência nos biomas Cerrado e Mata Atlântica que possuem características marcantes de vegetação de savana lenhosa e floresta tropical, respectivamente (GOULART, 2005). É popularmente conhecida como “vinhático” devido à alusão da coloração do tronco da árvore ao “vinho-tinto” (SILVA JR., 2005). O nome genérico *Plathymenia* compõe a junção de *plathy* = largo e chato e *hymenon* = membrana, ou seja, sementes largas e achatadas envoltas por uma membrana; o epíteto específico *reticulata* é relacionado às nervuras dispostas em redes (CARVALHO, 2009).

A espécie foi descrita pela primeira vez em 1842 por George Bentham, porém, possui sinonímia botânica com *Plathymenia foliosa* Benth. Inicialmente, eram compreendidas como espécies distintas, porém, em 1925, Ducke realizou a junção das duas espécies descritas ao considerar o gênero monoespecífico, contendo *Plathymenia reticulata* como única espécie com ampla dispersão em múltiplos ambientes (WARWICK e LEWIS, 2003).

P. reticulata é uma espécie que ocupa o estrato superior da vegetação onde ocorre. É diplóide com 2n igual a 26 cromossomos (MOORE, 1977). É uma árvore de comportamento decíduo, com flores hermafroditas, polinizadas essencialmente por abelhas generalistas e pequenos insetos e dispersão anemocórica de frutos e sementes, (GOULART et al. 2005) que provoca irregularidades ao longo de sua área de ocorrência (LORENZI, 2000). Na Mata Atlântica, em idade adulta, pode atingir 30 m de altura e 150 cm de DAP (diâmetro à altura do peito). Já no cerrado, atinge um menor porte, com 5 m de altura e 30 cm de DAP (CARVALHO, 2009).

É uma espécie madeireira, comumente utilizada na fabricação de folhas faqueadas para revestimentos decorativos, de móveis, de painéis, de portas nobres e de tripés para equipamentos topográficos; é usada também em construções (navais e civis); em acabamentos internos (esquadrias, rodapés, molduras, persianas e venezianas); em contraplacados, em tonéis de vinho, em artefatos artísticos e em marcenaria de luxo (CARVALHO, 2009). Também é empregada na medicina popular no combate a doenças pulmonares, dermatites, varizes, edema testicular, hemorragia e diarreia (SILVA, JR., 2005). Além disso, é uma árvore com potencial para paisagismo e restauração florestal, devido a boa deposição de suas folhas ao solo, em especial em período úmido, uma característica interessante para plantios em áreas degradadas (LORENZI, 2000).

Muitos estudos sobre a espécie têm sido desenvolvidos com as mais diversas finalidades, como: i) variação fenológica (GOULART, 2005), ii) filogeografia (NOVAES et al., 2010), iii) desenvolvimento de marcadores microssatélites (OLIVEIRA et al., 2012), iv) diversidade genética (SOUZA et al., 2017), v) superação de dormência em sementes (BORGES et al., 2019), entre outros. Porém, ainda não foi registrado na literatura estudos que empreguem ferramentas de modelagem computacional aliadas a informações genéticas empíricas com intuito de auxiliar e subsidiar estratégias de conservação da espécie a longo prazo, que é o objetivo deste trabalho.

Como diferentes intensidades de manejo alteram a dinâmica genética populacional de *Plathymenia reticulata* Benth. ao longo das gerações?

Daniela Acosta Brito[1]; Pavel Dodonov[4]; Fernanda Amato Gaiotto[1,2,3]

[1]Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC). Rodovia Ilhéus-Itabuna km 16 s/n, Salobrinho 45662-900 Ilhéus, Bahia, Brasil;

[2]Pós-graduação em Ecologia e Conservação da Biodiversidade, Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC). Rodovia Ilhéus-Itabuna km 16 s/n, Salobrinho 45662-900 Ilhéus, Bahia, Brasil;

[3]Departamento de Ciências Biológicas, Centro de Biotecnologia e Genética, Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC), Rodovia Ilhéus-Itabuna km 16 s/n, Salobrinho 45662-900 Ilhéus, Bahia, Brasil;

[4]Instituto de Biologia, Universidade Federal da Bahia (UFBA). Rua Barão de Jeremoabo, 668 - Ondina, 40170-115, Salvador, Bahia, Brasil.

Resumo

Perturbações antrópicas têm levado à fragmentação de populações naturais de espécies florestais, gerando erosão genética e extinção local. Alternativas de manejo e aplicação de políticas ambientais ganharam espaço como forma de proteger os recursos naturais remanescentes e promover o desenvolvimento sustentável. Ferramentas genéticas, como os marcadores moleculares, têm sido amplamente aplicadas por fornecer informações sobre a diversidade genética e auxiliar na elaboração de estratégias mais eficientes para planos de manejo e conservação de espécies por longo prazo. Em espécies arbóreas longevas, o acompanhamento e análise de padrões genéticos ao longo de gerações é limitada. O objetivo deste trabalho foi simular as possíveis mudanças evolutivas da espécie madeireira *Plathymenia reticulata* Benth. e verificar se a dinâmica genética populacional poderá ser afetada por estes sistemas de manejo, em longo prazo. As mudanças microevolutivas foram simuladas a partir de dados empíricos de marcadores microssatélites (SRR) de quatro populações amostradas em cabruca e floresta. Nas simulações foi utilizado o algoritmo genético executado em linguagem de programação em *loops*, na estrutura *for*. Variáveis de autofecundação, mortalidade, recrutamento e mutação foram referências para traçar um modelo biológico realístico para 30 gerações ao acaso e autofecundação. Os resultados indicaram perda de diversidade genética ao longo das gerações nos cenários em que a mortalidade foi intensa. O número de alelos (At) foi o parâmetro que indicou ser o mais sensível às oscilações entre mortalidade e natalidade populacional. Apesar da diferença entre as estimativas de heterozigosidades observada e esperada apontarem endogamia nas populações, os valores se mantiveram constantes, não sendo observados picos ou oscilações ao longo das gerações. Portanto, com a alteração da dinâmica genética populacional ao longo de 30 gerações simuladas e considerando que nossos cenários ocorram no futuro, fica o alerta com relação aos resultados práticos deste estudo. Assim, são sugeridos a aplicabilidade da legislação

ambiental no que tange ao enriquecimento de áreas de cabruca com árvores nativas e o incentivo à restauração de áreas degradadas para auxiliar na manutenção e na conservação genética da espécie.

Palavras-chave: Conservação genética. Sistema Agroflorestal. Floresta Tropical. Simulação *forward*.

Introdução

A crescente demanda madeireira, estabelecimento de áreas de fronteiras agrícolas e expansão populacional ameaçaram a conservação ecossistêmica e alteraram a dinâmica de florestas tropicais, em especial, no domínio da Mata Atlântica (PERES et al., 2010; BARLOW et al., 2018). Por conta da intensa eliminação de cobertura vegetal, muitas consequências a longo prazo ainda não são conhecidas (BARLOW, 2018). Alternativas de manejo e políticas ambientais ganharam espaço como forma de garantir a proteção do patrimônio natural através da promoção do desenvolvimento sustentável nos trópicos (ROMEIRO, 2012; BRITTO, 2017).

Na região Sul da Bahia as florestas são fragmentadas (SAMBUICHI, et al., 2012). O sistema regional agroecológico "cabruca" conjuga o desenvolvimento econômico e conservação da biodiversidade (MOREIRA, 2013; ROCHA et al., 2017). O mesmo implementa o cultivo do cacaueiro sob a sombra de floresta nativa raleada e cria conexão entre fragmentos florestais promovendo a formação de corredores ecológicos (NOGUEIRA et al, 2019). Porém, a depender da forma e intensidade com que o manejo do sistema é empregado, se observa alterações e empobrecimento do banco de espécies nativas (SAMBUICHI, 2006; MARTÍN-QUELLER, 2013).

Medidas de políticas ambientais também têm sido implementadas para regulamentar o uso e proteção dos recursos naturais. O Código Florestal Brasileiro (CFB) é o mais importante instrumento de preservação da vegetação nativa a nível nacional. Porém, em 2016 o nível de desmatamento aumentou 75% em relação ao ano de 2012 (SOS, Mata Atlântica e INPE, 2017). Dois mil e doze foi o ano da última revisão do CFB, o que traz à tona a importância em recorrer ao conhecimento científico para avaliar a eficácia da legislação em proteger os remanescentes florestais e conter níveis de desmatamento (SCHETTINO, 2018). Caso semelhante ocorreu com a promulgação de novos regulamentos de planejamento da Lei Nacional de Manejo Florestal em 2012 pelo

Serviço Florestal dos Estados Unidos, onde foi comprovado que o processo de revisão é eficaz e auxilia no gerenciamento público de terras, podendo ser aplicado em outras Florestas Nacionais (WILLIAMSON, 2019).

Em meio ao cenário de redução em larga escala de populações naturais, estudos de diversidade genética são amplamente empregados no intuito de traçar estratégias de manejo e conservação de espécies (GANZHORN et al., 2015; SILVA-JUNIOR et al., 2016; SOARES et al., 2019). Os marcadores moleculares são ferramentas de interesse nesses estudos por serem neutros e aplicáveis a qualquer tipo de material vegetal e permitir obtenção de polimorfismos distribuídos ao longo do genoma. Os marcadores microssatélites (SSR - *Simple Sequence Repeat*) por possuírem características de codominância e alto conteúdo informativo, são comumente utilizados na investigação de parentesco e genética da conservação (PATERSON et al., 1991).

Apesar da disponibilidade de técnicas para acessar a diversidade genética diretamente a nível de DNA, espécies arbóreas apresentam característica de alta longevidade, que é um fator limitante para inferir sobre mudanças de padrões genéticos entre gerações ao longo do tempo e espaço. Por isso, o uso de simulação computacional, aliado às informações de marcadores genéticos, permite delinear modelos biológicos realísticos. Assim, é possível compreender consequências futuras de práticas atuais empregadas em prol da preservação da biodiversidade e maximizar estratégias para a conservação e perpetuação de espécies florestais, que assim como *Plathymenia Reticulata* Benth., estão classificadas como vulneráveis à extinção (IUCN, 2016).

Portanto, o presente trabalho objetivou avaliar parâmetros genéticos populacionais entre gerações de *Plathymenia reticulata* Benth. a partir de simulação computacional na abordagem *forward* e verificar se o sistema de manejo empregado no Sul da Bahia, assim como as normas da atual legislação ambiental brasileira, podem afetar a dinâmica genética populacional a longo prazo.

Material e métodos

Espécie focal: *Plathymenia reticulata* Benth. (*LEGUMINOSAE-MIMOSOIDEAE*)

A espécie *Plathymenia reticulata* Benth, apresenta potencial para plantios mistos de restauração florestal e recuperação de áreas degradadas e possui alto valor econômico devido à excelente qualidade de sua madeira (CARVALHO, 2009). É de ocorrência do Cerrado e Mata Atlântica, que apresentam características de savana lenhosa e floresta

tropical, respectivamente (GOULART, 2005). É diplóide (2n = 26) (MOORE, 1977). Classificada no grupo sucessional como pioneira, possui comportamento decíduo e pode atingir até 30 m de altura e 150 cm de diâmetro em estádio reprodutivo (LACERDA et al., 2002). Suas flores são hermafroditas, polinizadas essencialmente por abelhas generalistas e a dispersão das sementes é anemocórica (WARWICK e LEWIS, 2003).

Área de estudo

Foram utilizados dados de estudos prévios de diversidade genética, fluxo gênico e estrutura genética espacial de quatro populações de *P. reticula* (OLIVEIRA, 2012). As populações foram amostradas em parcelas de 400 m por 400 m situadas nos seguintes municípios do estado da Bahia: Coaraci (14°36’57” S e 39°33’12” W), Arataca (15°15’36” S e 39°22’32” W), Jussari (15°09’19” S e 39°31’45” W) e Camacan (15°25’03” S e 39°32’47” W), na Fazenda Jaci (n=45), Fazenda Vencedora (n=53), RPPN (Reserva Particular de Patrimônio Natural) Serra do Teimoso (n=47) e RPPN Serra Bonita (n=278), duas cabrucas e duas Unidades de Conservação (UC), respectivamente. Conforme a classificação de *Köppen*, o clima predominante é Af, com precipitação anual de 1200 a 1300 mm e temperatura média de 25° C.

A Fazenda Vencedora é uma antiga cabruca, a qual pertence ao mesmo proprietário há mais de 80 anos. As práticas de roçagem são aplicadas nessa propriedade, porém, a exploração de árvores madeireiras não é realizada. A Fazenda Jaci é uma cabruca de cerca de 50 anos. A partir de 2001, a fazenda passou a pertencer à Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC) para o funcionamento da Biofábrica de Cacau e a cabruca é mantida, porém, não é realizada a retirada de árvores madeireiras. A RPPN Serra do Teimoso é localizada na Fazenda Serra do Teimoso, foi criada oficialmente em 1996. Possui um dossel bastante descontínuo, com árvores de grande porte que podem atingir 50 m de altura e até 35 cm de diâmetro (REIS e FONTOURA, 2009). A RPPN Serra Bonita é situada na Fazenda Paris, foi convertida em RPPN (Reserva Particular de Patrimônio Natural) em 2004. Anteriormente, não possui histórico de extração de árvores e é uma referência para a proteção de remanescentes da Mata Atlântica na região.

Em cada uma das áreas de estudo foi instalada uma parcela de 16 ha (400 x 400 m). As parcelas foram determinadas de forma aleatória e foi realizado um censo de *P. reticulata* com diâmetro à altura do peito (DAP) acima de 25 cm, assim, foram

georreferenciadas com auxílio de GPS (Garmin GPSMAP 60CSX) as árvores adultas das parcelas. Em todos os indíviduos marcados (423) foram coletadas amostras do tecido foliar para análise de DNA.

A região está imersa em meio a plantações de cacau com diferentes intensidades de manejo, desde áreas ativas até abandonadas (SAMBUICHI e HARIDASAN, 2007). Neste contexto, foi observado um comportamento na estrutura genética espacial da RPPN Serra do Teimoso similar às fazendas onde são praticadas "cabrucagem" (OLIVEIRA, 2012). Apesar de ser uma UC, no passado esta área compreendia uma cabruca onde práticas de roçagem e exploração madeireira eram comuns, o que afetou o arranjo espacial da população. Portanto, a simulação computacional dos dados genéticos considerou três áreas de cabruca (Fazenda Vencedora, Fazenda Jaci e RPPN Serra do Teimoso) e uma de floresta (RPPN Serra Bonita).

Simulação computacional

Para avaliar as mudanças de padrões genéticos entre gerações de *P. reticulata* foi utilizada a linguagem de programação do *software* R versão 3.6.1 (R Development Core Team 2018). As simulações foram executadas por meio de *loops*, procedimentos repetitivos que possibilitam automatizar uma tarefa, na estrutura *for* que permite repetir um procedimento um determinado número de vezes. Este tipo de programação foi utilizado por ser flexível e pelo fato da simulação ser na abordagem *forward*, ou seja, a partir de uma população inicial ancestral foi simulado o histórico evolutivo da espécie ao longo de um determinado número de gerações a frente do tempo.

Ao considerar o *pool* gênico, as populações foram classificadas em dois grupos distintos: cabruca (n=145) e floresta (n=278). Foi traçado um algoritmo genético para detalhar cenários de diferentes intensidades de manejo e exploração madeireira (Figura 1). Os parâmetros de entrada (*input)* foram utilizados considerando o banco de dados empíricos de marcadores moleculares composto por 9 locus microssatélites (SSR) de cada grupo, onde foram definidas quatro camadas no *loop*: *j*=loco, *i*=indivíduos, *k*=geração e *m*=simulação. Assim, foram automatizados os sorteios de parentais para cada geração e determinados os números de gerações, autofecundação, mortalidade, recrutamento, mutação e número de simulações.

O número de gerações simuladas foi 30, cada geração corresponde à idade de 30 anos, estádio reprodutivo da espécie (LACERDA, 2002). Foi empregada uma taxa de 46,15% de autofecundação devido à estimativa de 30% de endogamia presente nas

populações iniciais ancestrais (OLIVEIRA, 2012). A mortalidade e recrutamento foram simulados em intervalos de 0 a 100%, no intuito de obter um banco dados para, posteriormente, montar cenários de interesse. Para mutação foi empregada a taxa de 10^{-3} que corresponde à variação encontrada em marcadores microssatélites (STRAND et al.,1993; SCHLÖTTERER et al., 1998). As simulações foram repetidas 1000 vezes para aumentar a acurácia das estimativas dos padrões genéticos.

Ao longo das gerações, foi sorteado aleatoriamente um parental e a probabilidade de ocorrer autofecundação ou não. Não havendo autofecundação, outro parental foi sorteado e testado se em ambos há os mesmos locos. Caso tenham, é feito um novo sorteio. Após todo esse processo, a população ancestral inicial foi revertida para última amostra gerada. A sequência de passos do algoritmo foi determinada pela reprodução, mortalidade e recrutamento. Na reprodução se assumiu a taxa de autofecundação e os demais cruzamentos ocorreram aleatoriamente. A mortalidade nos dois grupos foi simulada em uma de escala de 0% a 100%. Em cabruca não foram consideradas reposições, já em floresta sim. Desse modo, foi possível avaliar flutuações ao longo do tempo tanto em cenários mais próximos aos que ocorrem na natureza, quanto cenários mais críticos como explorações clandestinas. Ao final de 30 gerações, critério de parada, os parâmetros de saída (*output*) foram a população final e o histórico evolutivo da espécie ao longo de 900 anos.

Análise de diversidade genética

Para calcular estimativas de parâmetros genéticos populacionais das populações presentes e simuladas, foi utilizado o pacote Adegenet (JOMBART, 2008) para a plataforma R versão 3.6.1 (R Development Core Team 2018). Foram estimados: i) Número total de alelos (A_t), ii) Alelos efetivos (A_e) (NEI, 1987), iii) Tamanho efetivo (N_e) baseado em estimativas de coeficiente de endogamia, iv) Heterozigosidade esperada (H_E) obtida pela média aritmética de todos locus (WEIR, 1996), v) Heterozigosidade observada (H_O) obtida pela razão do valor total de cada loco pelo número total de locus (WEIR, 1996) e vi) Índice de fixação de Wright ou coeficiente de endogamia (F_{IS}) estimado com base nas heterozigosidades esperada e observada (WEIR, 1996).

Resultados

Diversidade genética de *Plathymenia reticulata* Benth.

Cabruca

As variáveis simuladas em um panorama de 90% de mortalidade e 1% recrutamento, baseado no Decreto nº 15.180 (BRASIL, 2014) e, considerando exploração condicionada à permanência de 40 indivíduos de espécies nativas por hectare em áreas do sistema agroflorestal cabruca foi observada uma queda gradativa no número de alelos (A_t) ao longo das gerações, onde a primeira geração apresentou um total de 64 alelos e a trigésima 41.1 (Tabela 1). O que representa um déficit de 35,8% de alelos ao longo de 900 anos. A perda no número de alelos se acentua à medida que a porcentagem de mortalidade aumenta. O limiar para o declínio progressivo do número de alelos é a partir de 15% de mortalidade aplicada na população, ou seja, práticas de roçagem/raleio empregadas acima desse limite, por consequência, podem interferir na perda de diversidade genética a longo prazo no ambiente de cabruca. (Figura 2).

As estimativas de heterozigosidade observada (H_O) se mantiveram menores que as de heterozigosidade esperada (H_E) ao longo das gerações (Figura 3). Ao comparar, na primeira geração esses valores foram de 0.352 e 0.588 e de 0.404 e 0.560 para a última geração, respectivamente. Assim, é constatado um aumento no número de homozigotos na população em detrimento à prática de manejo empregada. Esse padrão fica mais claro ao observar o coeficiente de endogamia (F_{IS}) com variação de 0.379 na primeira geração e 0.276 na última geração.

O tamanho efetivo (N_e) apresentou inúmeras oscilações ao longo das gerações (Figura 3).

Floresta

Ao comparar variáveis simuladas correspondentes a 80% de mortalidade e 20% recrutamento, foi observado um número maior de alelos (80) nesta população, provavelmente, devido ao fato de ser situada em unidade de conservação. Porém, a queda do número de alelos foi gradativa de 80 alelos na primeira geração para 51.1 na trigésima geração (Tabela 2), correspondendo a uma perda de 36,125% em 900 anos.

O número de alelos (A_t) nesta população sofreu uma queda significativa ao longo das gerações e seu limiar de perda progressiva, assim como observado em cabruca, correspondeu a uma taxa de 15 % de mortalidade (Figura 4).

Foram observadas estimativas de heterozigosidade observada menores que as de heterozigosidade esperada (Figura 5). Onde na primeira geração a estimativa de heterozigosidade esperada foi de 0.607 e observada de 0.427 e, na última geração a

heterozigosidade esperada foi de 0.590 e observada de 0.419. Padrões que ficam mais claros ao observar o coeficiente de endogamia (F_{IS}) (Tabela 2). Apesar das heterozigosidades apontarem endogamia na população, seus valores são constantes ao longo das gerações.

O tamanho efetivo (N_e) também sofreu oscilações ao longo do tempo (Figura 3), onde a deriva genética é um mecanismo que pode influenciar através da ocorrência de eventos ao acaso, desde naturais até críticos, como queimadas e explorações clandestinas.

Ao considerar uma taxa de mortalidade de 1% e recrutamento de 1%, simulando um ambiente em equilíbrio, as estimativas dos parâmetros genéticos populacionais ao longo das gerações foram consideradas ótimas para a conservação por longo prazo. O número de alelos (A_t) na população sofre uma leve queda, onde apresenta um total de 80 alelos na primeira geração e 76,7 na trigésima geração (Tabela 3). Corresponde à perda de um percentual de 4.125% ao longo de 30 gerações.

Mesmo com o ambiente livre de perturbações, o número de homozigotos segue aumentando na população. São observados estimativas de heterozigosidade observada menores que as de heterozigosidade esperada. A geração 1 apresentou valores de 0.607 de H_E e o.427 de H_O, a geração 30, apresentou valores de 0.602 de H_E e 0.413 de H_O. Parâmetros que ficam mais claros ao avaliar o coeficiente de endogamia (F_{IS}) (Tabela 3). Portanto, se observa que há uma tendência da espécie em realizar maiores taxas de autofecundação que, consequentemente, influenciam no aumento da endogamia.

O tamanho efetivo (N_e) apresentou constância ao longo dos anos (Figura 6).

Discussão

Impactos do manejo florestal na dinâmica genética populacional

Nossos resultados apontaram alteração na dinâmica genética populacional de *P. reticulata* ao longo de 30 gerações, ou seja, no decorrer de 900 anos, em situações de mortalidade 90% e recrutamento 1% em cabruca e mortalidade 80% e recrutamento 20% em floresta, que simularam alta intensidade de manejo e elevada exploração de cobertura florestal.

Foi constatado que variações potenciais na diversidade genética são governadas pela intensidade de mortalidade. Assim, o parâmetro que mostrou claramente uma perda significativa ao longo das gerações foi o número de alelos (A_t), indicando ser este o mais sensível às oscilações entre mortalidade e natalidade populacional a longo prazo.

O limite para a diminuição progressiva no número de alelos corresponde à 15% de mortalidade aplicada nas populações de cabruca e floresta. E ao considerar o limiar de mortalidade de floresta similar ao de manejo intenso em área de cabruca, o sistema reprodutivo da espécie pode ser considerado um fator chave para explicar esse comportamento entre as populações avaliadas em diferentes ambientes (LACERDA, 2001).

Em ambos ambientes de estudo, cabruca e floresta, foram observados aumento no número de indivíduos homozigóticos, independente da taxa de mortalidade provocada. Afinal, este padrão também foi notado em ambiente equilibrado (m=1% e r-1%), o qual simulou condições ideais, livre de perturbações antrópicas. O aumento de homozigotos e diminuição de heterozigotos em uma população podem estar relacionados ao sistema reprodutivo da espécie, à ação da deriva genética e corte seletivo (KAGEYAMA, 2003). Assim, as ações destes mecanismos evolutivos se enquadram aos cenários simulados com altas mortalidades (m=90% e m=80%), e particularidades do sistema reprodutivo da espécie podem explicar também o comportamento observado em ambiente equilibrado.

O provável aumento da taxa de endogamia nas populações manejadas pode ter sido intensificado pelo impacto de práticas de manejo e exploração da cobertura florestal, que influencia na redução da densidade de árvores reprodutivamente maduras. Como consequência da redução da densidade pode haver um favorecimento de cruzamento entre indivíduos aparentados, principalmente se considerarmos que a espécie naturalmente possui estrutura genética espacial (OLIVEIRA, 2012). Nessas populações simuladas pode ocorrer uma tendência à autofecundação ou ao cruzamento entre indivíduos aparentados devido ao manejo e exploração das áreas.

Além disso, esta condição de mudanças espaciais devido ao manejo pode acarretar alterações no comportamento dos polinizadores de modo que seus movimentos comecem a ter a tendência de ocorrer de forma predominante nas copas das árvores, ainda mais no caso das árvores longevas, devido à escassez de flores (SEBBENN et al., 2001).

Apesar da diferença entre as estimativas de heterozigosidades observada e esperada apontarem endogamia nas populações, as mesmas se mantiveram em valores constantes, não sendo observados picos ou oscilações ao longo das gerações. A heterozigosidade fornece uma boa medida da capacidade de uma população responder à seleção imediatamente após um gargalo. Porém, é o número de alelos restantes que é relevante para se obter uma resposta a longo prazo à seleção e sobrevivência das populações, afinal, haverá maior chance de presença de alelos raros

que podem responder melhor às mudanças ambientais (ALLENDORF, 1986). Portanto, para fins de conservação genética, as heterozigosidades não são considerados os parâmetros populacionais mais adequados para indicar sobrevivência a longo prazo (RAJORA E MOSSELER, 2001).

O tamanho efetivo (Ne) sofreu inúmeras oscilações ao longo das gerações. É sugerido que os picos se relacionam à ação do mecanismo evolutivo da deriva genética devido à estocasticidade conferida às simulações (WRIGHT, 19651). Afinal, as populações passaram por processos de manejo e exploração, os quais afetaram o número de indivíduos e, consequentemente, a deriva genética pode ter ocasionado a perda de diversidade, o que significa ter as frequências dos genes afastadas daquelas que ocorriam na população original. Principalmente, porque a população foi afetada pela redução do número de indivíduos ao longo do tempo.

No cenário 3, os parâmetros genéticos estimados se mantiveram constantes, inclusive, a perda de alelos foi bem pequena comparado à população original, onde não chegou nem a 4.125% de alelos perdidos. Este resultado era esperado, afinal, nesse cenário há equilibro entre as forças evolutivas. É sabido que a diversidade genética é introduzida constantemente nas populações através de mutação e migração e perdida através de deriva genética e seleção natural (CONTE, 2006). A partir do momento em a população se encontra em equilíbrio, essas forças se anulam.

Aplicabilidade da legislação ambiental brasileira

Em cabruca, sob altas taxas de mortalidade, a população apresentou uma perda de aproximadamente 40% dos alelos totais. Situação que indicou perda de diversidade genética em uma previsão para 900 anos. Assim, repensar a forma e a intensidade com que o manejo é empregado na região cacaueira é fundamental para aliar o desenvolvimento econômico aos benefícios ecossistêmicos que este agroecossistema pode oferecer.

Ao recorrer às diretrizes estabelecidas pela legislação Estadual da Bahia pelo Decreto nº 15.180 (BRASIL, 2014), que autoriza o manejo de espécies nativas para aumentar a produtividade de amêndoas de cacau, se observa que também é estabelecida a manutenção, conservação e uso sustentável desse agroecossistema, através de práticas de enriquecimento ecológico da área cultivada pela reintrodução de árvores e por meio da conservação de indivíduos jovens de espécies nativas.

Porém, na prática a grande maioria dos produtores da região fazem uso indiscriminado da roçagem/raleio da vegetação para reduzir a densidade de sombra nas cabrucas no intuito de aumentar a produção do cacau. Entretanto, esta prática impossibilita a sobrevivência de indivíduos jovens até idade reprodutiva. São mantidas apenas as espécies nativas que exercem função de sombreamento do cultivo agrícola, ou seja, as plantas já adultas e de grande porte, impedindo a renovação populacional. Além disso, a reintrodução de novos indivíduos nativos também não é uma prática comum na região, ou quando acontece, há preferência no investimento de espécies viáveis financeiramente, como por exemplo, jequitibá, jacarandá-da-bahia e maçaranduba (PIASENTIN et al., 2014). Estas espécies, nem sempre tem um papel ecossistêmico importante na manutenção de polinizadores e dispersores.

Em floresta, a população também apresentou uma perda de aproximadamente 40% no número de alelos totais ao ser exposta à altas taxas de mortalidade. Umas das possibilidades que este cenário engloba é o corte seletivo que afeta o arranjo espacial da população, que desencadeia efeitos negativos na genética de populações de espécies arbóreas como perda de alelos, redução da heterozigosidade, aumento da endogamia e redução do tamanho efetivo populacional de futuras gerações (BEM, 2015). E neste contexto, a aplicação efetiva de instrumentos da política ambiental ganham maior relevância, visto que mais da metade da vegetação nativa remanescente do país se encontra em propriedades privadas, e não em unidades de conservação (BRANCALION et al., 2016).

Ainda baseado neste cenário de alternativas que minimizem efeitos negativos na genética de populações arbóreas, é válido ressaltar o potencial do mercado de carbono na contribuição do desenvolvimento rural sustentável, principalmente, em áreas de pequena produção agrícola localizadas na Floresta Atlântica através de práticas de reflorestamento em sistemas agroflorestais, assim como as cabrucas do Sul da Bahia. O reflorestamento tem a capacidade de reduzir a concentração de gás carbônico na atmosfera e restabelecer diversos serviços ecossistêmicos como manutenção de mananciais hídricos, estrutura e fertilidade do solo, conservação da biodiversidade e fornecimento de diversos produtos florestais (MALKAMÄKI et al., 2018). Porém, a renda do carbono é vista apenas como incentivo para manter áreas de reflorestamento a longo prazo, afinal, não podem ser vistas como principal fonte de financiamento no sistema (UPSON e BURGESS, 2013).

Ao analisar as normativas vigentes da Lei nº 12.651 (BRASIL, 2012), com intuito de aplicar meios de minimizar os efeitos causados por diferentes intensidades de manejo

e exploração florestal, uma proposta que se destaca é o Cadastro Ambiental Rural (CAR) um monitoramento geral dos imóveis rurais do Brasil, ao abranger terras destinadas à produção, uso público, povos indígenas e unidades de conservação. Apesar da utilidade ambiental, principalmente, pelo monitoramento da cobertura vegetal e a conectividade de paisagens, a falta de aderência dos proprietários de terra ao cadastro e sucessivos descumprimentos de prazos também inviabilizam o alcance dos objetivos esperados (SOUZA FILHO et al., 2015). Além disso, é válido ressaltar que essa lei é o principal instrumento para alavancar a restauração florestal. Esta por sua vez também é essencial para aumentar a conectividade da paisagem e prover serviços ecossistêmicos. O foco principal da restauração tem sido a recuperação da estrutura florestal e da diversidade taxonômica das árvores, sendo notada ainda uma atenção limitada à conservação genética (VIANA et al., 2018).

Portanto, ao recorrer às aplicabilidades da legislação ambiental brasileira, é possível notar que existem medidas em prol da proteção e manutenção ecossistêmica. E neste sentido é necessário ressaltar a importância do conhecimento genético para a conservação e perpetuação de espécies a longo prazo, que é finalidade deste trabalho (RALLS et al., 2017). A preservação genética já foi recomendada pela International Union for Conservation for Nature (IUCN) e em alguns países já é exigida pela legislação (LAIKRE et al., 2010). Porém, os avanços científicos na genética da conservação ainda não foram totalmente incorporados em políticas de gestão da maioria dos governos, uma questão que necessita ser discutida e colocada em evidência (COOK e SGRÒ, 2017).

Estratégias de conservação para a espécie

Considerando a espécie focal deste estudo - *P. reticulata* e ainda que nossos cenários ocorram no futuro, esta espécie, apesar de sofrer modificações na dinâmica genética populacional ao longo das gerações, em decorrência da aplicação de alta taxas de mortalidade, apresentaria uma queda no número total de alelos de aproximadamente 40% em ambos ambientes (Floresta e Cabruca) simulados. Nossos resultados genéticos parecem bastante promissores do ponto de vista da conservação, ao imaginar em uma perspectiva de que esse declínio ocorreria ao longo de 900 anos de exploração e aplicação de manejo florestal. Porém, as implicações do manejo e exploração florestal são inúmeras, que vão desde perda contínua de alelos devido à deriva genética ao aumento da endogamia na população, que a longo prazo pode ocasionar maior probabilidade de autofecundação ou cruzamento entre aparentados, que dificulta a capacidade de

sobrevivência e adaptação das espécies, podendo chegar ao nível de extinção (KAGEYAMA, 1998). Por isso fica o alerta com relação aos resultados práticos aos quais esse estudo teve por finalidade. Assim, são sugeridas práticas de **enriquecimento ecológico** em áreas de cabruca e incentivo a restauração de áreas degradadas em ecossistemas florestais para auxiliar na manutenção da conservação genética da espécie. Afinal, essas iniciativas visam o cumprimento da legislação ambiental, restabelecimento de serviços ecossistêmicos e proteção de espécies nativas locais (TABARELLI et al., 2010).

Conclusão

A mortalidade, que simulou aplicações de intensidade de manejo e exploração florestal de acordo com a legislação vigente, foi o fator que influenciou sobremaneira a perda de diversidade genética ao longo das 30 gerações nos dois ambientes de estudo. Correspondeu à um limiar de 15% de mortalidade para perda progressiva do número de alelos tanto em cabruca quanto em floresta.

Ao seguir limites de mortalidade de espécies nativas, a legislação ambiental brasileira pode ser um instrumento efetivo no que tange à conservação da espécie, afinal, para um período de 900 anos, foi perdido aproximadamente um terço do número de alelos tanto na área de cabruca quanto na área de floresta deste estudo.

O parâmetro que indicou perda brusca de diversidade genética nas populações simuladas de cabruca e floresta foi o número de alelos (A_t).

As heterozigosidades são parâmetros não adequados para apontar perda brusca de diversidade genética a longo prazo.

Figuras

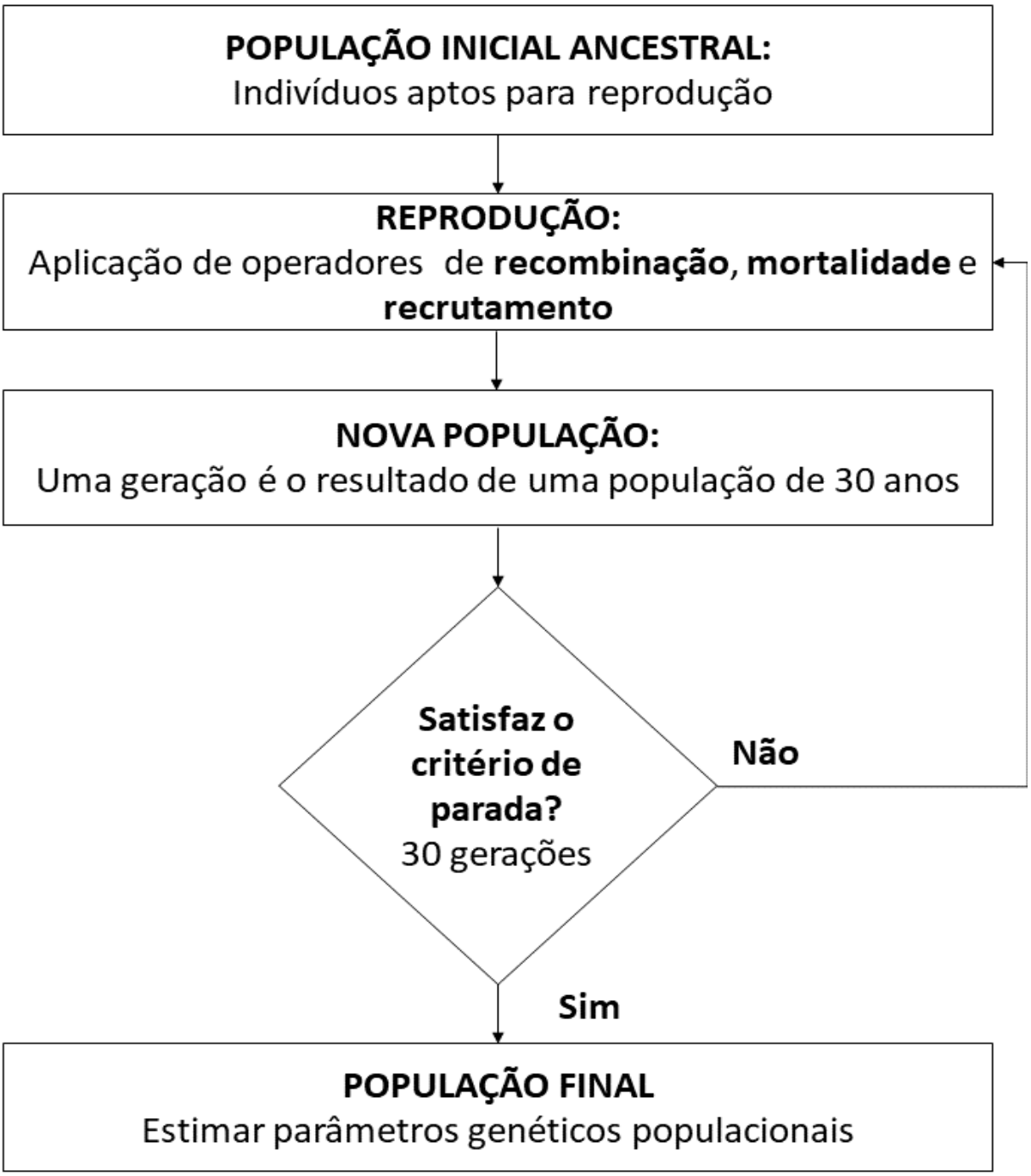

Figura 1. Representação do algoritmo de simulação genética para populações de ambientes de cabruca e floresta da espécie *Plathymenia reticulata* Benth.

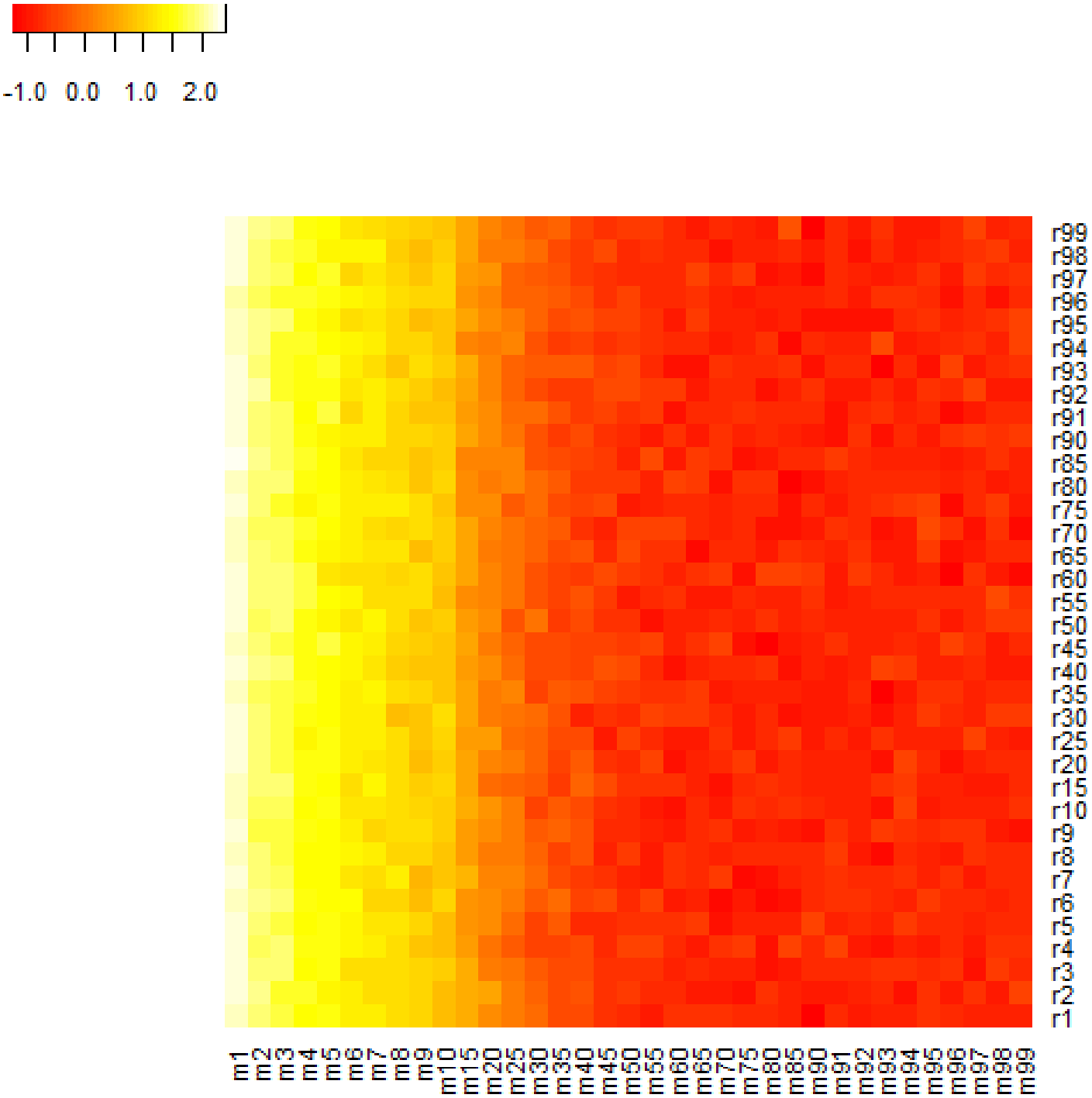

Figura 2. Perda do número de alelos (A_t) ao longo de 30 gerações simuladas de *Plathymenia reticula*ta Benth. sob diferentes porcentagens de mortalidade (m) e recrutamento (r) em cabruca

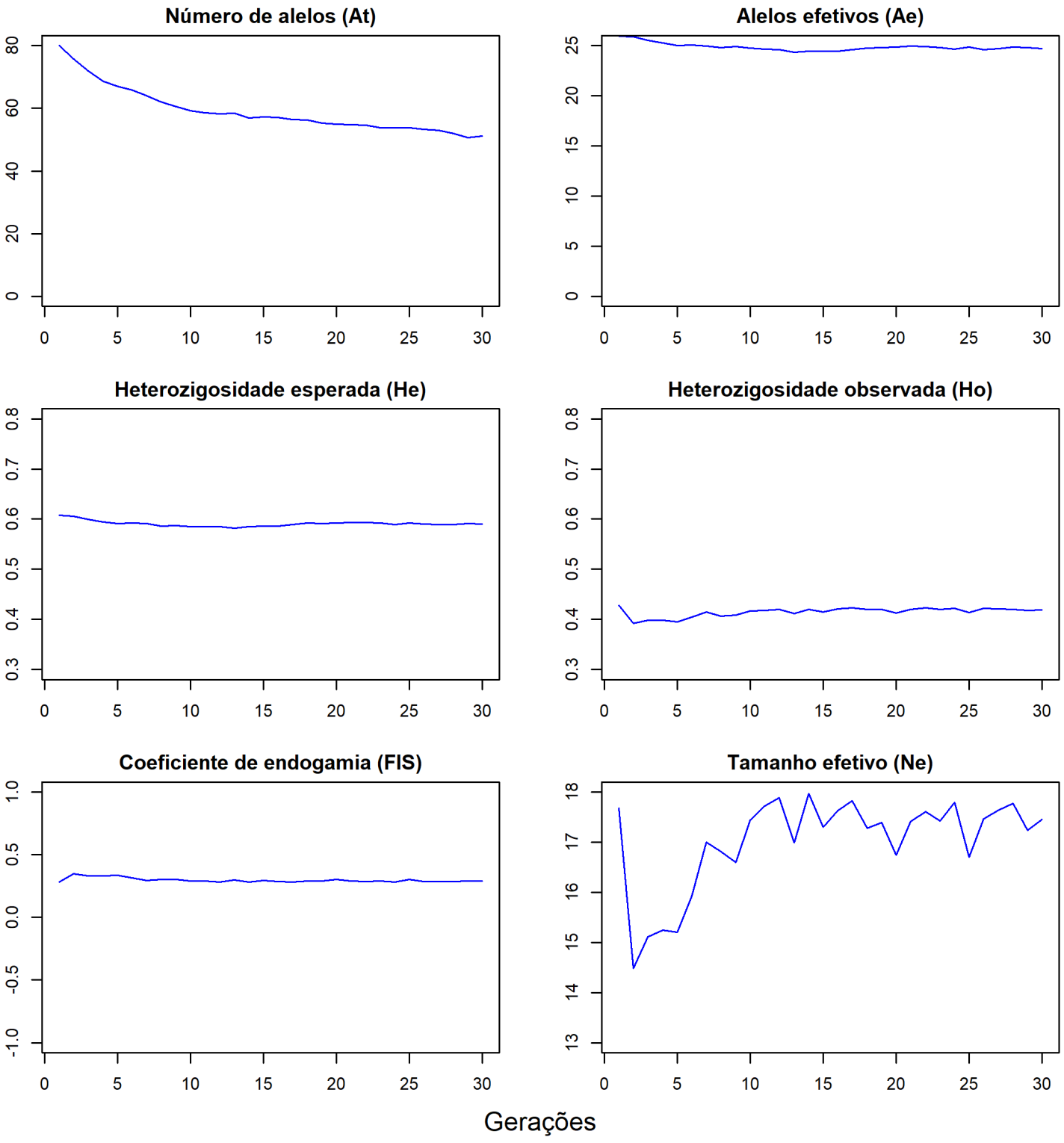

Figura 3. Parâmetros genéticos populacionais de 30 gerações simuladas de *Plathymenia reticulata* Benth. expostas a 90% de mortalidade e 1% de recrutamento em ambiente de cabruca.

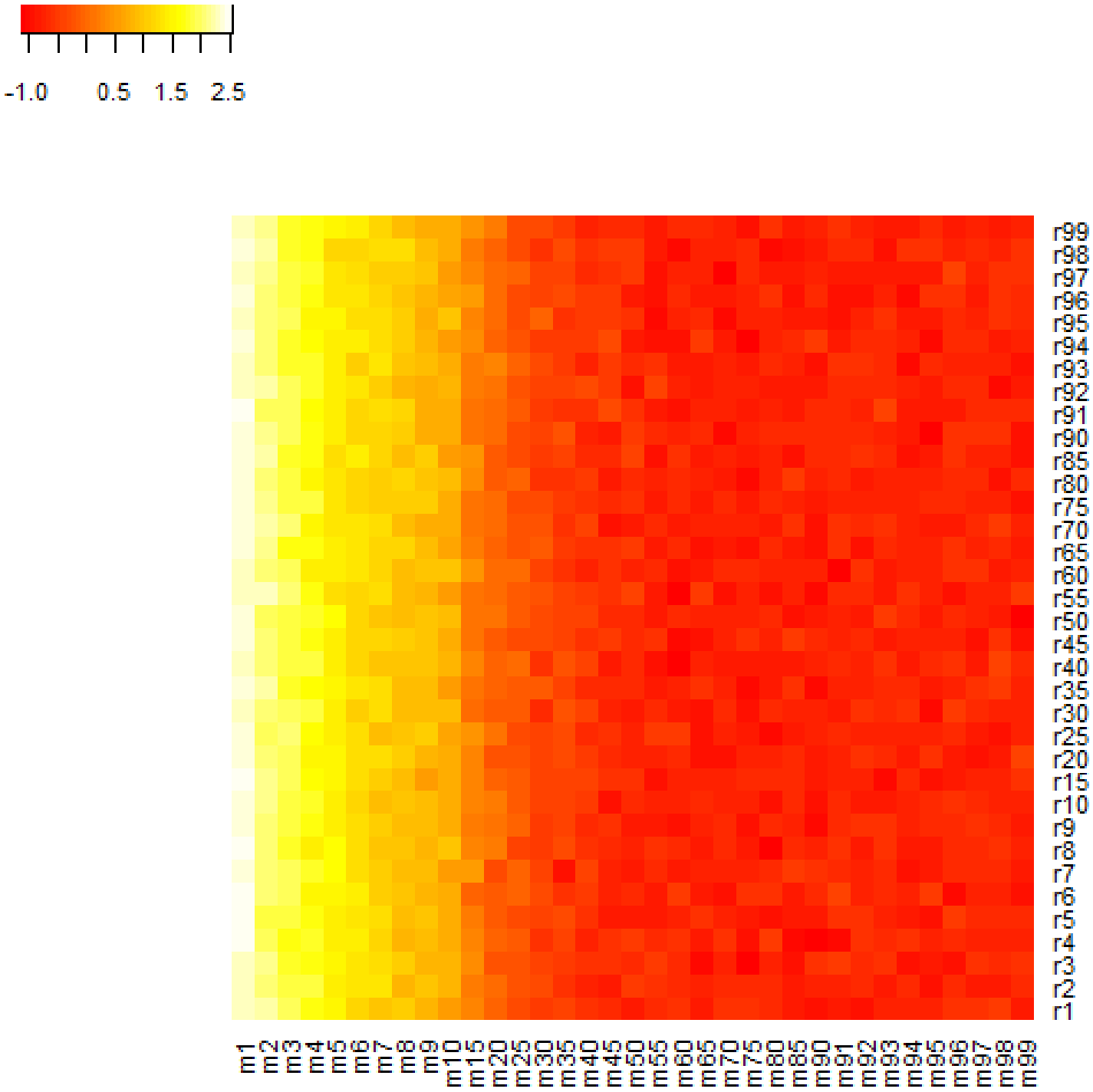

Figura 4. Perda do número de alelos (A_t) ao longo de 30 gerações simuladas de *Plathymenia reticula*ta Benth. sob diferentes porcentagens de mortalidade (m) e recrutamento (r) em floresta.

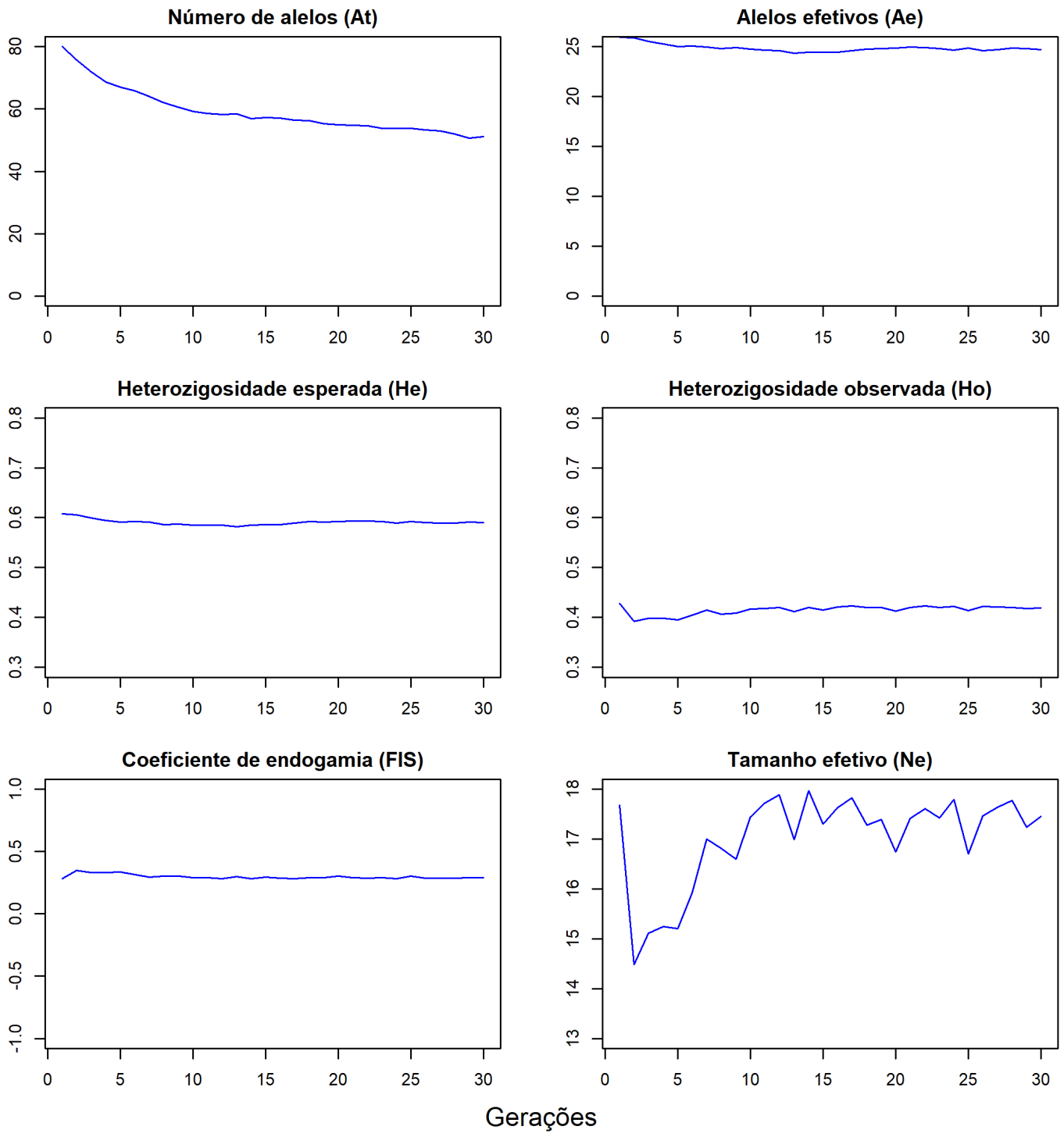

Figura 5. Parâmetros genéticos populacionais de 30 gerações simuladas de *Plathymenia. Reticulata* Benth. expostas a 80% de mortalidade e 20% de recrutamento em ambiente de floresta.

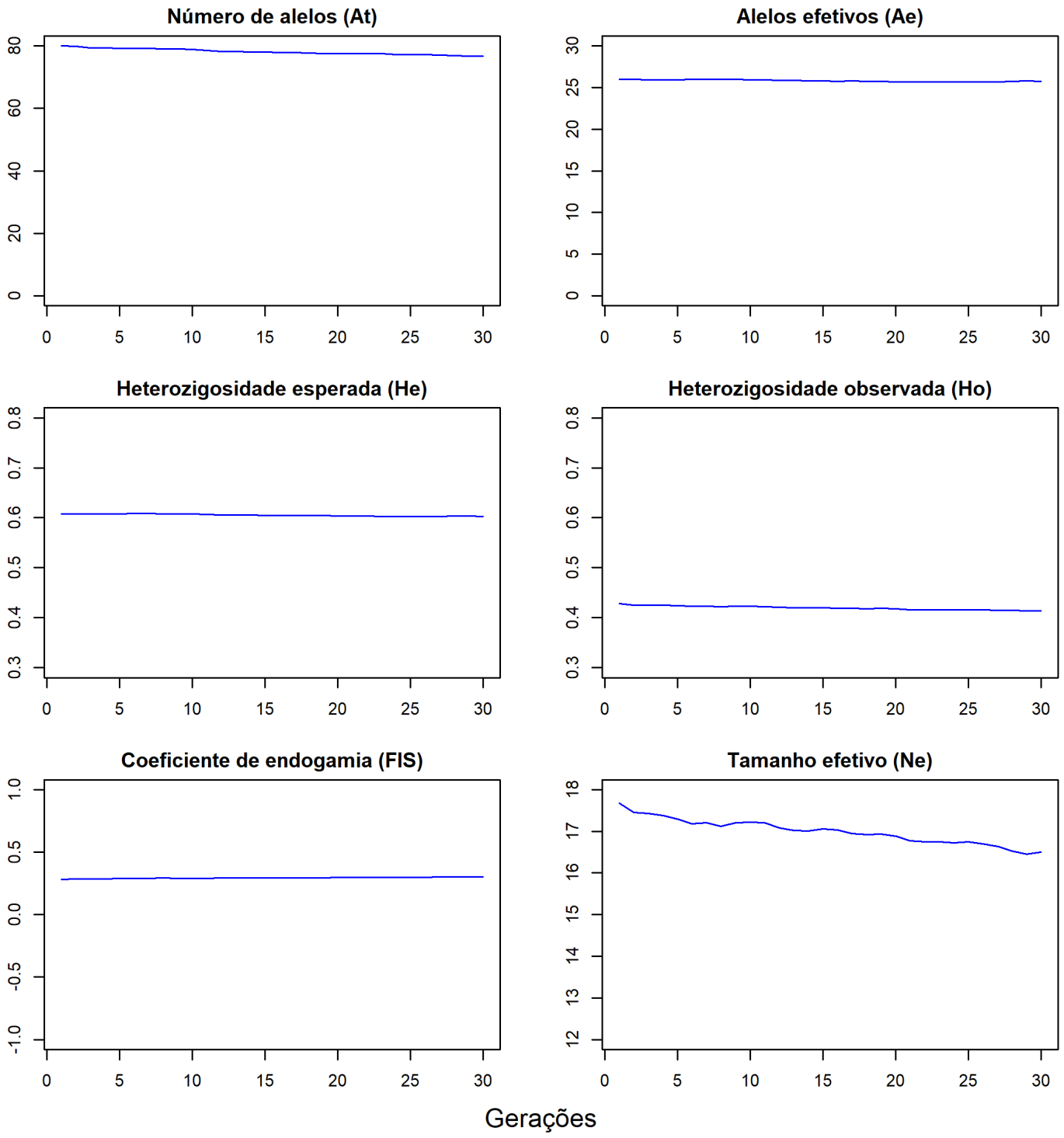

Figura 6. Parâmetros genéticos populacionais de 30 gerações simuladas de *Plathymenia. Reticulata* Benth. expostas a 1% de mortalidade e 1% de recrutamento em ambiente de floresta.

Tabelas

Tabela 1. Parâmetros genéticos populacionais de 30 gerações simuladas de *Plathymenia reticulata* Benth expostas a 90% de mortalidade e 1% de recrutamento em cabruca.

Gerações	A_t	A_e	N_e	H_E	H_O	F_{IS}
1	64.0	27.56	13.16	0.588	0.352	0.379
2	61.8	27.34	15.33	0.585	0.388	0.327
3	59.8	27.19	16.34	0.584	0.405	0.307
4	58.5	27.30	16.03	0.583	0.399	0.314
5	56.7	27.31	17.53	0.584	0.411	0.289
6	55.8	27.01	18.22	0.581	0.416	0.279
7	54.7	26.58	18.41	0.578	0.415	0.273
8	53.5	26.37	17.31	0.576	0.407	0.291
9	52.6	26.36	17.54	0.579	0.411	0.291
10	50.7	26.46	17.60	0.578	0.410	0.289
11	49.7	26.20	17.75	0.577	0.411	0.291
12	48.8	25.82	16.78	0.577	0.403	0.300
13	48.3	25.90	18.16	0.579	0.414	0.286
14	47.1	25.68	17.70	0.575	0.411	0.283
15	46.7	25.78	18.48	0.576	0.417	0.276
16	46.5	25.63	18.24	0.574	0.411	0.280
17	45.9	25.45	18.03	0.572	0.406	0.284
18	46.2	25.40	18.43	0.569	0.405	0.273
19	44.7	25.15	18.68	0.568	0.404	0.273
20	44.6	25.24	18.98	0.569	0.418	0.267
21	43.9	24.86	17.93	0.564	0.397	0.287
22	43.1	24.60	18.26	0.563	0.405	0.278
23	43.1	24.19	17.24	0.559	0.393	0.292
24	42.8	24.27	16.34	0.561	0.389	0.308
25	43.2	24.48	16.13	0.561	0.390	0.314
26	42.7	24.25	17.52	0.562	0.399	0.293
27	41.6	24.12	18.60	0.561	0.405	0.270
28	41.5	24.15	19.77	0.560	0.413	0.255
29	41.1	24.15	18.39	0.558	0.399	0.275
30	41.1	24.17	18.37	0.560	0.404	0.276

A_t=número de alelos; A_e=número de alelos efetivos; N_e=tamanho efetivo; H_E=heterozigosidade esperada; H_O=heterozigosidade observada; F_{IS}=coeficiente de endogamia.

Tabela 2. Parâmetros genéticos populacionais de 30 gerações simuladas de *Plathymenia reticulata* Benth expostas a 80% de mortalidade e 20% de recrutamento em floresta.

Gerações	A_t	A_e	N_e	H_E	H_O	F_{IS}
1	80.0	25.96	17.68	0.607	0.427	0.282
2	75.7	25.90	14.48	0.605	0.392	0.347
3	71.9	25.53	15.11	0.599	0.398	0.332
4	68.7	25.27	15.24	0.594	0.398	0.332
5	67.0	25.01	15.20	0.591	0.394	0.333
6	65.8	25.05	15.92	0.591	0.404	0.316
7	64.0	24.94	17.00	0.591	0.415	0.295
8	62.0	24.81	16.80	0.586	0.406	0.301
9	60.5	24.92	16.59	0.586	0.408	0.304
10	59.3	24.78	17.43	0.585	0.417	0.289
11	58.6	24.65	17.71	0.585	0.417	0.289
12	58.2	24.60	17.89	0.585	0.420	0.283
13	58.5	24.36	16.98	0.582	0.411	0.296
14	57.0	24.46	17.96	0.585	0.420	0.283
15	57.2	24.43	17.29	0.586	0.415	0.293
16	57.1	24.46	17.63	0.586	0.420	0.285
17	56.4	24.61	17.82	0.589	0.423	0.281
18	56.2	24.77	17.28	0.591	0.420	0.290
19	55.2	24.78	17.38	0.591	0.419	0.289
20	55.0	24.86	16.74	0.592	0.412	0.302
21	54.8	24.96	17.40	0.593	0.420	0.289
22	54.7	24.89	17.60	0.592	0.422	0.285
23	53.8	24.81	17.42	0.592	0.419	0.289
24	53.8	24.67	17.79	0.589	0.421	0.282
25	53.8	24.84	16.70	0.591	0.414	0.301
26	53.3	24.61	17.46	0.590	0.421	0.287
27	53.0	24.72	17.63	0.589	0.420	0.286
28	52.0	24.85	17.77	0.589	0.419	0.283
29	50.7	24.80	17.23	0.591	0.418	0.290
30	51.1	24.67	17.45	0.590	0.419	0.288

A_t=número de alelos; A_e=número de alelos efetivos; N_e=tamanho efetivo; H_E=heterozigosidade esperada; H_O=heterozigosidade observada; F_{IS}=coeficiente de endogamia.

Tabela 3. Parâmetros genéticos populacionais de 30 gerações simuladas de *Plathymenia reticulata* Benth expostas a 1% de mortalidade e 1% de recrutamento em floresta.

Gerações	A_t	A_e	N_e	H_E	H_O	F_{IS}
1	80.0	25.96	17.68	0.607	0.427	0.282
2	79.8	25.97	17.45	0.607	0.425	0.286
3	79.4	25.93	17.43	0.607	0.424	0.286
4	79.4	25.95	17.38	0.607	0.424	0.287
5	79.2	25.96	17.29	0.607	0.423	0.289
6	79.2	26.00	17.18	0.608	0.423	0.291
7	79.2	26.02	17.20	0.608	0.423	0.290
8	79.0	26.00	17.11	0.607	0.422	0.292
9	79.0	25.99	17.20	0.607	0.422	0.290
10	78.9	25.95	17.22	0.607	0.422	0.290
11	78.5	25.93	17.21	0.606	0.422	0.290
12	78.2	25.87	17.08	0.605	0.420	0.292
13	78.2	25.85	17.02	0.605	0.420	0.293
14	78.1	25.83	17.00	0.605	0.419	0.294
15	78.0	25.78	17.06	0.604	0.419	0.293
16	77.9	25.75	17.03	0.604	0.419	0.293
17	77.9	25.77	16.95	0.604	0.418	0.295
18	77.7	25.75	16.92	0.604	0.418	0.295
19	77.6	25.75	16.94	0.604	0.418	0.295
20	77.5	25.71	16.88	0.603	0.417	0.296
21	77.5	25.71	16.76	0.603	0.416	0.298
22	77.5	25.68	16.74	0.603	0.416	0.298
23	77.5	25.66	16.75	0.602	0.415	0.298
24	77.3	25.68	16.72	0.602	0.415	0.299
25	77.3	25.71	16.75	0.602	0.416	0.298
26	77.2	25.71	16.69	0.603	0.415	0.299
27	77.0	25.71	16.63	0.602	0.414	0.300
28	76.9	25.76	16.54	0.603	0.414	0.303
29	76.8	25.81	16.45	0.603	0.413	0.304
30	76.7	25.77	16.50	0.602	0.413	0.303

A_t=número de alelos; A_e=número de alelos efetivos; N_e=tamanho efetivo; H_E=heterozigosidade esperada; H_O=heterozigosidade observada; F_{IS}=coeficiente de endogamia.

Referências

ALLENDORF, F. W. Genetic Drift and the Loss of Alleles Versus Heterozygosity, *v.5, p.181–190, 1986.*

ASSIS, R. L. Desenvolvimento rural sustentável no Brasil: perspectivas a partir da integração de ações públicas e privadas com base na agroecologia. Economia aplicada. v.10, n.1, 2006.

BARLOW, J.; FRANÇA, F.; GARDNER, T.A. The future of hyperdiverse tropical ecosystems *Nature* **559,** p.517–526, 2018.

BARLOW, J. On the extinction of the single-authored paper: the causes and consequences of increasingly collaborative applied ecological research. *J. Appl. Ecol*. **55**, p. 1–4, 2018.

BRASIL. Lei n° 12.651, de 25 de maio de 2012. Dispõe sobre a proteção da vegetação nativa; altera as Leis nos 6.938, de 31 de agosto de 1981, 9.393, de 19 de dezembro de 1996, e 11.428, de 22 de dezembro de 2006; revoga as Leis nos 4.771, de 15 de setembro de 1965, e 7.754, de 14 de abril de 1989, e a Medida Provisória no 2.166–67, de 24 de agosto de 2001; e dá outras providências.

BRASIL. DECRETO Nº 15.180 DE 02 DE JUNHO DE 2014.Regulamenta a gestão das florestas e das demais formas de vegetação do Estado da Bahia, a conservação da vegetação nativa, o Cadastro Estadual Florestal de Imóveis Rurais - CEFIR, e dispõe acerca do Programa de Regularização Ambiental dos Imóveis Rurais do Estado da Bahia e dá outras providências.

BRITTO, P.C.; JAEGER, D.; HOFFMANN, S.; ROBERT, R.C.G.; FANTINI, A.C.; VIBRANS, A.C. Productivity assessment of timber harvesting techniques for supporting sustainable forest management of secondary Atlantic Forests in southern Brazil. Annals Of Forest Research, v.2, n.60, p. 203–215, 2017.

CARVALHO, P. E. R. Vinhático - Plathymenia reticulata. Colombo: Embrapa Florestas, p.11. (Embrapa Florestas. Comunicado Técnico, 231), 2009.

CONTE, R.; REIS, M.S.; VENCOVSKY, R. Effects of management on the genetic structure of Euterpe edulis Mart. populations based on microsatellites. Scientia Forestalis, n. 72, p. 81–88, 2006.

COOK, C. N; SGRÒ, C.M. Aligning science and policy to achieve evolutionarily enlightened conservation. Conservation Biology. v.31, p.501–512, 2017.

DELABIE, J. H. C.; ARGOLO, A. J. S; BENOIT, J.; CASSANO, C. R.; JARED, C.; MARIANO, C. S. F.; FARIA, D. M.; SCHTOTH, G.; OLIVEIRA, L. C.; BEDE, L. C.; MOURA, R. T.; LACAU, S.; ROCHA, W. D. Paisagem cacaueira no sudeste da Bahia: Desafios e oportunidades para a conservação da diversidade animal no século XXI. Agrotrópica. v.3, p.107 –114, 2011.

GALETTI, M.; PIZO, M. A.; MORELLATO, P. C. Fenologia, frugivoria e dispersão de sementes. In: CULLEN Jr., L; VALLADARES-PADUA, C.; RUDRAN, R. (Org.). Métodos de estudo em biologia da conservação e manejo da vida silvestre. Curitiba: Universidade Federal do Paraná; Fundação O boticário de Proteção a Natureza, p.395–422, 2003.

GANZHORN, S.; THOMAS, W.; GAIOTTO, F.; LEWIS, J. Effects of fragmentation on density and population genetics of a threatened tree species in a biodiversity hotspot. Journal of Tropical Ecology, v.31, n.5, p.437-447, 2015.

GOULART M. F.; LEMOS FILHO J. P.; LOVATO M. B. Phenological variation within and among populations of Plathymenia reticulata in Brazilian Cerrado, Atlantic Forest and transitional sites. Ann. Bot. v.96, p.445–455, 2005.

IUCN (2016). A Lista Vermelha da IUCN de Espécies Ameaçadas. Versão 2016–3.

JOMBART, T. Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. Bioinformatics, 2008. 24: 1403–1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129.

KAGEYAMA, P. Consequências genéticas da conservação da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. Série Técnica IPEF, Piracicaba, v.12, n.32, p.65–70, 1998.

KAGEYAMA, P. Diversidade genética em espécies tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. Scientia Forestalis. v.64, p.93–107, 2003.

KILLEEN, T. J.; GARCÍA, E.; BECK, S. G. Guía de árboles de Bolivia. Editorial del Instituto de Ecologia [distributor]; Missouri Botanical Garden [distributor], 1993.

LACERDA, D. R.; LEMOS FILHO, J. P.; ACEDO, M. D. P.; LOVATO, M.B. Molecular differentiation of two vicariant neotropical tree species, Plathymenia foliolosa and P. reticulata (Mimosoideae), inferred using RAPD markers. Plant Systematics and Evolution. v.235, n.14, p.67–77, 2002.

LAIKRE, I; ALLENDORF, F. W, ARONE, L. C. Neglect of genetic diversity in implementation of the Convention on Biological Diversity. Conservation Biology. v.24, p.86–88, 2010.

MALKAMÄKI, A; D'AMATO, D; HOGARTH, N. J.; KANNINEN, M; PIRARD, R.; ZHOU, W. A systematic review of the socio-economic impacts of large-scale tree plantations, worldwide. Global Environmental Change. v.53, p.90–103, 2008.

MOORE, R. J. Index to plant chromosome number 1973-1974. Regnum Vegetable. v.91, p.1–257, 1977.

MOREIRA, J. S.; VIANA, T.; SILVA, L. G.; SANTOS, A.; ARAÚJO, A.; FERREIRA, A. R.; AHNERT, D.; MELLO, D. L. Potencial de Produção de Cacau Orgânico em Assentamentos Rurais no Sul da Bahia. Ciorganicos, 2013.

FERNANDES, R.; ROITMAN, I., ALVIM, F. Challenges for agroecological and organic management of Cabruca cocoa agroecosystems in three rural settlements in south Bahia, Brazil: perceptions from local actors. Agroforest Syst, v. 93, p.1961–1972, 2019.

OLIVEIRA, F. A. Diversidade, fluxo gênico, estrutura genética espacial e conservação de Plathymenia reticulata na paisagem agroflorestal cacaueira – "Cabrucas". (Dissertação de mestrado em Genética e Biologia Molecular). UESC, Ilhéus, 2012.

OLIVEIRA, F. A.; TARAZI, R., MENEZES, I. P. P.; VAN DEN BERG, C.; TSAI, S. M.; GAIOTTO, F. A. Microsatellite markers for Plathymenia reticulata (Leguminosae). American Journal of Botany, v.99, 2012.

PATERSON, A.H.; DAMON, S.; HEWITT. M. Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparison across species, generations, and environments. **Genetics**, Chapel Hill, v. 127, p. 181–197, 1991.

PERES, C. A.; GARDNER, T. A.; BARLOW, J.; ZUANON, J. Conservação da biodiversidade em paisagens de florestas amazônicas modificadas pelo homem. Biol. Conserv. v.143, p.2314–2327, 2010.

PIASENTIN, F. B.; SAITO, C. H.; SAMBUICHI, R. H. S. Local tree preferences in the cacao-cabruca system in the southeast of Bahia, Brazil. Ambiente & Sociedade. v.17, n.3, p. 55–78, 2014.

RAJORA, O. P.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation pf forest genetic resources. v.118, p.19–212, 2001.

R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/.

ROMEIRO, A. R. Sustainable development: an ecological economics perspective. estudos avançados. v. 26, n.74 , 2012.

SAMBUICHI, R. H. R. Estrutura e dinâmica do componente arbóreo em área de cabruca na região cacaueira do sul da Bahia, Brasil. Acta Botânica Brasilica. v.20, p.943–954, 2006.

SAMBUICHI, R.H. R.; HARIDASAN, M. Recovery of species richness and conservation of native Atlantic forest trees in the cacao plantations of southern Bahia in Brazil, Biodiversity and Conservation, v.16, p.3681–3701, 2007.

SAMBUICHI, R. H. R; VIDAL, D. B.; PIASENTIN, F. B.; JARDIM, J. G.; VIANA, T. G; MENEZES, A. A.; BALIGAR, V. C. Cabruca agroforests in southern Bahia, Brazil: tree component, management practices and tree species conservation, v.21 , p.1055–1077, 2012.

SCHETTINO, L. F.; SCHETTINO, S.; MARTINS, M. R.; MEINETTE, L.J. O novo Código Florestal brasileiro e a reformulação da visão de sustentabilidade. ACSA, Patos-PB, v.14, n.3, p.228–233, 2018.

SCHLÖTTERER, C.; RITTER, R.; HARR, B.; BREM, G. High mutation rate of a long microssatellite allele in Drosophila melanogaster provides evidence for allele-specific mutation rates. Molecular and Biology Evolution. v.15, n.10, p.1269–1274, 1998.

SILVA-JUNIOR, J.A.; FRANÇA, D.; MORAES, R.C.S. Development of microsatellite markers for Manilkara maxima T.D. Penn. (Sapotaceae) and their use in conservation genetics. Molecular Biology Reports, v.6, n.43, p.451–455, 2016.

SOARES, L.A.S.S.; CAZETTA, E.; SANTOS, L.R.; FRANÇA, D.S.; GAIOTTO, F.A. Anthropogenic Disturbances Eroding the Genetic Diversity of a Threatened Palm Tree: A Multiscale Approach. Frontiers in Genetics. 10:1090, 2019.

SOS Mata Atlântica, INPE, 2017. Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica: período 2015-2016. SOS Mata Atlântica e INPE, São Paulo.

STRAND, M.; PROLLA, T. A.; LISKAY, R. M.; PETES, T. D. Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. Nature, v.365, p.274–276, 1993.

TABARELLI, M. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: lessons from aging human-modified landscapes. Biological Conservation, 2010.

UPSON, M. A; BURGESS, P. J. Soil organic carbon and root distribution in a temperate arable agroforestry system. Plant and Soil. v.373, p.43–58, 2013.

VIANA, J. P.; SIQUEIRA, M. V.; GRANDO, C.; SUJII, P. S.; et al. Genomic diversity is similar between Atlantic Forest restorations and natural remnants for the native tree Casearia silvestris Sw. PLOS ONE, v.13, 2018.

WARWICK, M.C.; LEWIS, G.P. Revision of Plathymenia (Leguminosae - Mimosoideae). Edinb. J. Bot. v.60, p.111–119, 2003.

WEIR, B. S. Análise de Dados Genéticos II: Métodos para Dados Genéticos de População Discreta. Sinauer Assoc., Inc .: Sunderland, MA, EUA, 1996.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution, Lancaster, v. 19, p.95–42, 1965.

REFERÊNCIAS COMPLEMENTARES

ALGER, K.; CALDAS, M. The-Declining Cocoa Economy and the Atlantic Forest of Southern Bahia, Brazil: Conservation Attitudes of Cocoa Planters. The Environmentalist, v.14, n.2, p.107–119, 1994.

ARENAS, M. Simulation of Molecular Data under Diverse Evolutionary Scenarios. PLoS Computational Biology, v.8, n.5, 2012.

ASSIS, G.M.L. Efeito do número de genes na avaliação genética utilizando dados simulados. (Dissertação de Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2005.

BALKENHOL, N.; WAITS, L. P.; DEZZANI, R. J. Statistical approaches in landscape genetics: an evaluation of methods for linking landscape and genetic data. Ecography, v.32, n.5, p.818–830, 2009.

BALLOUX, F.; LUGON-MOULIN, N. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. Molecular Ecology. v.11, p. 155–165, 2002.

BORGES, C. P.; FERREIRA, C. D.; DIAS, D. P. Superação da dormência em sementes de Plathymenia reticulata Benth. Nativa: Pesquisas Agrárias e Ambientais. v.7, n. ,p.317–322, 2019.

BRANCALION, P.H. S. et. al. Análise crítica da Lei de Proteção da Vegetação Nativa (2012), que substituiu o antigo Código Florestal: atualizações e ações em curso. Revista Natureza & Conservação. ABEC. v. 14, p. 1–16, abr. 2016.

BRASIL, Constituição da República Federativa do Brasil, 1988.

BRASIL. Lei n° 12.651, de 25 de maio de 2012. Dispõe sobre a proteção da vegetação nativa; altera as Leis nos 6.938, de 31 de agosto de 1981, 9.393, de 19 de dezembro de 1996, e 11.428, de 22 de dezembro de 2006; revoga as Leis nos 4.771, de 15 de setembro de 1965, e 7.754, de 14 de abril de 1989, e a Medida Provisória no 2.166-67, de 24 de agosto de 2001; e dá outras providências.

BRASIL. DECRETO Nº 15.180 DE 02 DE JUNHO DE 2014.Regulamenta a gestão das florestas e das demais formas de vegetação do Estado da Bahia, a conservação da vegetação nativa, o Cadastro Estadual Florestal de Imóveis Rurais - CEFIR, e dispõe acerca do Programa de Regularização Ambiental dos Imóveis Rurais do Estado da Bahia e dá outras providências.

CABRAL, D.; CESCO, S. Notas para uma história da exploração madeireira na Mata Atlântica do Sul-Sudeste. Ambiente & Sociedade, v.11, n.1, p.33–48, 2008.

CAMPANILI, M.; PROCHNOW, M. Rede de ONGs da Mata Atlântica. Mata Atlântica: uma rede pela floresta. Brasília: RMA, p. 332, 2006.

CARJAVAL-RODRÍGUEZ, A. C. Simulation of Genomes: A Review. Current genomics. v.9, n.3, 2008.

CASSANO, C.R.; SCHROTH, G.; FARIA, D. Landscape and farm scale management to enhance biodiversity conservation in the cocoa producing region of southern Bahia, Brazil. *Biodivers Conserv*, v.3, n.18, p.577–603, 2009.

CASSANO, C.R., SCHROTH, G., FARIA, D., DELABIE, J.H.C. e BEDE, L. Landscape and farm scale management to enhance biodiversity conservation in the cocoa producing region of southern Bahia, Brazil. Biodiversity and Conservation, v.18, n.3, p.577–603, 2008.

CEPLAC. Personal communication with Departamento Estatistico, Comiss~o Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira, Itabuna, Brasil, 2018.

CHAZDON, R. L. Beyond Deforestation: Restoring Forests and Ecosystem Services on Degraded Lands, Science. v.320, p.1458–1460, 2008.

CHOMITZ, K.M.; ALGER, K.; THOMAS, T.S.; ORLANDO, H.; NOVA, P.V. Opportunity costs of conservation in a biodiversity hotspot: the case of southern Bahia, v.10, n.3, p.293–312, 2005.

COUTINHO, M. P. et. al. O Código Florestal Atual (Lei Federal nº 12.651/2012) e suas implicações na prevenção de desastres naturais. Sustentabilidade em Debate, v.4, n.2, p.237–256, 2013.

CONTE, R.; REIS, M.S.; VENCOVSKY, R. Effects of management on the genetic structure of Euterpe edulis Mart. populations based on microsatellites. Scientia Forestalis, n. 72, p. 81–88, 2006.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. 1a ed. Visconde do Rio Branco-MG: Suprema, p.620, 2011.

DAWSON, I.K.; GUARIGUATA, M.R.; LOO, J. What is the relevance of smallholders' agroforestry systems for conserving tropical tree species and genetic diversity in circa situm, in situ and ex situ settings? A review. *Biodivers Conserv, v.2, n.***22,** 301–324, 2013.

DELABIE, J. H. C.; ARGOLO, A. J. S; BENOIT, J.; CASSANO, C. R.; JARED, C.; MARIANO, C. S. F.; FARIA, D. M.; SCHTOTH, G.; OLIVEIRA, L. C.; BEDE, L. C.; MOURA, R. T.; LACAU, S.; ROCHA, W. D. Paisagem cacaueira no sudeste da Bahia: Desafios e oportunidades para a conservação da diversidade animal no século XXI. Agrotrópica. v.3, p.107–114, 2011.

DIAS, M. H. The Mercantile Forest: timber exploration in the captaincy of Ilhéus in the eighteenth century. v.30, p.193–214, 2010.

ESTOPA, R. A.; SOUZA, A. M. S.; MOURA, M.C. O; BOTREL, C. G.; MENDONÇA, E. G.; CARVALHO, D. Diversidade genética em populações naturais de candeia (Eremanthus erythropappus (DC.) MacLeish). Scientia Florestalis, Lavras. v.70, p. 97–106, 2006.

FARIA, D.; PACIENCIA, M. B. ; DIXO, M. ; LAPS, Rudi Ricardo ; BAUMGARTEN, J. . Ferns, frogs, lizards, birds and bats in forest fragments and shade cacao plantations of two contrasting landscapes in the Atlantic forest, Brazil. Biodiversity and Conservation, v. 16, p. 2335-2357, 2007.

FARIA, D., BAUMGARTEN, J. Shade cacao plantations (*Theobroma cacao*) and bat conservation in southern Bahia, Brazil. *Biodivers Conserv,* v.2, n16, 291–312, 2007.

FOFANA, I. J.; OFORI, D.; POITEL, M.; VERHAEGEN, D. Diversity and genetic structure of teak (*Tectona grandis* L.f) in its natural range using DNA microsatellite markers. New Forests, v.37, p.175–195, 2008.

FREITAS, L. S.; MELO, C. A. F.; GAIOTTO, F. A.; CORRÊA, R. X. SSR Based Genetic Diversity Analysis in Diploid Algaroba (Prosopis spp.) Population. Journal of Agricultural Science, v. 11, p. 179–190, 2018.

GOULART M. F.; LEMOS FILHO J. P.; LOVATO M. B. Phenological variation within and among populations of Plathymenia reticulata in Brazilian Cerrado, Atlantic Forest and transitional sites. Ann. Bot. v.96, p.445–455, 2005.

GUIMARÃES, C. et al. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. Informe Agropecuário, v. 30, p. 24–33, 2009

HOBAN, S., BERTORELLI, G.; GAGGIOTTI, O. E. Computer simulations: tools for population and evolutionary genetics. Nature Reviews Genetics, v.13, n.2, p.110–122, 2012.

HOLL, K. D. Restoring tropical forests from the bottom up. Science. v.355, p.455–456, 2017.

HUGHES, A. R.; INOUYE, B. D.; JOHNSON, M. T. J.; UNDERWOOD, N.; VELLEND, M. (2008). Ecological consequences of genetic diversity. Ecology Letters, v.11, n.6, p.609–623, 2008.

JAEGER, P. Caracterização genética e demográfica de populações Xylopia emarginata Mart. (Anonaceae). Dissertação de Mestrado em Engenharia Florestal. UFLA, Lavras, 2004.

JOLY, C. A.; METZGER, J. P.; TABARELLI, M. Experiences from the Brasilian Atlantic Forest: ecological findings and conservation initiatives. New Phytol, p.459–473, 2014.

JUNIOR, A. F. M.; CARVALHO, D.; PÓVOA, J. S. R.; BEARZOTI, E. Estrutura genética de populações naturais de pequizeiro (Caryocar brasiliense Camb.). Scientia Florestalis, n.66. p. 56–65, 2004.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F. B. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. Série técnica ipef, v. 12, n. 32, p. 65–70, 1998.

LANKAU, R.A. Conflicts in maintaining biodiversity at multiple scales. Molecular Ecology, v. 20, n. 10, p. 2035–2037, 2011.

LINO, C. F.; DIAS, H. (Orgs). Anuário Mata Atlântica 2014: Convenção da Diversidade Biológica - Metas de Aichi – CDB - A Mata Atlântica e as metas Nacionais da Biodiversidade para 2020. Instituto Amigos da Reserva da Biosfera da Mata Atlântica. IA-RBMA, São Paulo, 2014.

LOBÃO, D. Agroecossistema cacaueiro da bahia: cacau cabruca e fragmentos florestais na conservação de espécies arbóreas. Tese de Doutorado. Universidade Estadual Paulista. Jaboticabal-SP, 2007.

LOBÃO, D.; VALERI, S.V. Conservação de espécies arbóreas da Floresta Atlântica. Agrotrópica. v.21, p.43 – 54, Centro de Pesquisas do Cacau, Ilhéus, Bahia, Brasil, 2009.

LORENZI, H. Árvores Brasileiras. Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Editora Plantarum, p.382p, 2000.

MARTÍN-QUELLER, E.; DIEZ, J.M.; IBÁÑEZ, I.; SAURA, S. Effects of silviculture on native tree species richness: interactions between management, landscape context and regional climate. Journal Of Applied Ecology, v. 50, n. 3, p. 775–785, 2013.

MITTERMEIER, R. A.; TURNER, W. R.; LARSEN. F. W.; BROOKS, T. M.; GASCON, C. Global biodiversity conservation: the critical role of hotspot. Biodiversity Hotspots, Springer, Berlin, Heildelberg, p. 3–22, 2011.

MOREIRA, J. S.; VIANA, T.; SILVA, L. G.; SANTOS, A.; ARAÚJO, A.; FERREIRA, A. R.; AHNERT, D.; MELLO, D. L. Potencial de Produção de Cacau Orgânico em Assentamentos Rurais no Sul da Bahia. Ciorganicos, 2013.

MARQUES, M.C.M.; SWAINE, M.D.; LIEBSCH, D. Diversity distribution and floristic differentiation of the coastal lowland vegetation: implications for the conservation of the Brazilian Atlantic Forest. Biodivers Conserv, v1, n.20, p.153–168, 2011.

MOORE, R. J. Index to plant chromosome number 1973-1974. Regnum Vegetable. v.91, p.1–257, 1977.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; FONSECA, G. A. B.; KENT, J**.** Biodiversity hotspots for conservation priorities. Nature. p. 853–858, 2000.

NOVAES, R. M. L.; DE LEMOS FILHO, J. P.; RIBEIRO, R. A.; LOVATO, M. B. Phylogeography of Plathymenia reticulata (Leguminosae) reveals patterns of recent range expansion towards northeastern Brazil and southern Cerrados in Eastern Tropical South America. Molecular Ecology, v.19, n.5, p.985–998, 2010.

OLIVEIRA, A. Associação das abordagens de genética quantitativa e de genética de populações no melhoramento de plantas. (Tese de Doutorado em Genética e Melhoramento). UFV, Viçosa, 2015.

OLIVEIRA, F. A. Diversidade, fluxo gênico, estrutura genética espacial e conservação de Plathymenia reticulata na paisagem agroflorestal cacaueira – “Cabrucas”. (Dissertação de mestrado em Genética e Biologia Molecular). UESC, Ilhéus, 2012.

OLIVEIRA, F. A.; TARAZI, R., MENEZES, I. P. P.; VAN DEN BERG, C.; TSAI, S. M.; GAIOTTO, F. A. Microsatellite markers for Plathymenia reticulata (Leguminosae). American Journal of Botany, v.99, 2012.

PARDINI, R.; FARIA, D. ; ACCACIO, G. M. ; LAPS, R. R. ; MARIANO-NETO, E. ; PACIENCIA, M. L. B. ; DIXO, M. ; BAUMGARTEN, j . The challenge of maintaining Atlantic forest biodiversity: A multi-taxa conservation assessment of

specialist and generalist species in an agro-forestry mosaic in southern Bahia. Biological Conservation, v. 142, p. 1178–1190, 2009.

PATERSON, A.H.; DAMON, S.; HEWITT. M. Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparison across species, generations, and environments. **Genetics**, Chapel Hill, v. 127, p. 181–197, 1991.

PENG, B.; CHEN, H. S.; MECHANIC, L. E.; RACINE, B., CLARKE, J.; GILLANDERS, E.; FEUER, E. J. Genetic Data Simulators and their Applications: An Overview. Genetic Epidemiology, v.39, p.2–10, 2014.

PINTO, S. I. C.; SOUZA, A. M.; CARVALHO, D. Variabilidade genética por isoenzimas em populações de *Copaifera langsdorffi* Desf. em dois fragmentos de mata ciliar. **Scientia Forestalis,** n.65, p.40–48, 2004.

POSSAMAI, G.; GONÇALVES, T. M. O Código Florestal Brasileiro de 2012: contexto e cenário de sua aprovação: uma Análise sociopolítica. Revista Direito Ambiental e sociedade , v. 7, n. 3, 2017.

RAJORA, O. M.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. Euphytica, v.118, n.2, p.197–212, 2001.

RAO, V. T.; HODGKIN, T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. Plant Cell, Tissue and Organ Culture. v.68, p.1–19, 2002.

RAPOSO, A.; MARTINS, K.; CIAMPI, A. Y.; OLIVEIRA, W.; VEASEY, E. A. Diversidade genética de populações de andiroba no Baixo Acre. Pesq. agropec. bras., Brasília, v.42, n.9, p.1291–1298, 2007.

RIBEIRO, M. C.; METGZER, J. P.; MARTENSEN, A. C.; PONZONI, F.; HIROTA, M.. Brazilian Atlantic forest: how much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. Biological Conservation. v.142, p.1141–1153, 2009.

ROCHA, L. ; BENCHIMOL, M. ; MAYFIELD, M. M. ; **Faria, D.** ; PESSOA, M. S. ; Talora, D. ; MARIANO, E. ; CAZETTA, E. . Functional decay in tree community within tropical fragmented landscapes: Effects of landscape-scale forest cover. PLoS ONE (Electronic), v. 12, p. e0175545, 2017.

ROCHA, L. ; PESSOA, M. S. ; Cassano, Camila R. ; TALORA, D. C. ; ORIHUELA, R. L. ; MARIANO, E. ; MORANTE-FILHO, J. C. ; FARIA, D. ; CAZETTA, E. . The shrinkage of a forest: Landscape-scale deforestation leading to overall changes in local forest structure. Biological Conservation, v. 196, p. 1–9, 2016.

ROLIM, S. G.; SAMBUICHI, R.H.R.; SCHROTH, G.; NASCIMENTO, M.T.; GOMES, J.M.L. Recovery of Forest and Phylogenetic Structure in Abandoned Cocoa Agroforestry in the Atlantic Forest of Brazil. Environmental Management, v. 59, n. 3, p. 410–418, 2016.

SAMBUICHI, R.H.R.; HARIDASAN, M. Recovery of species richness and conservation of native Atlantic forest trees in the cacao plantations of southern Bahia in Brazil. Biodivers Conserv, v.13, n.16, p.3681–3701, 2007.

SAMBUICHI, R. H. R; VIDAL, D. B.; PIASENTIN, F. B.; JARDIM, J. G.; VIANA, T. G; MENEZES, A. A.; BALIGAR, V. C. Cabruca agroforests in southern Bahia, Brazil: tree component, management practices and tree species conservation, v.21 , p.1055–1077, 2012.

SÁNCHEZ, Carlos Filipe Barreira. Diversidade entre e dentro de populações simuladas sob deriva genética. 2008. 85 f. Dissertação de Mestrado em Genética e Melhoramento, UFV, Viçosa, 2008.

SCARANO, F. R.; CEOTTO, P. Brasilian Atlantic Forest: impact, vulnerability, and adaptation to climate change. Biodiversity and Conservation. v.24, p.2319–2331, 2015.

SCHETTINO, L. F.; SCHETTINO, S.; MARTINS, M. R.; MEINETTE, L.J. O novo Código Florestal brasileiro e a reformulação da visão de sustentabilidade. ACSA, Patos-PB, v.14, n.3, p.228–233, 2018.

SCRHOTH, G.; FARIA, D.; ARAUJO, M.; BEDE, L.; VAN BAEL, S. A.; CASSANO, C. R.; DELABIE, J. H. C. Conservation in tropical landscape mosaics: the case of the cacao landscape of southern Bahia, Brazil. Biodiversity and Conservation, v.20, p.1635–1654, 2011.

SCHROTH, G.; BEDE, L. C.; PAIVA, A. O.; CASSANO, C. R.; AMORIM, A. M.; MARIANO-NETO, E.; MARTINI, A. M. Z.; SAMBUICHI, R. H. R.; LÔBO, R. N.

Contribution of agroforests to landscape carbon storage. Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change,.v.20, p.1175–1190, 2013.

SCHROTH, G.; BEDE, L.C.; PAIVA, A.O. Contribution of agroforests to landscape carbon storage. Mitig Adapt Strateg Glob Change, v.7, n.20, p.1175–1190, 2015.

SETENTA, W.; LOBÃO, D. Bases agroambientais para um programa de recuperação da lavoura cacaueria bahiana. Central Nacional dos Produtores de Cacau (CNPC). Itabuna-BA, 2000.

SETENTA, W.; LOBÃO, D. Conservação Produtiva: cacau por mais de 250 anos. Itabuna-BA, 2012.

SILVA, D. V.; DIAS, E. S. O Código Florestal Brasileiro no processo de disputa e conciliação entre proteção ambiental e desenvolvimento econômico. Revista Eletrônica da Associação dos Geógrafos Brasileiros. n. 27, 2018.

SILVA JÚNIOR, M.C. Cem árvores do Cerrado: guia de campo. Rede de sementes do Cerrado. Brasília, 2005.

SOTERRONI, A. C.; MOSNIER, A.; CARVALHO, A. X.; CÂMARA, G.; OBERSTEINER, M.; ANDRADE, P. R.; SOUZA, R. C.; BROCK, R.; PIRKER, J.; KRAXNER, F.; HAVLIK, P.; KAPOS, V.; ERMGASSEM, E. K.; VALIN, H.; RAMOS, F. M. Future environmental and agricultural impacts of Brazil's Forest Code. Environmental Research Letters. v.13, 2018.

SOUZA, L. C.; JÚNIOR, A. L. S.; SOUZA, M.C.; KUNZ, S. H.; MIRANDA, F. D. Genetic diversity of Plathymenia reticulata Benth. in fragments of Atlantic Forest in southeastern Brazil. Genetics and Molecular Research, v.16, 2017.

SOS Mata Atlântica, INPE. Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica: período 2015-2016. SOS Mata Atlântica e INPE, São Paulo, 2017.

SOS Mata Atlântica, INPE. Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica: período 2017-2018. SOS Mata Atlântica e INPE, São Paulo, 2019.

STEANE, D.A.; CONOD, N.; JONES, R.C. A comparative analysis of population structure of a forest tree, Eucalyptus globulus (Myrtaceae), using microsatellite markers and quantitative traits. Tree Genetics & Genomes. v.2, p.30–38, 2006.

TABARELLI, M.; AGUIAR, A. V.; RIBEIRO, M. C.; METZGER, J. P.; PERES, C. A. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: Lessons from aging human-modified landscapes. Biological Conservation, 2009. doi:10.1016/j.biocon.2010.02.005

TABARELLI, M. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: lessons from aging human-modified landscapes. Biological Conservation, 2010.

THOMAS, W. W.; CARVALHO, A. M. V. D.; AMORIM, A. M. A.; GARRISON, J.; ARBELA´EZ, A. L. Biodiversity and Conservation, v.7, n.3, p.311–322, 1998.

TEIXEIRA, M. M.; BARKER, B. M. Use of Population Genetics to Assess the Ecology, Evolution, and Population Structure ofCoccidioides. Emerging Infectious Diseases, [S.L.], v. 22, n. 6, p. 1022-1030, 2016.

VÄLI, E.; EINARSSON, A.; WAITS, L.; ELLEGREN, H. To what extent do microsatellite markers reflect genome-wide genetic diversity in natural populations? Molecular Ecology. v.17, p.3808–3817, 2008.

VIANA, J. P.; SIQUEIRA, M. V.; GRANDO, C.; SUJII, P. S.; et al. Genomic diversity is similar between Atlantic Forest restorations and natural remnants for the native tree Casearia silvestris Sw. PLOS ONE, v.13, 2018.

WAN, H.Y.; CUSMAN, S.A.; GANEY, J.L. Habitat Fragmentation Reduces Genetic Diversity and Connectivity of the Mexican Spotted Owl: A Simulation Study Using Empirical Resistance Models. Genes, 2018.

WARWICK, M.C.; LEWIS, G.P. Revision of Plathymenia (Leguminosae - Mimosoideae). Edinb. J. Bot. v.60, p.111–119, 2003.

YUAN, X.; MILLER, D. J.; ZHANG, J.; HERRINGTON, D.; WANG, Y. An Overview of Population Genetic Data Simulation. Journal of computational biology. v.19, n.1, 2012.