

Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Efeitos de diferentes intensidades de corte seletivo sobre a diversidade e estrutura genética de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae) acessada por marcadores microssatélites

Rafael Henrique Roque

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências, Programa: Recursos Florestais. Opção em: Silvicultura e Manejo Florestal

Piracicaba
2023

Rafael Henrique Roque
Bacharel em Engenharia Florestal

Efeitos de diferentes intensidades de corte seletivo sobre a diversidade e estrutura genética de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae) acessada por marcadores microssatélites
versão revisada de acordo com a Resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI**

Coorientador:
Prof. Dr. **DAVID BOSHIER**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em Ciências, Programa: Recursos Florestais. Opção em: Silvicultura e Manejo Florestal

Piracicaba
2023

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Roque, Rafael Henrique

Efeitos de diferentes intensidades de corte seletivo sobre a diversidade e estrutura genética de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae) acessada por marcadores microssatélites / Rafael Henrique Roque. - - versão revisada de acordo com a Resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2023.

70 p.

Tese (Doutorado) - - USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Coníferas 2. Exploração florestal 3. Marcadores microssatélites 4. Conservação genética 5. Pinheiro do Paraná I.
Título

DEDICATÓRIA

“Dedico esse trabalho aos meus pais, Neuzi e Domingos Roque”.

AGRADECIMENTOS

À Deus e a todas as forças positivas do universo que me permitiram chegar até aqui.

À minha família, meus pais, Domingos e Neuzi, minha irmã Fabiana e meu sobrinho Lucas, por acreditarem em mim e me apoiarem em todos os passos até aqui.

Ao professor Evandro Tambarussi, pela orientação desde o mestrado, pelo conhecimento compartilhado, pela compreensão nos momentos necessários e principalmente pela amizade que me ofereceu.

Ao Professor Alexandre Sebbenn por toda ajuda no desenvolvimento da tese, pelas madrugadas de análises, conversas e conhecimentos compartilhados.

Ao Professor David Boshier pela honra de ter aceitado ser meu coorientador, pelos direcionamentos, disponibilidade, conhecimento e suporte que sempre ofereceu.

Ao Professor Afonso Figueiredo Filho por todo apoio oferecido a esse projeto, pelas contribuições e disponibilidade de sempre. Meu agradecimento também pela participação na comissão julgadora da minha banca de defesa.

À Professora Maria Imaculada Zucchi por aceitar participar da comissão julgadora da minha banca de defesa.

Aos demais professores que contribuíram com a minha formação ao longo do período de doutorado, em especial prof. Edson Vidal, Antonio Augusto Franco Garcia, José Baldin Pinheiro, Ananda Virgínia Aguiar, João Bacchega, Clarice Demetrio, Roberto Fritsche Neto, Demóstenes Filho, Mario Tommasiello, Mario Moares, Pedro Brancalion, Marcos Sorrentino e Carlos Alberto Labate.

A todos os professores que passaram por minha vida e contribuíram com minha formação profissional e pessoal.

À Giovana Maria de Oliveira pela assessoria no âmbito da pós-graduação e, principalmente, pela amizade e companheirismo ao longo desses anos de doutorado.

À Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Florestais por todo o suporte necessário para a realização dessa pesquisa.

À Universidade Estadual do Centro-Oeste, escola responsável pela minha formação, onde realizei minha graduação e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestais, onde obtive o título de mestre.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ) pela bolsa de estudos concedida.

Ao projeto “Imbituvão” pelo apoio com pessoal de campo, dados e investimento nessa pesquisa.

À Isabel Homczinski pela amizade, pela colaboração, sugestões e ajuda de sempre.

Ao João Paulo de Lara pela amizade que já me acompanha desde o início da graduação.

À Midian Dias Prestes pela amizade, pela companhia nos momentos que precisei e pelo apoio de sempre.

Ao Pedro H. Rodrigues pelo companheirismo, dedicação e apoio que sempre ofereceu e pela ajuda com a formatação do trabalho.

A todos os amigos e colegas que convivi por algum momento durante esse período, na Esalq, na Unicentro, Piracicaba, Telêmaco Borba, Irati ou até mesmo de forma virtual.

À minha amiga Lucélia Lemes (*in memoriam*), pelo apoio e pela amizade sincera que sempre ofereceu. Sei o quanto torceu por esse momento, e ele também é dedicado a você.

A todos os trabalhadores brasileiros que têm seus impostos investidos em ciência e educação.

A todos que contribuíram com a realização desse trabalho.

EPÍGRAFE

*“Se não puderes ser um pinheiro, no topo de uma colina,
Sê um arbusto no vale, mas sê
O melhor arbusto à margem do regato.
Sê um ramo, se não puderes ser uma árvore.
Se não puderes ser um ramo, sê um pouco de relva
E dá alegria a algum caminho.
Se não puderes ser uma estrada,
Sê apenas uma senda,
Se não puderes ser o Sol, sê uma estrela.
Não é pelo tamanho que terás êxito ou fracasso...
Mas sê o melhor no que quer que sejas.”*

Douglas Malloch

SUMÁRIO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	9
LISTA DE FIGURAS.....	10
LISTA DE TABELAS.....	11
1. INTRODUÇÃO.....	12
2. OBJETIVOS.....	16
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	18
3.1. <i>Araucaria angustifolia</i> : descrição da espécie e seu contexto ecológico.....	18
3.2. Histórico da exploração de <i>A. angustifolia</i>	22
3.3. Legislação e exploração: o manejo sustentável de <i>A. Angustifolia</i> é possível?... 25	
3.4. Diversidade genética, marcadores microssatélites e manejo sustentável de <i>A. angustifolia</i>	27
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	30
4.1. Local de estudo e amostragem.....	30
4.2. Extração do DNA e genotipagem de microssatélites.....	32
4.3. Análise da diversidade genética.....	32
4.4. Estrutura genética espacial e tamanho efetivo populacional.....	33
4.5. Análise de Parentesco.....	34
5. RESULTADOS.....	36
5.1. Diversidade genética.....	36
5.2. Estrutura genética espacial e tamanho efetivo populacional.....	37
5.3. Fluxo gênico.....	39
6. DISCUSSÃO.....	42
6.1. Diversidade genética e tamanho efetivo populacional.....	42
6.2. Fluxo gênico e estrutura genética espacial.....	43
6.3. Considerações para o manejo florestal sustentável.....	46
7. CONCLUSÕES.....	48
REFERÊNCIAS.....	50
APÊNDICES.....	66

RESUMO

Efeitos de diferentes intensidades de corte seletivo sobre a diversidade e estrutura genética de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae) acessada por marcadores microssatélites

Araucaria angustifolia é uma espécie ameaçada de extinção, que teve mais de 97% da área de seu ecossistema de origem devastada. A exploração madeireira da espécie nas poucas populações naturais remanescentes é altamente restrita, embora tais restrições não sejam prontamente aceitas por agricultores e empresas madeireiras. Consequentemente, surgiram pressões políticas para o retorno da exploração madeireira da espécie. A avaliação da sustentabilidade dessa exploração requer estudos de uma série de impactos sobre as populações remanescentes, incluindo sua viabilidade genética. Nesse estudo, investigou-se o efeito de três intensidades de exploração (IE: 18,4, 31,4 e 32,3% das árvores), aplicadas em três diferentes blocos, sobre a diversidade genética, estrutura genética espacial intrapopulacional (EGE), tamanho efetivo populacional (N_e) e dispersão de pólen e sementes em três parcelas permanentes de *A. angustifolia* estabelecidas em um remanescente de Floresta Ombrófila Mista (FOM) no Brasil. A análise dos 13 marcadores microssatélites foi realizada para indivíduos adultos ($n= 157$), juvenis ($n= 78$) e regenerantes ($n= 115$) pré- e pós-corte. Após o corte seletivo, a maior perda de alelos e a maior redução do N_e foram observadas para onde se aplicou a maior IE. A exploração aumentou o EGE, enquanto a distância e os padrões de dispersão de pólen e sementes foram diferentes para os cenários pré e pós-corte, com o pólen disperso por distâncias maiores do que as sementes. A distância de dispersão de pólen pós-corte e a distância de dispersão de sementes pré e pós-corte diminuíram com o aumento da distância entre os genitores. Após a exploração, o N_e reduziu de 27,7 (IE= 31,4%) para 28,8 (IE= 18,4%) e 39,5% (IE= 32,3%), e alguns alelos foram perdidos. Apesar disso, a perda desses alelos pode ser compensada nas próximas gerações, visto que a exploração madeireira resultou em eventos como aumento da taxa e distância da imigração de pólen. Nas condições avaliadas neste estudo, o corte seletivo de *A. angustifolia* não é adequado. Para alcançar a exploração florestal verdadeiramente sustentável, novas regras que combinem diâmetros mínimos de corte mais altos, menor intensidade de exploração e ciclos de corte mais longos devem ser adotadas. Além disso, estudos genéticos extensos devem ser realizados antes do corte de qualquer indivíduo de uma população natural.

Palavras-chave: Coníferas, Exploração florestal, Marcadores microssatélites, Conservação genética, Pinheiro do Paraná

ABSTRACT

Effects of different intensities of selective logging on the diversity and genetic structure of a natural population of *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae) accessed by microsatellite markers

Araucaria angustifolia is an endangered species, which had more than 97% of the area of its original ecosystem devastated. Logging of the species in the few remaining natural populations is highly restricted, although such restrictions are not readily accepted by farmers and logging companies. Consequently, political pressures have emerged for a return to logging of the species. Assessing the sustainability of such logging requires studies of a range of impacts on the remaining populations, including their genetic viability. We investigated the effect of three logging intensities (LI: 18.4, 31.4 and 32.3% of trees), applied in three different blocks, on genetic diversity, intrapopulation spatial genetic structure (SGS), effective population size (N_e), and pollen and seed dispersal in three *A. angustifolia* permanent sample plots (blocks) established in a remnant of Araucaria Forest in Brazil. The analysis of 13 microsatellites was performed for all adult ($n= 157$) and juvenile ($n= 78$) trees pre- and post-logging seedlings ($n= 115$). After selective logging, the greatest loss of alleles and the greatest decrease in N_e were observed from the highest LI. Logging increased SGS, while the distance and patterns of pollen and seed dispersal were different for both pre- and post-logging scenarios, with pollen dispersed over greater distances than seed. Pollen dispersal distance post-logging and seed dispersal distance pre- and post-logging decreased with the increased distance between parents. After logging, N_e reduced from 27.7 (LI= 31.4%) to 28.8 (LI= 18.4%) and 39.5% (LI= 32.3%), and some alleles were lost. Despite this, the loss of these alleles can be compensated for in the next generations, considering that logging resulted in events such as an increase in the rate and distance of pollen immigration. Under the conditions evaluated in this study, selective logging of *A. angustifolia* is not adequate. To achieve truly sustainable forest logging, new rules that combine higher minimum DBH, lower logging intensity and longer cutting cycles must be adopted. Furthermore, extensive genetic studies must be performed before logging any individual from a natural population.

Keywords: Coniferous, Forest logging, Microsatellite markers, Genetic conservation, Parana-pine

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. População de *Araucaria angustifolia* em estudo localizada no município de Fernandes Pinheiro, Paraná, Brasil. Os blocos 13, 15 e 20 representam as diferentes intensidades de exploração no experimento, totalizando uma área amostral de 3 ha. Na figura, estão representados apenas adultos, juvenis e regenerantes que foram genotipados ($n= 350$).....31

Figura 2. Estrutura genética espacial em *Araucaria angustifolia* para adultos pré- (A-pré) e pós-corte (A-pós) (a; c; e), adultos e juvenis pré-corte (AJ-pré), e adultos, juvenis e regenerantes pós-corte (AJS-pós) (b; d.; f) nos blocos B13, B15 e B20; símbolos abertos indicam valores médios de coeficiente de coancestria significativamente diferentes de zero..... 38

Figura 3. Distribuição de frequência e distância de eventos observados de dispersão de pólen (a, b, c) e dispersão de sementes (d, e, f) determinados por análise de paternidade de *Araucaria angustifolia* nos blocos B13, B15 e B20 pré- e pós-corte.....40

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Diversidade genética pré (Pré) e pós-corte (Pós) em indivíduos adultos, juvenis e regenerantes dos blocos B13, B15 e B20 em população de *Araucaria angustifolia*.....36
- Tabela 2.** Quantidade e frequência de alelos raros e privados perdidos em virtude do corte seletivo em indivíduos adultos (A) e presentes em juvenis (J) e regenerantes (R) nos blocos B13, B15 e B20 em população de *A. angustifolia*.....37
- Tabela 3.** Tamanho amostral, coancestria de grupo (θ) e tamanho efetivo populacional (N_e) para adultos pré- e pós-corte nos blocos B13, B15 e B20.39
- Tabela 4.** Imigração de pólen e de sementes realizada dentro dos blocos e distância de dispersão pré- (juvenis) e pós-corte (regenerantes) para *Araucaria angustifolia* nos blocos B13, B15 e B20.41

1. INTRODUÇÃO

Para o corte seletivo de espécies arbóreas deve-se levar em consideração a legislação local vigente, pois em alguns países, como o Brasil, espécies nativas só podem ser extraídas de florestas naturais com base em um plano de manejo sustentável, que estipule parâmetros como diâmetro mínimo de corte (DMC), intensidade de exploração (IE) acima do DMC e duração dos ciclos de corte (CC) (DEGEN et al., 2006; SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; DALBEM et al., 2015; VINSON et al., 2015a; 2015b; SIST et al., 2021). No entanto, tais planos geralmente negligenciam os aspectos genéticos, embora haja uma série de impactos tanto a curto quanto a longo prazo. A extração seletiva pode ter dois efeitos genéticos principais sobre as populações naturais: 1) gargalo genético devido à redução do número total de indivíduos reprodutivos da mesma geração; 2) deriva genética devido ao aumento da distância entre as árvores reprodutivas remanescentes após o corte, alterando os padrões de acasalamento e dispersão gênica e, conseqüentemente, as frequências alélicas das gerações seguintes (SEBBENN et al., 2008). Esses efeitos podem ter impactos genéticos negativos nas espécies exploradas, tais como: perda de alelos e diminuição da heterozigosidade (LOURMAS et al., 2007; INZA et al., 2018; KAVALIAUSKAS et al., 2018) e aumento da autofecundação e índice de fixação (MURAWSKI et al., 1994; OBAYASHI et al., 2002; CARNEIRO et al., 2011; TANI et al., 2015). Por outro lado, efeitos positivos também têm sido observados, como diminuição da endogamia biparental, e conseqüentemente de cruzamento aparentado (ARRUDA et al., 2015) e da estrutura genética espacial intrapopulacional (EGE) (LACERDA et al., 2008; SILVA et al., 2008).

A análise da diversidade genética permite inferências sobre os impactos do manejo florestal seletivo, em termos de perdas alélicas, redução da heterozigosidade e tamanho efetivo populacional (N_e), bem como mudanças nos padrões de acasalamento e dispersão de alelos e EGE (RAJORA et al., 2000; LOURMAS et al., 2007; ARAVANOPOULOS, 2018). Esses parâmetros genéticos populacionais estão relacionados à demografia da população de uma espécie (número e densidade de árvores reprodutivas, taxa de regeneração, recrutamento, sobrevivência) que, juntamente com características de crescimento comercialmente importantes (diâmetro, altura, forma de fuste e volume), fornecem as informações necessárias para determinar limites, como DMC, IE e CC, para a exploração madeireira sustentável.

Nesse contexto, *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Ktze. (Araucariaceae) é uma espécie de grande importância ecológica, econômica e social em sua ocorrência natural, com histórico de intensa exploração, devido à qualidade de sua madeira e potencial de crescimento (CARVALHO, 1994). Endêmica da Argentina, Brasil e Paraguai (latitude 19°15'S-31°30' S, longitude 41°30'W-

54°30'W, altitude 211 – 2,400 m acima do nível do mar) (HUECK, 1953; CARVALHO, 1994), *A. angustifolia* é uma conífera polinizada pelo vento com sistema reprodutivo dióico, embora em casos raros, também tenham sido observados indivíduos monóicos (REITZ; KLEIN, 1966; DANNER et al., 2013). Em populações naturais, os indivíduos atingem a idade reprodutiva após aproximadamente 20 anos (FIGUEIREDO FILHO et al., 2010), com um período entre a fertilização e a maturação do cone variando de 20 a 24 meses (MANTOVANI et al., 2004) ou até mais de 30 meses (ANSELMINI; ZANETTE, 2008). As sementes são inicialmente dispersas por barocoria, com dispersão secundária por animais como *Dasyprocta* spp. (roedores) e *Cyanocorax caeruleus* (ave), dentre outros (VIEIRA et al., 2011; WREGE et al., 2017), geralmente entre 60 e 80 m das árvores-matriz (CARVALHO, 1994). A densidade populacional é variável entre os locais, variando de 5 a 44,2 árvores ha⁻¹ (KLEIN, 1960; CARVALHO, 1994; MONTAGNA et al., 2019), seguindo uma distribuição em forma de “J” invertido para diâmetro à altura de 1,30 acima do solo (DAP), com alta frequência de árvores em classes de pequeno diâmetro, diminuindo em frequência com o aumento do diâmetro (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; PALUDO et al., 2011; SANT'ANNA et al., 2013).

Araucaria angustifolia é uma espécie longeva, vivendo mais de 300 anos, atingindo mais de 250 cm de DAP e até 50 m em altura (CARVALHO, 1994). A espécie é a árvore dominante da Floresta Ombrófila Mista (FOM) no sul do Brasil, considerado o bioma brasileiro mais ameaçado (TAGLIARI et al., 2021). Até o século XIX, a FOM ocupava 20 milhões de hectares no sul do Brasil (GUERRA et al., 2008). Ao longo do século XX, até a década de 1970, a FOM foi considerada o ecossistema mais importante do sul do Brasil, sustentando grande parte da economia madeireira florestal, sendo a própria *A. angustifolia* uma das espécies madeireiras mais importantes, devido ao seu alto potencial de crescimento e valor da madeira produzida (REITZ et al., 1978; STEPKA et al., 2021). Devido à intensa exploração, principalmente nas décadas de 1950 a 1970, a FOM sofreu uma forte retração em sua distribuição com remanescentes ocupando atualmente apenas 3 a 13% da área original (WREGE et al., 2017; MARCHIORO et al., 2020). Assim, a grande maioria das populações naturais das espécies e seus genes já foram extintos. *A. angustifolia* é, portanto, designada como criticamente ameaçada globalmente pelo Livro Vermelho da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN, 2020) e como 'vulnerável', de acordo com a lista oficial de flora ameaçada do Ministério do Meio Ambiente do Brasil (MMA). Atualmente, a exploração madeireira na FOM é altamente restrita para a maioria das espécies, especialmente aquelas consideradas ameaçadas de extinção, como é o exemplo de *A. angustifolia*, embora permitida em circunstâncias excepcionais, como em casos de licenciamento ambiental (DAL BEM et al., 2015). No entanto, essas restrições nem sempre são bem aceitas por pequenos

produtores e empresas madeireiras, e principalmente em virtude disso, recentemente, surgiram pressões políticas para permitir a exploração seletiva por meio da aplicação da exploração de impacto reduzido (RIL), que consiste em uma série de técnicas para mitigar os impactos da exploração madeireira seletiva (DAL BEM et al., 2015).

Para *A. angustifolia* existem alguns estudos de corte seletivo (SOUZA et al., 2008; 2012; EBLING; NETTO, 2015) e de diversidade genética (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; 2008; PATREZE; TSAI, 2010; FERREIRA et al., 2012; SANT'ANNA et al., 2013; COSTA et al., 2021), mas muito poucos estudos sobre os impactos da exploração madeireira na diversidade genética da espécie (MEDRI et al., 2003; DAL BEM et al., 2015; INZA et al., 2018). Os avanços nesse tipo de pesquisa são necessários devido às grandes diferenças genéticas observadas entre as populações, de modo que diferentes populações da mesma espécie podem responder de maneira diferente ao corte seletivo (ZECHINI et al., 2018; MONTAGNA et al., 2019; SILVA et al., 2020; SOUSA et al., 2020; COSTA et al., 2021; MACHADO et al., 2021). Além disso, é importante estudar e desenvolver regras de exploração que, além de conservar os recursos naturais, também gerem retorno econômico, principalmente para os pequenos produtores típicos de grande parte de sua distribuição no Brasil (BITTENCOURT et al., 2004). A obtenção de uma base sólida que vise manter ou alterar as regras atuais para o corte seletivo de *A. angustifolia* requer estudos dos impactos, incluindo a diversidade genética, em populações exploradas (DAL BEM et al., 2015).

2. OBJETIVOS

Essa pesquisa teve como objetivo geral: avaliar os efeitos do corte seletivo sobre a diversidade genética, EGE, dispersão de pólen e sementes e N_e de *A. angustifolia* em remanescente de Floresta Ombrófila Mista no intuito de propor estratégias para o manejo florestal sustentável da espécie.

Como objetivos específicos, buscou-se: i) investigar os efeitos do corte seletivo sobre os parâmetros de diversidade genética e EGE de uma população natural; ii) comparar a diversidade genética de indivíduos adultos, juvenis e regenerantes pré- e pós-corte; iii) investigar como o corte seletivo afeta o fluxo gênico da espécie e iv) verificar se as intensidades de exploração utilizadas no experimento são adequadas para o manejo sustentável da espécie.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. *Araucaria angustifolia*: descrição da espécie e seu contexto ecológico

A família botânica Araucariaceae surgiu no Paleozóico durante o período Carbonífero Superior há 308 ± 53 milhões de anos, sendo considerada o grupo de coníferas mais primitivo de que se tem registros. Atualmente, esta família ocorre apenas no hemisfério sul (América do Sul e Oceania), e é composta por 35 espécies divididas em três gêneros, sendo considerada uma das menores famílias de árvores coníferas (ZANETTE et al., 2017).

Dentre os três gêneros que compõem a família Araucariaceae, o principal e mais diverso é *Araucaria*, composto por mais de 19 espécies, que são *A. angustifolia*, *Araucaria araucana* (Molina) K. Koch, *A. bernieri* Buchh., *Araucaria biramulata* Buchh., *Araucaria columnaris* (J. R. Forst.) Hook., *Araucaria humboldtensis* Buchh., *Araucaria laubenfelsii* Corbasson, *Araucaria luxurians* Brongn. & Gris de Laub., *Araucaria montana* Brongn. & Gris, *Araucaria muelleri* Carriere Brongn. & Gris, *Araucaria nemerosa* de Laub., *Araucaria rulei* F. Muell., *Araucaria schmidii* de Laub., *Araucaria scopulorum* de Laub., *Araucaria subulata* Vieill., *Araucaria bidwillii* Hook., *Araucaria cunninghamii* Aiton ex D. Don, *Araucaria bunsteinii* Schumann, *Araucaria heterophylla* (Salisb.) Franco). Os outros gêneros que compõem a família Araucariaceae são *Agathis*, representado por 21 espécies e *Wollemia*, representado unicamente pela espécie *Wollemia nobilis* Jones (ZONNEVELD, 2012; ZANETTE et al., 2017).

Em estudos envolvendo filogenia molecular entre os gêneros da família Araucariaceae, detectou-se associação entre os gêneros *Wollemia* e os outros dois gêneros, *Agathis* e *Araucaria*, sugerindo que ocorreram alterações, na forma de reduções e aumentos, do conteúdo de DNA nuclear da família Araucariaceae ao longo do tempo (GILMORE; HILL, 1997; QUINN et al., 2002; RAI et al., 2008; LIU et al., 2009).

Principal gênero da família Araucariaceae, *Araucaria* encontra-se distribuída entre o hemisfério sul no Brasil, Chile, Argentina, Austrália, Papua Nova Guiné, Ilha Norfolk e Nova Caledônia. Somente na Nova Caledônia, 14 das 19 espécies do gênero são encontradas. Na Nova Zelândia foram encontrados registros fósseis de espécies do gênero *Araucaria*, que teriam sido extintas milhões de anos atrás (HENKEL; HOCHSTETTER, 1865; SETOGUCHI et al., 1998; SOUZA, 2015).

Na América do Sul existem apenas duas espécies de Araucária: *A. angustifolia* (Bert.) O. Kuntze, que é conhecida como araucária, pinheiro brasileiro ou pinheiro do Paraná e ocorre no Brasil, Argentina e Paraguai, e *Araucaria araucana* (Mol.) K. Koch, conhecida como Araucária Chilena e com ocorrência verificada nos Andes do Chile e Argentina. Em análise do DNA

cloroplastidial, verificou-se que as duas espécies estavam intimamente relacionadas (STEFENON et al., 2006). As outras espécies de araucárias são distribuídas na Oceania continental, sendo que existem 13 espécies endêmicas na Nova Caledônia, duas na Austrália, uma em Papua Nova Guiné e uma na Ilha Norfolk (ZANETTE et al., 2017).

A presença de *A. angustifolia* na área subtropical brasileira tem origem na deriva continental que resultou na dispersão dos ancestrais das araucárias junto com outras vegetações. A região de origem de *A. angustifolia* no sul do Brasil é, portanto, incerta. Durante o Pleistoceno tardio (era de 1,8 milhão a 10.000 anos atrás), a elevação da plataforma continental a altitudes que possibilitaram o clima chuvoso adequado para *A. angustifolia* nessa latitude permitiu a formação de um núcleo ombrófilo ou população fundadora. Fenômenos geológicos subsequentes fizeram com que esse núcleo se expandisse e contraísse ao longo do tempo; em sua maior distribuição natural atingiu o nordeste do Brasil (WREGGE et al., 2009).

Araucaria angustifolia foi descrita pela primeira vez pelo naturalista europeu Antonio Bertolini, em 1820, a partir da coleta de uma árvore plantada no Morro do Corcovado no Rio de Janeiro. Inicialmente foi denominada de *Columbea angustifolia* Bertol. e, posteriormente, pela afinidade com *A. araucana*, passou a se chamar *A. angustifolia*. Sua classificação botânica é, portanto: **Reino** Plantae, **Divisão** Gymnospermae, **Classe** Coniferopsida, **Ordem** Coniferae, **Família** Araucariaceae, **Gênero** Araucaria, **Espécie** *A. angustifolia* (ZANETTE et al., 2017).

A floresta com araucárias ocorre ao sul do Trópico de Capricórnio entre as altitudes de 50 e 1.800 m, mais frequentemente entre 500 e 1.200 m, e é cercada por floresta subtropical úmida. Apesar de ter predominância nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, populações fragmentadas de *A. angustifolia* também ocorrem no sudeste do Brasil e nordeste da Argentina. A floresta com araucária cobre 177.600 km² no Brasil e 2.100 km² na Argentina (WREGGE et al., 2009). No Brasil, a espécie estende-se para São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro e Espírito Santo na forma de pequenas manchas isoladas, principalmente nas regiões mais frias e altas destes estados (ZANETTE et al., 2017) e está inserida na FOM, no bioma Mata Atlântica (MENDES NASCIMENTO et al., 2010).

O clima das regiões de ocorrência da FOM é temperado, com ocorrência de chuvas regularmente e estações do ano bem definidas. No verão, as temperaturas chegam a atingir 30 °C, enquanto nos invernos atinge-se temperaturas mínimas abaixo de 0° C. Em associação com *A. angustifolia*, verifica-se na FOM a ocorrência de espécies de famílias como Lauraceae (*Ocotea* spp.), Aquifoliaceae (*Illex* spp.), Fabaceae (*Jacaranda* spp., *Machaerium* spp. and *Senegalia* spp.), Myrtaceae (*Campomanesia* spp. e *Eugenia* spp.), dentre outras famílias e espécies de árvores, arbustos, cipós e ervas. É interessante destacar a ocorrência menos frequente de outra árvore conífera, *Podocarpus*

lambertii Klotzsch ex Endl. (Podocarpaceae) (VELOSO et al., 1991; CARVALHO, 2006; QUADROS, 2009).

Araucaria Angustifolia é uma planta dióica com altas exigências de nutrientes e sua vegetação se forma em cachos com várias associações com outras espécies (MENDES NASCIMENTO et al., 2010). Trata-se de uma árvore longeva que pode viver de 200 a 300 anos, ou mais (WENDLING; ZANETTE, 2017). É uma espécie perenifólia, de grande porte, tronco reto e quase cilíndrico, com altura variando entre 10 e 35 m, fuste com até 20 m ou mais, e diâmetro à altura do peito acima de 50 cm quando adulta, alcançando melhor desenvolvimento a partir dos 30 anos de idade (CHASSOT et al., 2011). Os indivíduos juvenis da espécie apresentam copa em formato de cone, enquanto os indivíduos adultos apresentam a copa em formato de candelabro, taça ou guarda-chuva (REITZ et al., 1978).

A ocorrência natural de *A. angustifolia* pode ser verificada em uma variedade de solos, de rasos a profundos e de úmidos a bem drenados. Uma das principais características ambientais que determina a sua distribuição e, conseqüentemente, a sua suscetibilidade às alterações climáticas, é a presença de gelo, que permite à espécie superar as espécies arbóreas concorrentes nas altitudes mais elevadas onde se desenvolve (WREGGE et al., 2009).

Devido à ampla distribuição geográfica da espécie no sul e sudeste do Brasil, existem diferenças na fenologia reprodutiva entre as populações, e vários fatores limitam o sucesso reprodutivo das árvores femininas. Em geral, esse sucesso depende da proporção sexual na população, pois um desequilíbrio na proporção sexual significa que a contribuição dos números de gametas é desigual em favor do sexo mais abundante (ZANON et al., 2009).

Os órgãos reprodutivos dos indivíduos femininos de *A. angustifolia* são folhas modificadas, formando os chamados ginostrobilos, compostos por mais de 200 folhas carpelares inseridas ao redor do eixo do cone. Os óvulos nascem nas axilas, protegidos por folhas estéreis modificadas. Essa folha é ligada a outra folha melhorada e estéril que encerra o óvulo fecundado, que forma a semente da espécie, denominada pinhão. O estróbilo feminino maduro, denominado pinha, apresenta três tipos de estruturas: pinhão inteiro (que foi fecundado), pinhão achatado (não fecundado) e escamas de preenchimento (falha) (ZANETTE et al., 2017). A produção de pinhas inicia-se por volta dos 16 anos dos indivíduos femininos, demorando cerca de 2,5 anos para atingir a maturação e podendo conter até 150 pinhões. De modo geral, os indivíduos produzidos por sementes atingem o estágio reprodutivo em média entre 12 e 15 anos, sendo só então possível a identificação da sexagem da espécie (WENDLING; ZANETTE, 2017). De acordo com Figueiredo Filho et al. (2010), em populações naturais de *A. angustifolia*, os indivíduos atingem a idade reprodutiva após aproximadamente 20 anos (FIGUEIREDO FILHO et al.,

2010), sendo que o período entre a fertilização e maturação do cone é, geralmente, observado entre 20 e 24 meses (MANTOVANI et al., 2004) podendo chegar a até 30 meses (ANSELMINI; ZANETTE, 2008).

A dispersão de pólen, produzido pelos indivíduos masculinos da espécie, ocorre pelo vento. A dispersão dos pinhões ocorre, em condições naturais por meio de gravidade ou da ação de animais, como principalmente *Cyanocorax caeruleus* (gralha-azul) e *Dasyprocta azarae* (cutia), além de outras espécies como *Agouti paca* (paca), *Allouatta guariba clamitans* (bugio ruivo), *Amazona vinacea* (papagaio-de-peito-roxo), *Coendou villosus* (ouriço) *Cyanocorax chrysops* (gralha-pirraça), *Guerlinguetus ingrami* (serelepe), *Oryzomys ratticeps* (rato-do-mato) e *Sciurus aestanus* (esquilo brasileiro) (ANJOS, 1991; CARVALHO, 2006; ZANETTE et al., 2017). Apesar da importância desses animais na propagação de *A. angustifolia*, a regeneração natural é pouco efetiva devido à pouca luz nas matas densas (ZANETTE et al., 2017).

As sementes de *A. angustifolia* são classificadas como recalcitrantes, caracterizadas por sensibilidade à dessecação antes e depois da dispersão, têm uma vida útil muito limitada após a coleta. Os embriões ficam completamente desprovidos de viabilidade quando desidratados em umidade próxima a 43%, atingindo a umidade crítica (ANDRADE et al., 2022).

O pinhão é considerado o principal produto não madeireiro da espécie e, devido ao seu alto valor nutritivo, apresenta grande importância para a alimentação humana e da fauna, tanto de aves, como de mamíferos. Dessa forma, a coleta e a venda dos pinhões representam uma importante atividade econômica para diversas famílias em propriedades rurais localizadas nas regiões de ocorrência da *A. angustifolia* (HESS et al., 2010; CHASSOT et al., 2011).

A madeira de *A. angustifolia* é considerada de alta qualidade, possuindo boas propriedades físicas e mecânicas e podendo ser utilizada para construção civil em geral, movelaria, produção de celulose, laminados, forros, molduras, ripas, brinquedos, utensílios domésticos, e diversos outros usos (REITZ et al., 1978; CARVALHO, 1994). Em virtude de sua alta qualidade e aplicabilidade, a madeira de *A. angustifolia* foi intensamente explorada (FARJON, 2008; GUERRA et al., 2008), tendo como consequência a drástica redução da área de ocorrência da espécie, que se encontra atualmente classificada como criticamente ameaçada em nível global (THOMAS, 2013; IUCN, 2020). Além da exploração sofrida pela espécie em si, seu habitat de ocorrência, Mata Atlântica, também foi altamente degradado e encontra-se restrito na ordem de menos de 12% de sua composição original, em virtude da pressão antrópica (RIBEIRO et al., 2009).

3.2. Histórico da exploração de *A. angustifolia*

O desmatamento e a fragmentação florestal são eventos que ameaçam a sobrevivência das florestas naturais de forma intensa e recorrente (KRAMER et al., 2008). Por mais de dois mil anos, atividades de desmatamento em florestas naturais vêm sendo observadas (BROWN; BROWN, 1992), mas no último século elas se tornaram mais intensas, devido ao aumento da população humana e, conseqüentemente, à expansão da agricultura, pecuária, silvicultura e urbanização (RODRIGUES et al., 2009; LANDER et al., 2010; HADDAD et al., 2015). Segundo estimativas, as perdas florestais até os primeiros anos do século XXI ocorreram na ordem de 9,4 milhões de hectares, sendo mais de 2 milhões desses hectares localizados no Brasil (RIBEIRO et al., 2011). Depois disso, embora o ritmo de tenha diminuído, ainda existe uma perda de cerca de 3,3 milhões de hectares em área de florestas, sendo as maiores perdas concentradas nos trópicos (FISCHER et al., 2020).

Após a chegada dos europeus ao Brasil, o bioma Mata Atlântica foi o primeiro a sofrer as conseqüências do desmatamento, tendo sua biodiversidade ameaçada, principalmente devido a atividades como a extração de madeira de espécies como *Paubrasilia echinata* (Lam.) Gagnon, H. C. Lima & G. P. Lewis. (pau-brasil), a agricultura e a pecuária intensiva (RODRIGUES et al., 2009). O interesse pelo valor econômico gerado pelo pau-brasil estimulou os europeus a iniciarem um processo de exploração no bioma, que até então ocupava cerca de 15% do atual território brasileiro. Porém, foi a partir de meados do século XIV, com a expansão da monocultura do café e da cana-de-açúcar, que se intensificou a destruição do bioma Mata Atlântica, restando até hoje apenas cerca de 6% de sua cobertura original, com isso mais de 92% dos restantes fragmentos têm menos de 100 ha (RODRIGUES et al., 2009; LEDRU et al., 2015; WREGE et al., 2015). Criticamente, o desmatamento na Mata Atlântica segue em uma taxa alarmante de 21.642 ha ano⁻¹ (SOS MATA ATLÂNTICA, 2022).

Quando os portugueses colonizaram o Brasil em 1500, *A. angustifolia* era a árvore madeireira dominante na região Sul do país. Registros antigos dos primeiros colonizadores atestam sua onipresença e seu valor no estabelecimento das colônias (REITZ et al., 1983). A FOM é um ecossistema incluído no Bioma Mata Atlântica segundo a Lei Federal nº 11.428 de 22 de dezembro de 2006 (BRASIL, 2006), cujo desenvolvimento se relaciona à altitude acima dos 500 m, ocupando uma zona caracteristicamente subtropical em áreas elevadas do Planalto Meridional Brasileiro (AB'SABER, 1977; MAACK, 1981). Essa floresta é reconhecida como um conjunto vegetacional com fisionomia característica, sendo que dentre diversas denominações, predomina o emprego da terminologia Floresta Ombrófila Mista (FOM), proposta pelo Instituto

Brasileiro de Geografia e Estatística em 2012 (IBGE, 2012) e que se adequa a um sistema de classificação da vegetação intertropical.

A FOM constitui uma das unidades fitoecológicas mais representativas da região Sul do Brasil. No início do século XX, cerca de 35% da cobertura vegetal da região era representada por esse ecossistema, refletindo numa área coberta de 20 milhões de hectares no país (REITZ; KLEIN, 1966; GUERRA et al., 1999; 2002; 2008), dos quais, conforme Guerra et al. (2002) representam menos de 2% da área original. No Paraná, a FOM era o tipo vegetacional que apresentava maior cobertura, cerca de 37% da área do estado (MAACK, 1981), estando restrito a pouco mais de 0,8% de formações que se aproximam em diversidade e estrutura da floresta original (FUPEF, 2001), sendo essas áreas quase totalmente substituídas por agricultura e pastagens (SCHAITZA et al., 2008).

Para entender o processo de desmatamento desenfreado da FOM, que ocorreu no século XX até o presente, é preciso ter em mente que devido ao início da colonização do sul do Brasil ter se limitado a uma estreita faixa costeira, vastas reservas com predominância de *A. angustifolia* permaneceram inacessíveis até o final do século XIX, situação que foi alterada por basicamente três tipos de atividade humana: a expansão da agropecuária, a indústria madeireira e a utilização da lenha para uso doméstico, ferrovias e uso industrial em geral (CARVALHO, 2010). Durante o início do século XX, havia pouco controle sobre o corte e a colheita em populações naturais e neste período, as florestas com araucária sofreram acentuado processo de fragmentação (REITZ et al., 1983).

O processo de exploração da FOM no sul do Brasil, considerando o contexto do início do século XX, está diretamente ligada à instalação da *Southern Brazil Lumber and Colonization Company*, também chamada de “Lumber”, que ocorre em um momento que a exploração de recursos naturais era vista pelas elites político-econômicas como importante para o “progresso” e “modernização” do Brasil (CARVALHO, 2010).

A história da Lumber no planalto sul brasileiro se desenhou de forma paralela à construção da ferrovia São Paulo-Rio Grande, que ligou os municípios de Itararé (SP), passando pelo interior dos Estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, à cidade de Santa Maria (RS) (CARVALHO, 2010; ESPIG, 2013). A ferrovia cortou extensas áreas coloniais do sul do Paraná e fomentou a colonização de vastas regiões “escassamente povoadas”, com a valorização das terras e intensificação da colonização. Nesses locais, a Lumber, além de ferrovias construídas para escoar a madeira aos mercados consumidores, instalou serrarias e comprou imensos latifúndios povoados por uma densa floresta dominada por araucárias (CARVALHO, 2010).

Historicamente, a intensa exploração da *A. angustifolia* ocorreu em função da qualidade da sua madeira que foi por muito tempo um dos produtos mais importantes na exportação brasileira. Em decorrência da sua alta qualidade, coloração e textura macia, leve e lisa, era utilizada para construções em geral, fabricação de móveis, caixas, laminados, polpa de celulose, palitos de dente e de fósforo, lápis, cabos de vassoura, ferramentas, instrumentos musicais, entre outros (CARVALHO, 1994; ANSELMINI; ZANETTE, 2008; GUERRA et al., 2002). A demanda pela madeira de excelente qualidade obtida era insaciável e toda essa exploração levou a uma redução drástica na sua área de ocupação no Paraná, de mais de 7 milhões de hectares (MAACK, 1968), para menos de 3 milhões de hectares, sendo apenas 66 mil pertencentes à florestas em estágio avançado de sucessão (FUPEF, 2001), contudo, o valor exato de quanto resta de FOM no Brasil parece não ser conhecido, porém estima-se entre 1 a 3% da cobertura original (SEBBENN et al., 2003; WREGE et al., 2009; CERTI, 2012).

Diversos trabalhos reportaram o avanço do desmatamento da FOM ao longo do tempo no Estado do Paraná, partindo de uma cobertura inicial de 7,378 milhões de hectares, equivalente a 36,67% da área total, para 3,958 milhões ha, em 1930, uma redução de 46,3% da cobertura. Três décadas depois, em 1965, já se estimava uma área de 1,593 milhões de ha, redução de quase 80% da área original (MAACK, 1968). Nos anos seguintes, essa redução foi ainda mais drástica, segundo dados da FUPEF (1978) a área estimada de Floresta com araucária era de apenas 316 mil hectares em 1978, apenas 4% da área original. Devido ao esgotamento das florestas nativas que ocorreu até a década de 1970, nas décadas seguintes os esforços se concentraram na preservação de *A. angustifolia*, resultando, mais recentemente, segundo dados oficiais divulgados pelo Serviço Florestal Brasileiro (SFB) por meio do Relatório do Inventário Florestal Nacional realizado no Paraná (SFB, 2018), numa cobertura atual de 2,7 milhões de ha.

Como resultado da exploração sem controle e a conseqüente diminuição drástica da área originalmente ocupada pela araucária, a espécie passou a ser considerada como ameaçada de extinção (BRASIL, 1992), a qual incluiu a araucária na categoria “vulnerável”. Posteriormente, *A. angustifolia* foi classificada como criticamente ameaçada pela União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) na lista oficial de espécies vegetais ameaçadas (GUERRA et al., 2008; 2012). Na Instrução Normativa (IN) nº6/2008, *A. angustifolia* apareceu na Lista Oficial de Espécies Brasileiras Ameaçadas de Extinção (BRASIL, 2008), sendo mantida na última lista oficial, publicada em 2014 (BRASIL, 2014).

Para reverter esse quadro, diversas portarias, resoluções e leis, em âmbito federal e estadual, regulamentaram a exploração da araucária. No entanto, apesar desses esforços, apenas

uma pequena fração da antiga distribuição de *A. angustifolia* está atualmente protegida em reservas e parques nacionais (INDRUSIAK; MONTEIRO, 2009).

3.3. Legislação e exploração: o manejo sustentável de *A. Angustifolia* é possível?

É possível dizer que a história da *A. angustifolia* sempre esteve relacionada à espécie humana, servindo como alimento nos primórdios, e posteriormente como produto do desenvolvimento econômico, como ocorreu no sul do Brasil no século passado. Entre os séculos XIX e XX, a espécie foi o principal produto madeireiro da região e, por ser intensamente explorada, sua área de ocupação foi reduzida de mais de 7 milhões de hectares (MAACK, 1968) para menos de 3 milhões de hectares, dos quais apenas cerca de 2% estão em estágio avançado de sucessão (FUPEF, 2001).

Apesar de hoje no Brasil, *A. angustifolia* ser legalmente protegida e sua extração para madeira ser proibida por lei, seu grande valor madeireiro a condenou à quase extinção no final do século XX (ZANETTE et al., 2017). As áreas remanescentes da espécie em suas áreas de distribuição natural são fragmentadas e dispersas, restando poucas grandes populações (MARCHIORO et al., 2020). O estado de conservação deste tipo de floresta é considerado crítico (THOMAS, 2013; WILSON et al., 2019). Além disso, a distribuição etária das populações remanescentes é enviesada para as classes etárias mais velhas (JO et al., 2014).

No mesmo período de intensa exploração, foram introduzidas no Brasil espécies florestais exóticas para aproveitamento madeireiro e celulósico, principalmente *Pinus* spp. e *Eucalyptus* spp. Com o auxílio do melhoramento genético, essas espécies tornaram-se economicamente mais atrativas e gradativamente substituíram *A. angustifolia* (EISFELD et al., 2020). Devido ao crescimento lento de *A. angustifolia* e pouco conhecimento a respeito de sua biologia, os poucos programas de replantio da espécie foram rapidamente abandonados. Os produtores começam a dar preferência às espécies exóticas em detrimento de *A. angustifolia*, também devido às facilidades legais de desenvolvimento. A história do replantio de *A. angustifolia* acabou pela raiz devido à competição das espécies mais lucrativas (ZANETTE et al., 2017).

Diante desse cenário de exploração, supressão florestal e desestímulo do cultivo da *A. angustifolia*, ao longo do tempo surgiu um conjunto de interesses e discussões que envolvem a conservação tanto da espécie quanto da FOM (DAL BEM et al., 2015). Nesse sentido, diversas portarias, resoluções e leis foram criadas a fim de regulamentar a exploração da espécie, caracterizando o final do século XX e o início do século XXI como um período em que há

muitas medidas de restrição e proibição quanto às espécies e recursos naturais, com atenção especial para *A. angustifolia* (ZANETTE et al., 2017).

Na década de 1960, foram criadas as Florestas Nacionais na região da FOM, com o objetivo de incentivar a preservação e o manejo da floresta na região sul do Brasil. No entanto, os resultados alcançados ainda estão aquém do esperado (PECCATIELLO, 2011). Desde então, houve vários avanços nas pesquisas sobre manejo e silvicultura florestal e, conseqüentemente, na área florestal. No que diz respeito à legislação, houve vários avanços e a demanda pela conservação de *A. angustifolia* intensificou-se com a criação do Código Florestal Federal de 1965, Lei 4.771/1965 (BRASIL, 1965) e, posteriormente, outras leis.

Dentre as principais leis criadas visando a conservação da espécie, pode-se citar a Lei 9.605/1998, denominada Lei de Crimes Ambientais e a Lei 11.428/2006, também chamada Lei da Mata Atlântica, que trata da proteção dos remanescentes de florestas naturais (BRASIL, 2006). Essa lei embasa a proteção de ambientes típicos e associados à Mata Atlântica, dentre eles a FOM. A Lei da Mata Atlântica negou a possibilidade de manejo de espécies nativas em florestas naturais. Em 2001, a lei brasileira proibiu a extração de *A. angustifolia*.

Essas leis foram promulgadas principalmente para proteger as espécies. No entanto, o caráter protecionista da legislação desestimula o cultivo e há a necessidade de agregar uma abordagem econômica para incentivar o cultivo dessa espécie (DAL BEM et al., 2015). Dada a falta de flexibilidade e a grande burocracia de gestão, existem atualmente poucos projetos de reflorestamento com *A. angustifolia*. A proibição da exploração da madeira não é suficiente para conter o desmatamento, pois faltam incentivos para que se mantenham, suporte técnico para mostrar seu potencial, alternativas para desenvolver e mais pesquisas relacionadas a essa espécie (ZANETTE et al., 2017).

Dentre os aspectos negativos que envolvem as restrições e alterações na legislação voltadas à exploração de *A. angustifolia*, pode-se destacar o fato de muitos fazendeiros ou pequenos produtores a considerarem um passivo ambiental, e com isso se verem inclinados a desfazerem dos indivíduos ainda regenerantes, diante da possibilidade de perderem um pedaço de terra no futuro (DANNER et al., 2012). Um indivíduo adulto de *A. angustifolia* pode ocupar entre 80 m² e 100 m² de terreno disponível para uso. Nesse caso, a possibilidade de proteção dessa espécie no Brasil depende do plantio, pois dentro da mata ela não consegue se regenerar por falta de luz, enquanto fora da mata o dono a mata jovem, e a espécie existente sempre um dia morrerá de velhice (ZANETTE et al., 2017).

Pesquisas sobre a biologia, conservação, melhoramento genético, manejo e silvicultura da *A. angustifolia* são urgentemente necessárias para mudar a situação de risco de extinção em que

a espécie se encontra. Incentivos políticos e financeiros para o cultivo desta espécie para produtos madeireiros e não madeireiros (especialmente pinhão) também são extremamente importantes para sua conservação (DANNER et al., 2012; TAGLIARI et al., 2019). Em geral, uma das ações mais eficazes para proteger essa espécie é incentivar sua conservação por meio do uso, ou seja, para os produtores motivarem-se a conservar a espécie, faz-se necessário que eles enxerguem a real possibilidade de ganho econômico e seu cultivo (BITTENCOURT, 2007; ZANETTE et al., 2017).

3.4. Diversidade genética, marcadores microssatélites e manejo sustentável de *A. angustifolia*

O manejo florestal pode servir como uma ferramenta importante na conservação genética de populações naturais de *A. angustifolia*, sendo que a sua execução de forma sustentável pode gerar diversos benefícios, que vão desde o estímulo à conservação mediante uso por parte dos produtores até o aumento da regeneração natural da espécie, o aumento da taxa de crescimento dos indivíduos remanescentes e a redução da mortalidade natural de indivíduos dessa e de outras espécies da floresta (SANQUETA, 2008; ZANETTE et al., 2017).

Em se tratando de populações naturais, o manejo florestal sustentável deve ter por princípio a preocupação com a sua conservação, buscando preservar a maior quantidade possível de indivíduos que contribuam com a diversidade genética existente dentro da espécie de interesse (RATNAM, 2014). Entretanto, o conhecimento a respeito do sistema reprodutivo e estrutura genética de algumas espécies florestais ainda é escasso, assim como suas interações dentro das unidades de manejo, o que dificulta a realização de estudos que tenham enfoque na sustentabilidade genética do manejo de espécies nativas (RATNAM, 2014; VINSON et al., 2015a).

Apesar de o manejo florestal ser considerado um importante sistema de produção para o desenvolvimento de ecossistemas, sua sustentabilidade ainda é um tema controverso, principalmente no que se refere a variáveis ecológicas e genéticas, tais como densidade populacional, distribuição espacial, sistema reprodutivo, diversidade alélica, fluxo gênico, dentre outras (DAL BEM et al., 2015). Dessa forma, o conhecimento a respeito dessas variáveis e dos processos em que estão envolvidas é fundamental, permitindo estimar os impactos decorrentes das atividades de manejo e exploração, como cortes seletivos (SILVA et al., 2004).

Dentro desse contexto, o caso da espécie *A. angustifolia* pode ser considerado ainda mais especial, considerando se tratar de uma espécie que tem por características a produção limitada de

sementes, o valor econômico, social e ambiental, além do fato de ser uma espécie ameaçada de extinção (MANTOVANI et al., 2004). O sucesso de projetos voltados à conservação, manejo e utilização sustentável de espécies nativas é altamente dependente da caracterização genética da espécie, preferencialmente em nível molecular (INZA et al., 2018). A utilização de técnicas moleculares no estudo de populações naturais permite entender a organização da variabilidade genética existente entre e dentro de populações, assim como os fatores que influenciam a natureza e magnitude dessa variabilidade (SZMIDT, 1991; POWELL et al., 1995).

O advento de ferramentas como os marcadores moleculares, em especial os microssatélites, também chamados SSR (*Simple Sequence Repeat*), permitiu o avanço nessa área e diversos estudos investigando a variabilidade genética de *A. angustifolia* em nível molecular têm sido realizados, tanto no Brasil quanto em outros países. Nesses estudos, têm sido detectados altos níveis de polimorfismo, sendo que o número total de alelos (K) encontrado varia de 49, para amostras de 60 indivíduos (SALGUEIRO et al., 2005), até 106 para amostras de 1179 indivíduos (BITTENCOURT; SEBENN, 2009). A quantidade de alelos por *loci* tem variado de três (SALGUEIRO et al., 2005; BITTENCOURT; SEBENN, 2008; SANT'ANNA et al., 2013) até 22 (SANT'ANNA et al., 2013).

Além disso, os níveis de endogamia, observados a partir do índice médio de fixação (F), para as populações naturais de *A. angustifolia* têm sido baixos, variando entre -0,31 (MEDINA-MACEDO et al., 2015) e 0,15 (SALGUEIRO et al., 2005; BITTENCOURT; SEBENN, 2007). Outros parâmetros de diversidade e estrutura genética têm sido investigados, como a estrutura genética espacial (BITTENCOURT; SEBENN, 2007; SANT'ANNA et al., 2013; MEDINA-MACEDO et al., 2015) e o tamanho efetivo populacional (BITTENCOURT; SEBENN, 2007; 2008; 2009; SANT'ANNA et al., 2013; MEDINA-MACEDO et al., 2015).

Além dos já citados, outros autores também têm se empenhado em investigar a diversidade genética, estrutura espacial e sistema reprodutivo de *A. angustifolia* por meio de marcadores moleculares (STEFENON et al., 2007; PATREZE; TSAI, 2010; FERREIRA et al., 2012; SOUSA et al., 2020; COSTA et al., 2021). Enquanto isso, alguns estudos se preocuparam em estudar os efeitos a longo prazo do corte seletivo em *A. angustifolia* sobre os padrões de regeneração (SOUZA et al., 2008; 2012), bem como propor estratégias de manejo sustentável a partir de variáveis biométricas (HESS et al., 2010; EBLING; NETTO, 2015). Todavia, poucos estudos foram realizados no intuito de compreender os impactos genéticos decorrentes da exploração madeireira da espécie (MEDRI et al., 2003; DAL BEM et al., 2015; INZA et al., 2018).

Diante do exposto, ficam evidentes os avanços necessários em pesquisas envolvendo a diversidade genética aplicada ao manejo sustentável de *A. angustifolia*, uma vez que se trata de uma espécie de absoluto interesse e que apresenta características muito particulares (MANTOVANI et al., 2004). O desenvolvimento de planos de manejo sustentável para essa espécie deve levar em consideração a necessidade inegociável de conservação de suas populações, aliada a um possível retorno econômico aos pequenos produtores rurais, que podem atuar como importantes agentes na conservação de *A. angustifolia* em suas regiões de ocorrência natural (BITTENCOURT et al., 2004; DAL BEM et al., 2015). Ademais, o conhecimento a respeito do sistema reprodutivo, estrutura genética espacial e diversidade genética de populações de *A. angustifolia* são fundamentais para a correta aplicação de estratégias de manejo sustentável, que podem favorecer a conservação da espécie, subsidiando, por exemplo, a seleção de árvores para atividades como corte seletivo ou coleta de sementes a partir de critérios genéticos (DAL BEM et al., 2015).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Local de estudo e amostragem

O estudo foi realizado em uma área experimental de 20 ha, que faz parte de um fragmento de Reserva Legal de FOM, com 130 ha em Fernandes Pinheiro, estado do Paraná, Brasil (Figura 1) e que foi estudado pela Universidade Estadual do Centro-Oeste (Unicentro), no “projeto Imbituvão”. Um dos objetivos do “projeto Imbituvão” foi desenvolver um modelo de manejo florestal sustentável para remanescentes de FOM, que pudesse ser replicado no sul do Brasil. A área experimental foi inventariada em 2014 para árvores com DAP mínimo de 30 cm, resultando em 1.000 indivíduos de *A. angustifolia* (50 ha^{-1}) identificados. A área foi subdividida em 20 parcelas de 1,0 ha, com as seguintes características consideradas para exploração madeireira: DAP > 30 cm, qualidade fitossanitária, qualidade do fuste, diâmetro da copa e volume estimado por equação de volume desenvolvida pela FUPPEF (1978).

Árvores de *A. angustifolia* de alto volume e qualidade da madeira e fitossanitária foram priorizadas para exploração, resultando em um DAP médio reduzido entre os indivíduos remanescentes em comparação com a população original (Apêndice A). A distância entre as árvores também foi considerada para evitar a abertura de clareiras muito grandes, que prejudicaria o desenvolvimento de outros indivíduos, e para conservar a diversidade de espécies da floresta. Com base na densidade de árvores, três das 20 parcelas (blocos) foram selecionadas para estudar o corte seletivo: B13 com maior densidade ($132 \text{ ind ha}^{-1} > 30 \text{ cm}$, $90 \text{ ind ha}^{-1} > 40 \text{ cm DAP}$), B15 com densidade média ($85 \text{ ind ha}^{-1} > 30 \text{ cm}$, $47 \text{ ind ha}^{-1} > 40 \text{ cm DAP}$), e B20 com a menor densidade ($63 \text{ ind ha}^{-1} > 30 \text{ cm}$, $44 \text{ ind ha}^{-1} > 40 \text{ cm DAP}$), totalizando 3 ha (Figura 1).

Uma intensidade de exploração (IE) semelhante foi usada nos blocos diretamente vizinhos, B13 (32,4%) e B15 (31,4%), enquanto no bloco B20 foi usada uma IE mais baixa (18,4%), com um total de 48 árvores > 40 cm DAP removidas dos três blocos entre maio e julho de 2016. A IE foi cerca de 70% maior em B13 (DAP médio de árvores exploradas = 53,6 cm, variando de 40–67,8 cm) e em B15 (DAP médio = 48,6 cm, 39,5–62,4 cm) do que em B20 (DAP médio = 53,2 cm, 44,6–64,9 cm), mas resultando em uma diminuição menor no DAP pós-corte (B13 = 4,3%, B15 = 5,5% e B20 = 2,8%) do que no pré-corte.

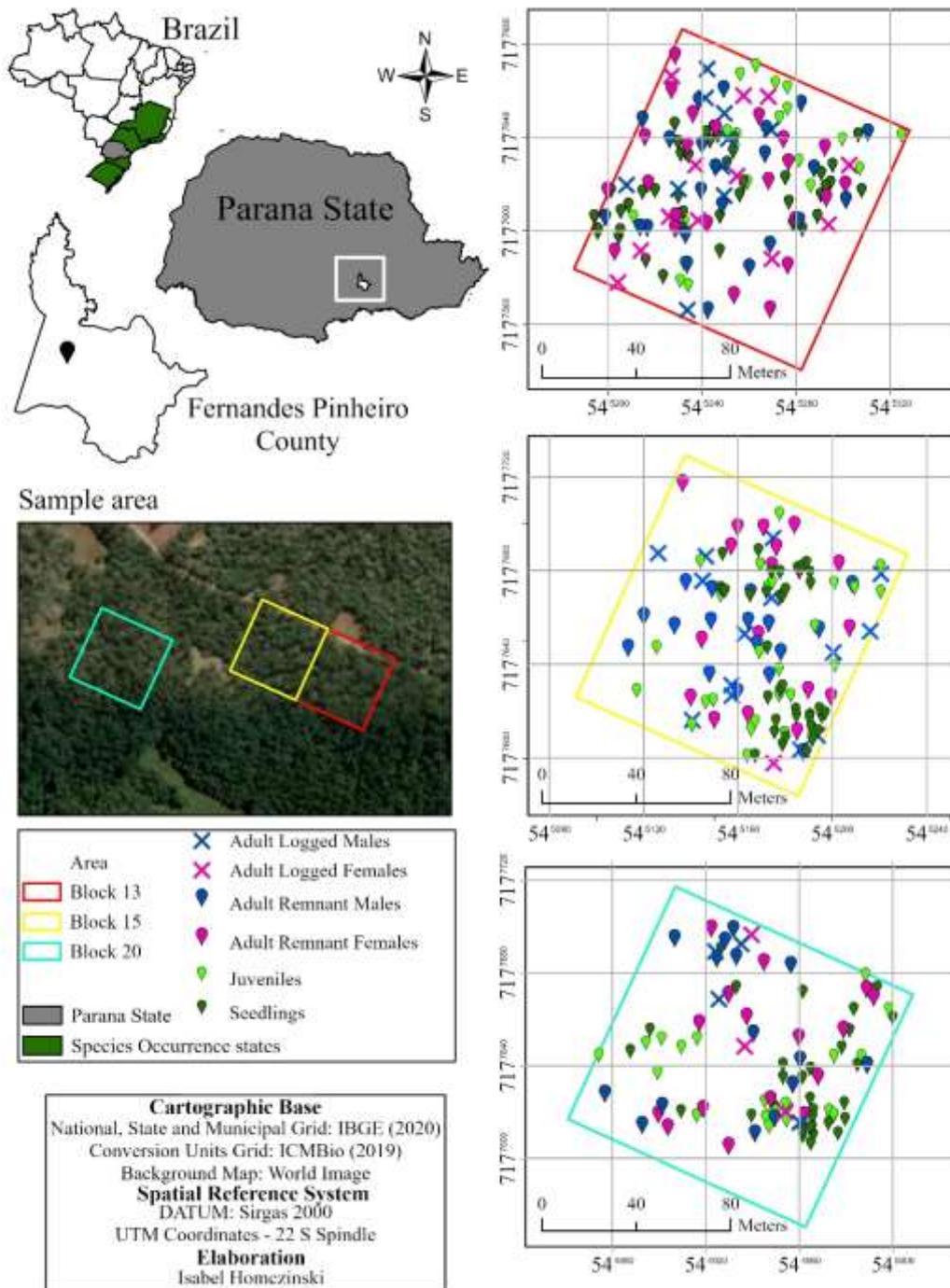


Figura 1. População de *Aracaria angustifolia* em estudo localizada no município de Fernandes Pinheiro, Paraná, Brasil. Os blocos 13, 15 e 20 representam as diferentes intensidades de exploração no experimento, totalizando uma área amostral de 3 ha. Na figura, estão representados apenas adultos, juvenis e regenerantes que foram genotipados ($n= 350$).

De 2017 (157 adultos > 30 cm de DAP) a 2019 (78 juvenis e 115 regenerantes), foram amostrados 350 indivíduos de *A. angustifolia*, dos quais 45 haviam sido cortados na implantação do experimento, enquanto os demais faziam parte da população remanescente. Três dos 48

indivíduos registrados não estavam disponíveis para amostragem. Foram coletados câmbio de árvores derrubadas, amostras de folhas e câmbio de árvores adultas remanescentes e folhas de indivíduos juvenis e regenerantes. Os indivíduos regenerantes foram amostrados após meados de 2019, sendo priorizados os menores indivíduos possíveis (altura de 18 a 73 cm, diâmetro de 2,2 a 6,9 mm) para garantir que representassem realmente um evento reprodutivo pós-corte. Os indivíduos juvenis variaram de 3,5 a 22,6 m de altura e 2,4 a 37,8 cm de DAP. Priorizou-se a amostragem de regenerantes perto de árvores derrubadas, geralmente em grupos de seis a oito, onde a densidade de regenerantes era visivelmente maior a partir das clareiras resultantes após a exploração. Outros indivíduos regenerantes, assim como juvenis, também foram amostrados aleatoriamente dentro dos blocos. As coordenadas geográficas foram registradas para todos os 350 indivíduos (Figura 1), utilizando o Sistema de Posicionamento Global (GPS Garmin Etrex), enquanto para o mapeamento utilizou-se o software ArcGIS Pro (disponível em esri.com/arcgis).

4.2. Extração do DNA e genotipagem de microssatélites

Após a coleta, as amostras de tecido vegetal foram armazenadas em caixas térmicas contendo gelo e transportadas para o laboratório Heréditas (Tecnologia em Análise de DNA, Brasília, Distrito Federal, Brasil) para extração e genotipagem do DNA. A extração de DNA seguiu o protocolo de Doyle e Doyle (1990), com extração de DNA genômico total de cerca de 150 mg de tecido fresco macerado em nitrogênio líquido (FERES et al., 2005). O DNA foi quantificado, determinado e executado em gel de agarose 1% corado com brometo de etídio e visualizado sob luz ultravioleta. Treze marcadores microssatélites (SSR) desenvolvidos e descritos por Schmidt et al. (2007) (Aang1, Aang12, Aang14, Aang15, Aang27, Aang28, Aang37, Aang43), Salgueiro et al. (2005) (Ag20, Ag56, Ag62) e Grattapaglia (não publicado: Aa1774, Aa53325) foram testados para a população e a genotipagem capilar foi realizada para esses marcadores.

4.3. Análise da diversidade genética

O desequilíbrio de ligação entre pares de *loci* foi testado em todas as amostras para verificar a associação alélica de diferentes *loci*, e a significância estatística avaliada usando permutações de Monte Carlo e correção de Bonferroni ($\alpha = 0,05$). A diversidade genética foi estimada para adultos, juvenis e adultos + juvenis (A+J) pré-corte, adultos, regenerantes e adultos + juvenis + regenerantes (A+J+R) pós-corte por blocos (B13, B15 e B20) quanto ao número total de alelos (K), riqueza alélica (R), heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) sob

equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). Para investigar se havia evidências de endogamia nas amostras, o índice médio de fixação (F) foi estimado e a significância estatística foi testada usando uma permutação de alelos entre indivíduos, associada a uma correção de Bonferroni para comparações múltiplas (95%, $\alpha = 0,05$).

Todas as estimativas foram obtidas usando o software FSTAT 2.9.3.2 (GOUDET, 2002). A presença de alelos nulos foi estimada para *loci* com índice de fixação significativamente maior que zero em adultos, juvenis e regenerantes sob um modelo de endogamia populacional (MEP), usando o software INEST 2.2 (CHYBICKI; BURCZYK, 2009). As frequências alélicas foram usadas para estimar o número de alelos privados em adultos e juvenis pré-corte, adultos, juvenis e regenerantes pós-corte, bem como o número de alelos perdidos devido ao corte, comparando adultos pré e pós-corte.

4.4. Estrutura genética espacial e tamanho efetivo populacional

A estrutura genética espacial (EGE) foi estimada nos blocos B13, B15 e B20 para adultos pré e pós-corte e amostras totais de pré- (adultos + juvenis) e pós-corte (adultos + juvenis + regenerantes), usando o coeficiente de coancestria (θ_{ij} , LOISELLE et al., 1995) em diferentes classes de distância e com auxílio do software SPAGEDI 1.5a (HARDY; VEKEMANS, 2002). Comparou-se a EGE entre blocos para adultos (pré e pós-corte), adultos + juvenis (pré-corte) e adultos + juvenis + regenerantes (pós-corte), sendo que devido a diferenças no número de indivíduos dentro e entre blocos, foram definidas classes de distância o mais semelhante possível entre as amostras, procurando-se manter pelo menos 100 pares de indivíduos dentro das classes (ver SPAGEDI 1.5a, Manual do usuário, 4.4., informações exibidas durante os cálculos); em apenas dois casos a regra dos 100 pares de indivíduos foi violada, ambos os casos na classe de distância 0-25 para adultos pós-corte em B15 (98 pares) e B20 (75 pares) (Apêndice B). A média pareada de θ_{ij} foi plotada contra a distância geográfica entre pares de indivíduos e a significância estatística dos valores médios para cada classe de distância foi usada para comparar os limites de confiança a 95% da média, permutando 1.000 indivíduos entre as classes de distância, para a hipótese nula de nenhuma EGE ($\theta_{ij} = 0$).

Como só foi possível determinar o sexo das árvores adultas, as estimativas de coancestria do grupo (Θ) e tamanho efetivo da população (N_e) foram feitas apenas para os adultos de cada bloco. A coancestria de grupo (Θ) (LINDGREN; MULLIN 1998) para adultos foi estimada como o coeficiente médio de coancestria entre todos os pares de adultos,

considerando o índice médio de fixação individual (F_i , assumindo valores negativos como zero), com base em Loiselle et al. (1995) e usando o software SPAGEDI 1.5a (HARDY; VEKEMANS 2002) por:

$$\Theta = \frac{2 \sum_{x=i}^{n_f} \sum_{y \neq 1}^{n_f} \theta_f}{n_f(n_f - 1)} + \frac{2 \sum_{x=i}^{n_m} \sum_{y \neq 1}^{n_m} \theta_m}{n_m(n_m - 1)} + \frac{2 \sum_{x=i}^{n_f} \sum_{y=1}^{n_m} \theta_{fm}}{2n_f n_m} \quad (1)$$

Onde:

n_f e n_m são o número de fêmeas e machos adultos, respectivamente;

θ_f , θ_m , e θ_{fm} são os coeficientes de coancestria entre fêmeas, machos e fêmeas e machos, respectivamente.

O tamanho efetivo populacional foi estimado de acordo com o proposto por Lindgren e Mullin (1998), como segue:

$$N_e = 0.5/\Theta \quad (2)$$

4.5. Análise de parentesco

As estimativas de migração de pólen e sementes e respectivas distância de dispersão foram feitas para cada bloco por análise categórica de parentesco (paternidade e maternidade, respectivamente), implementada no software CERVUS 3.0.3 (KALINOWSKI et al., 2007). O fluxo gênico críptico foi calculado por:

$$C_{GF} = 1 - P_{ex}^n \quad (3)$$

Onde:

P_{ex} é a probabilidade combinada de não exclusão do primeiro genitor (probabilidade de não exclusão de um candidato a progenitor feminino ou masculino sem o genótipo do sexo oposto), calculada utilizando o CERVUS;

n é o número de genitores femininos e masculinos putativos amostrados na população (DOW; ASHLEY, 1996).

Como a espécie é polinizada pelo vento e a dispersão das sementes ocorre inicialmente por gravidade, enquanto os animais podem atuar como dispersores secundários de sementes (WREGE et al., 2017) e os três blocos estão localizados próximos um do outro (distância média, mínima e máxima para fêmeas e machos entre B13 e 15 e B20 de 280, 124 e 425 m, respectivamente, Apêndice C), as análises de parentesco foram realizadas separadamente para cada bloco. No entanto, todas as árvores adultas femininas e masculinas, amostradas antes do

corte, dos blocos foram usadas como doadores de pólen (pais) ou óvulos (mães) aos juvenis nos três blocos, enquanto apenas as árvores femininas e masculinas remanescentes dos três blocos, pós-exploração, foram usados como mãe putativa e pai de regenerantes.

Para contabilizar adultos não amostrados, a proporção de doadores de pólen genotipados dentro de cada bloco foi definida como 70% dentro do software CERVUS. A estatística Δ foi usada para atribuir o par de pais mais provável, pais do sexo feminino ou masculino, com base nas frequências alélicas de referência de todos os indivíduos genotipados, cuja significância foi determinada a partir da simulação de paternidade do software CERVUS. O valor Δ crítico foi determinado para um nível de confiança de 80%, usando 10.000 repetições, uma taxa de erro de genotipagem de 0,01, 50% como a proporção de doadoras de pólen e óvulos amostradas dentro de cada bloco e um número mínimo de nove *loci* para atribuição de parentesco. Quando a análise não foi capaz de designar um dos pais potenciais dentro da população, o indivíduo juvenil ou regenerante foi considerado como representante da imigração de pólen ou de sementes. Com base nas coordenadas georreferenciadas (x, longitude e y, latitude) de todos os adultos, juvenis e regenerantes, calculou-se as distâncias mínima, máxima, média e mediana de dispersão de pólen e sementes, com base na distância euclidiana entre dois pontos. A dispersão de pólen foi estimada para juvenis e regenerantes atribuídas simultaneamente para genitores femininos e masculinos, pela distância entre ambos.

5. RESULTADOS

5.1. Diversidade genética

Nenhum desequilíbrio genotípico de ligação estatisticamente significativo foi detectado após a correção de Bonferroni ($P < 0,0003$) entre pares de *loci* (Apêndice D) indicando que este conjunto de *loci* é adequado para estudos de genética populacional devido à associação aleatória de alelos entre *loci*, que é um pré-requisito para evitar viés nas estimativas de parâmetros genéticos. A estimativa da frequência de alelos nulos foi significativamente maior que zero apenas em adultos para o locus Aang12 (Apêndice E).

Na amostra total de adultos, juvenis e regenerantes em todos os blocos, um total (K) de 143 alelos foram encontrados. Sete, 9 e 5 alelos eram privados nos adultos pré-corte nos blocos B13, B15 e B20, respectivamente, enquanto quatro alelos eram privados nos juvenis pré-corte nos blocos B15 e 2, 3 e 5 alelos eram privados nos regenerantes pós-corte nos blocos B13, B15 e B20, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1. Diversidade genética pré (Pré) e pós-corte (Pós) em indivíduos adultos, juvenis e regenerantes dos blocos B13, B15 e B20 em população de *Araucaria angustifolia*.

Amostra	n	K	P_k	R	H_o	H_e	F
B13 (IE= 32,3%)							
Pré: adultos (A)	68	138	7	9,1	0,758	0,770	-0,066*
Pós: adultos (A)	46	128	0	9,0	0,733	0,769	-0,056
Pré: juvenis (J)	25	105	0	8,0	0,875	0,75	-0,072
Pré: A+J	93	136	-	9,0	0,789	0,769	-0,107*
Pós: regenerantes (R)	43	131	2	9,0	0,897	0,753	-0,042
Pós: A+J+R	114	136	-	8,8	0,824	0,762	-0,055*
B15 (IE= 31,4%)							
Pré: adultos (A)	51	130	9	9,2	0,813	0,769	-0,057
Pós: adultos (A)	35	123	0	9,2	0,832	0,772	-0,076
Pré: juvenis (J)	30	117	4	8,9	0,783	0,752	-0,043
Pré: A+J	81	137	-	9,3	0,808	0,765	-0,048
Pós: regenerantes (R)	40	118	3	8,6	0,799	0,744	-0,074
Pós: A+J+R	105	138	-	9,1	0,804	0,759	-0,061*
B20 (IE= 18,4%)							
Pré: adultos (A)	38	129	5	9,2	0,761	0,78	0,025
Pós: adultos (A)	31	125	0	9,1	0,779	0,778	-0,001
Pré: juvenis (J)	23	108	0	8,3	0,796	0,744	-0,069
Pré: A+J	61	129	-	8,8	0,774	0,766	-0,011
Pós: regenerantes (R)	32	120	5	8,5	0,777	0,749	-0,031
Pós: A+J+R	86	133	-	8,7	0,781	0,759	-0,029

n é o tamanho amostral; IE é a intensidade de exploração; K é o número total de alelos; P_k é o número de alelos privados; R é a riqueza alélica para 24, 28 e 23 genótipos *multilocus* nos blocos B13, 15 and 20, respectivamente; H_o e H_e são as heterozigosidade observada e esperada, respectivamente; F é o índice de fixação; * $P < 0,05$.

Não foram observadas diferenças estatisticamente significativas para todos os blocos entre adultos, juvenis, A+J, regenerantes e A+J+S pré e pós-corte para riqueza alélica (R), heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) e índice de fixação (F) (Tabela 1). Os valores de F foram significativamente menores ou não diferentes de zero em todas as amostras e blocos, indicando ausência de endogamia nas amostras pré e pós-corte. O corte seletivo resultou na perda de 10, 7 e 4 alelos em B13 (7,2%), B15 (5,4%) e B20 (3,1%), respectivamente (todos com frequência $< 0,05$), enquanto apenas 4, 2 e 1 desses alelos não foram detectados na população pós-corte (adultos + juvenis + plântulas) em B13, B15 e B20, respectivamente (Tabela 2).

Tabela 2. Quantidade e frequência de alelos raros e privados perdidos em virtude do corte seletivo em indivíduos adultos (A) e presentes em juvenis (J) e regenerantes (R) nos blocos B13, B15 e B20 em população de *A. angustifolia*.

	B13	B15	B20
Intensidade de exploração (%)	32,3	31,4	18,4
Número total de alelos em adultos pré-corte	138	130	129
Número total de alelos em adultos pós-corte	128	123	125
Número de alelos perdidos em adultos pós-corte (%)	10 (7,2)	7 (5,4)	4 (3,1)
Frequência alélica máxima	0,022	0,029	0,028
Número de alelos perdidos em adultos presentes nos juvenis	3	4	2
Número de alelos perdidos em adultos presentes nos regenerantes	5	4	2
Número de alelos perdidos em adultos presentes em A+J+S	6	5	3
Número de alelos perdidos não encontrados dentro dos blocos	4	2	1
Frequência alélica máxima	0,015	0,029	0,027

5.2. Estrutura genética espacial e tamanho efetivo populacional

Antes da exploração, de modo geral, nenhuma estrutura genética espacial significativa foi observada em nenhum dos blocos, exceto para B20, onde A+J mostrou EGE significativa entre 0-15 m e 25-50 m. A exploração madeireira resultou em EGE significativa em todos os blocos na maioria dos agrupamentos avaliados (Figura 2).

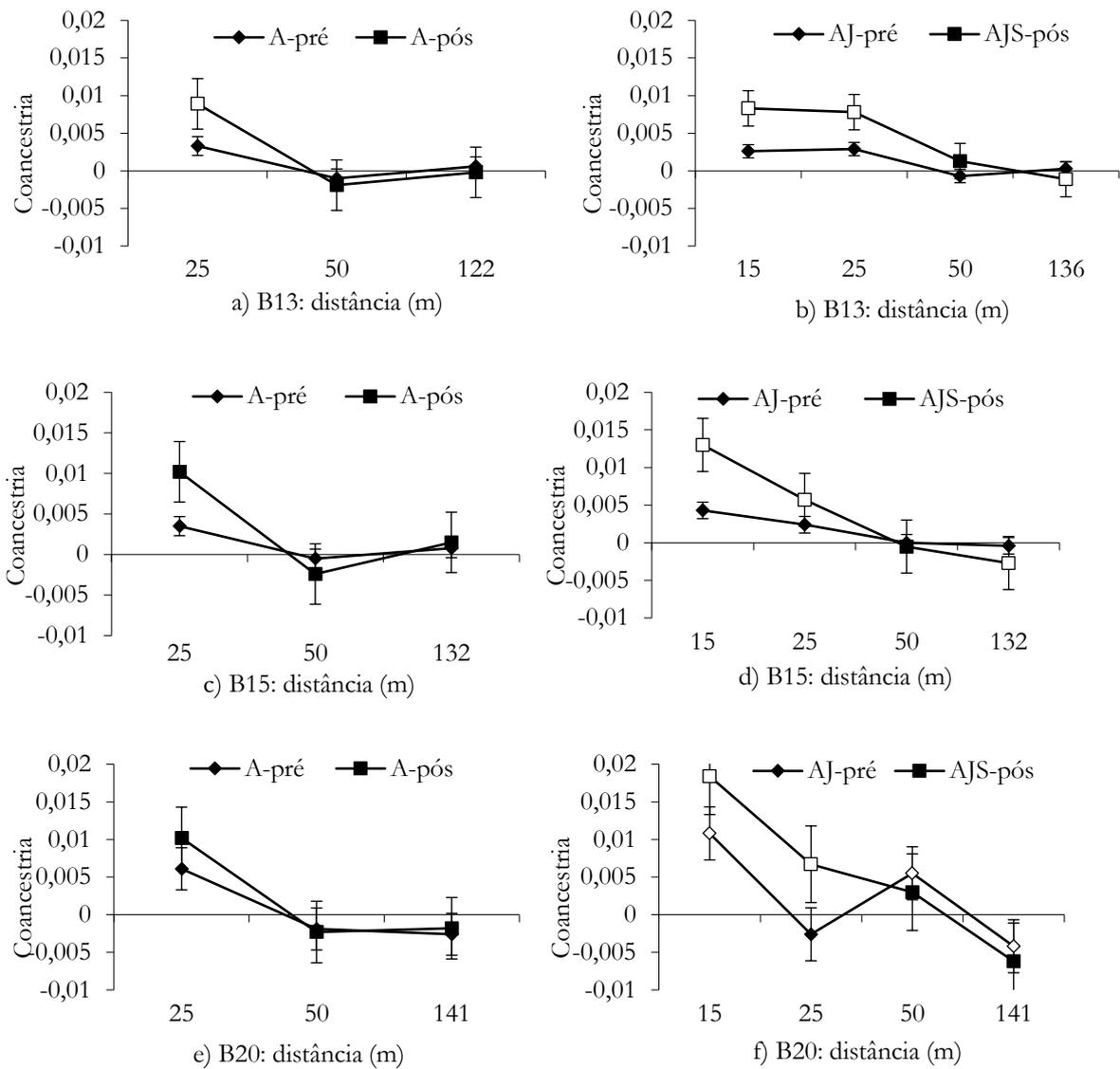


Figura 2. Estrutura genética espacial em *Arancaria angustifolia* para adultos pré- (A-pré) e pós-corte (A-pós) (a, c, e), adultos e juvenis pré-corte (AJ-pré), e adultos, juvenis e regenerantes pós-corte (AJS-pós) (b, d, f) nos blocos B13, B15 e B20; símbolos abertos indicam valores médios de coeficiente de coancestria significativamente diferentes de zero.

O aumento do SGS pós-corte refletiu-se na coancestria de grupo (Θ) para adultos, que aumentou de pré-para pós-corte em todos os blocos, resultando em menor N_e pós- (22,4-28,2) do que pré-corte (37-39), especialmente em B13, onde foi aplicado a maior IE (Tabela 3). Também é possível observar que a relação entre N_e/n diminuiu com a exploração no bloco B20.

Tabela 3. Tamanho amostral, coancestria de grupo (Θ) e tamanho efetivo populacional (N_e) para adultos pré- e pós-corte nos blocos B13, B15 e B20.

	$n_M:n_F$	n	M:F	θ_{MM}	θ_{FF}	θ_{FM}	Θ	N_e	N_e/n	Redução em N_e (%)
B13										
Pré	33:35	68	1:0,94	0,0038	0,0097	-0,0016	0,0135	37	0,54	39,5
Pós	23:23	46	1:1	0,0087	0,0114	0,0022	0,0224	22,4	0,49	
B15										
Pré	31:20	51	1.55:1	0,0064	0,0113	-0,0049	0,0128	39	0,76	27,7
Pós	17:18	35	1:0,94	0,0113	0,0119	-0,0085	0,0177	28,2	0,55	
B20										
Pré	19:19	38	1:1	0,0066	0,0066	0,00004	0,0132	37,9	0,99	28,8
Pós	15:16	31	1:1,07	0,0093	0,0092	-0,0023	0,0185	27	0,87	

n_M , n_F , e n são o número de machos, fêmeas, e tamanho amostral total, respectivamente; θ_{MM} , θ_{FF} , e θ_{FM} são as coancestria médias pareadas entre machos, fêmeas, e machos e fêmeas, respectivamente; redução (%) em $N_e = 100[1 - (N_{e(Pós)}/N_{e(Pré)})]$.

5.3. Fluxo gênico

A análise de parentesco foi realizada para juvenis pré-corte e para regenerantes pós-corte (Tabela 4, Figura 3). O valor de P_{ex} (0,999) indica que esses *loci* são adequados para uso em estudos de parentesco de *A. angustifolia*. A imigração de pólen e a distância média de dispersão foram maiores que a imigração de sementes e a distância de dispersão tanto no pré quanto no pós-corte, sendo possível observar que a maioria das sementes se move a curtas distâncias (dentro de 25 m) enquanto o pólen se move muito mais longe (> 400 m), especialmente na população pós-corte (Figura 3). A imigração de pólen (m_p) de fora dos blocos foi geralmente maior no pré (53,3-78,3%) do que no pós-corte (74,4-96,9%), onde a imigração de sementes (m_s) diminuiu do pré (13-30%) para o pós-corte (5-18,6%).

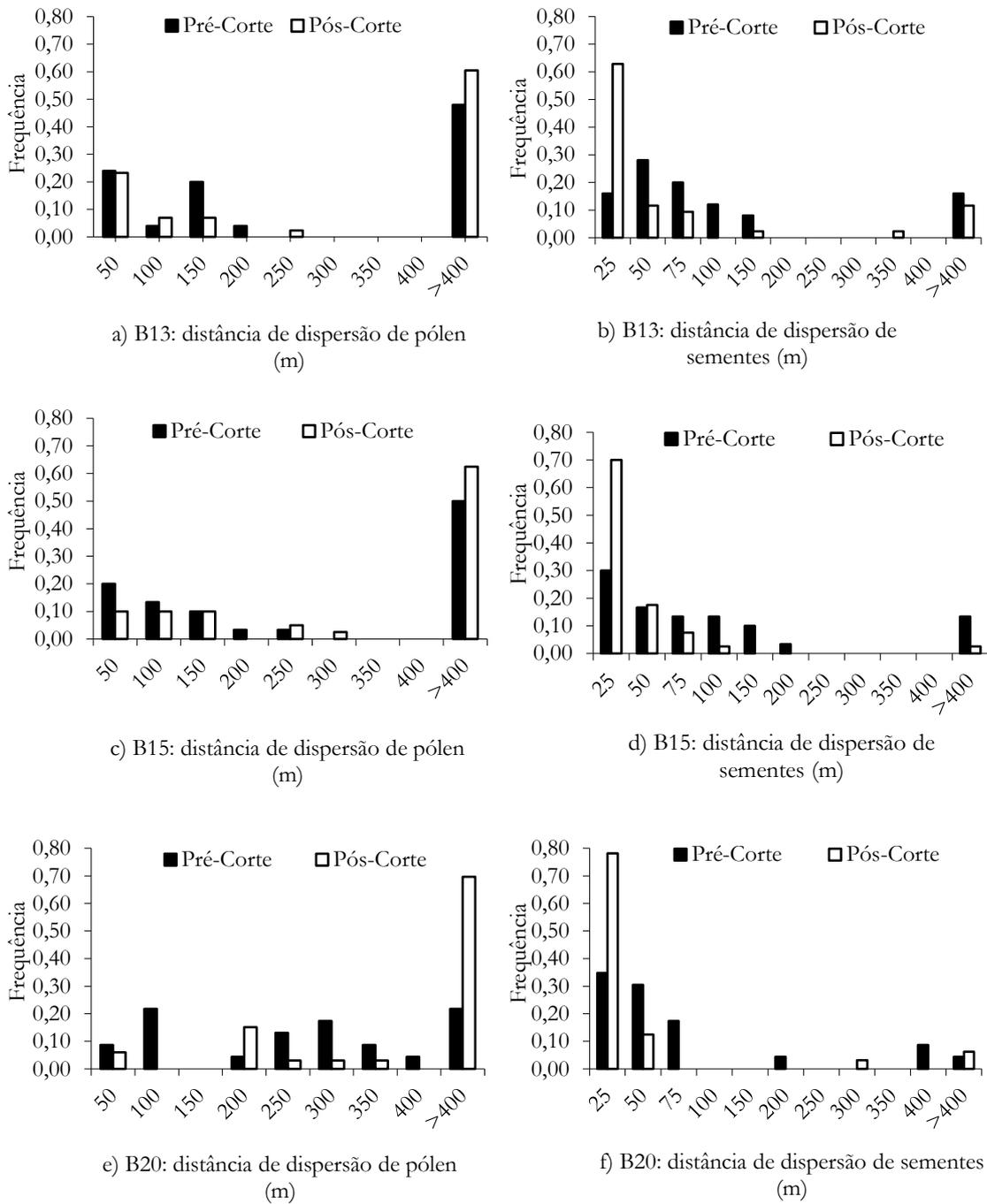


Figura 3. Distribuição de frequência e distância de eventos observados de dispersão de pólen (a, c, e) e dispersão de sementes (b, d, f) determinados por análise de paternidade de *Araucaria angustifolia* nos blocos B13, B15 e B20 pré- e pós-corte.

A distância e o padrão de dispersão do pólen foram diferentes da dispersão de sementes para os cenários pré e pós-corte, com o pólen sendo geralmente disperso a distâncias maiores do que as sementes (Tabela 4, Figura 3); com exceção de B13 pós-corte, onde a dispersão de sementes atingiu distância maior (313 m) do que a distância do pólen (243 m). A distância média de dispersão do pólen em B13 e B20 diminuiu do pré (84 e 187 m) para o pós-corte (68 e 178 m), enquanto em B15 aumentou do pré- (85 m) para o pós-corte (112 m), enquanto a distância média

de dispersão de sementes diminuiu em todos os blocos de pré (55-68 m) para pós-corte (23-32 m). A distância média de dispersão de pólen pós-corte foi maior que a mediana em B13 e B15, bem como a distância pré-corte em B15, e a distância média de dispersão de sementes pré e pós-corte em todos os blocos, indicando um padrão de isolamento por distância com pólen sendo disperso perto da vizinhança e sementes sendo dispersas próximo da árvore-matriz.

Tabela 4. Imigração de pólen e de sementes realizada dentro dos blocos e distância de dispersão pré- (juvenis) e pós-corte (regenerantes) para *Araucaria angustifolia* nos blocos B13, B15 e B20.

	m_p	Dispersão de pólen (m)			m_s	Dispersão de sementes (m)		
		Média	Mediana	Mín./máx.		Média	Mediana	Mín./máx.
B13								
Pré: juvenis	76	84 ± 29	89	9/162	28	55 ± 13	50	6/112
Pós: regenerantes	74,4	68 ± 31	44	2/243	18.6	32 ± 18	18	2/313
B15								
Pré: juvenis	53,3	85 ± 31	59	9/233	30	56 ± 38	45	4/155
Pós: regenerantes	85	112 ± 38	97	21/270	5	25 ± 6	18	2/97
B20								
Pré: juvenis	78,3	187 ± 51	219	41/368	13	68 ± 43	29	2/366
Pós: regenerantes	96,9	178 ± 56	187	4/349	9.4	23 ± 17	12	3/268

n é o tamanho amostral; Mín./máx. são as distâncias mínima e máxima de dispersão; \pm é o erro padrão a 95% de probabilidade, 1.96SE.

6. DISCUSSÃO

Neste estudo foram investigados os impactos de diferentes intensidades de exploração (IE) sobre a diversidade genética, estrutura genética espacial (EGE), tamanho efetivo populacional (N_e), e fluxo de pólen e sementes em três blocos experimentais estabelecidos dentro de uma população natural de *A. angustifolia*, comparando cenários pré- e pós-corte, utilizando 13 *loci* SSR. Os principais impactos observados, a partir da exploração, na diversidade genética foram a perda de alelos de baixa frequência, a redução do N_e , imigração de sementes e distância de dispersão e aumentos na imigração de pólen e EGE, sendo que, de modo geral, os impactos mais pronunciados foram observados para as IE mais altas.

6.1. Diversidade genética e tamanho efetivo populacional

A perda de alelos e diminuição do N_e em adultos devido à exploração madeireira é um resultado claro de gargalo genético, onde alguns alelos que ocorrem em baixa frequência ($< 0,05$) em adultos pré-corte são perdidos e o N_e diminui devido à redução no tamanho da população. A exploração resultou na maior perda de alelos para os blocos B13 e B15, que foram submetidos à maior IE. No entanto, a maioria dos alelos perdidos dos adultos cortados ainda estavam presentes nos indivíduos juvenis e regenerantes dentro desses mesmos blocos. Esse fato demonstra que os juvenis se estabeleceram antes do corte e a imigração de pólen e sementes pós-corte dos blocos próximos e da floresta não explorada minimizou o efeito de perda de alelos de adultos cortados. Outro resultado que merece atenção refere-se ao fato de que os juvenis pré-corte já apresentavam menos alelos do que os adultos, o que pode sugerir que a deriva genética nas próximas gerações pode ser independente da exploração. Além disso, não foram observadas diferenças entre adultos, juvenis e regenerantes pré e pós-corte para riqueza alélica (R), heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) nos três blocos.

Semelhante aos nossos resultados, outros estudos observaram a perda de alelos de baixa frequência devido ao corte seletivo em populações arbóreas de várias espécies no Brasil (ex. CARNEIRO et al., 2007; 2009; 2011; LACERDA et al., 2008; 2013; SEBBENN et al., 2000; 2001; 2008; SILVA et al., 2008; DAL BEM et al., 2015; VINSON et al., 2015a; 2015b; SILVA et al., 2016) e em diversas localidades ao redor do mundo (BUCHERT et al., 1997; ADAMS et al., 1998; RAJORA, 1999; EL-KASSABY et al., 2000; 2003; RAJORA et al., 2000; LEE et al., 2007; GLAUBITZ et al., 2003; HAWLEY et al., 2005; VALBUENA-CARABANA et al., 2008; NG et al., 2009; WICKNESWARI, 2011; FAGERIA; RAJORA; 2014; RATNAM. et al. 2014). Além

disso, de forma semelhante ao presente estudo, alguns autores não detectaram impactos em H_o e H_e , que são medidas menos sensíveis à exploração madeireira (MACDONALD et al., 2001; LEE et al., 2002; RAJORA; PLUHAR, 2003; EL-KASSABY et al., 2003; BUIITEVELD et al., 2007; SEBBENN et al., 2008; FAGERIA; RAJORA 2013; RATNAM et al.; 2014).

Claramente, a exploração madeireira tem um impacto maior na diversidade alélica do que na heterozigose (RATNAM et al., 2014). Embora os alelos perdidos em adultos estivessem geralmente presentes nos indivíduos juvenis e regenerantes, há um longo caminho a percorrer antes que esses grupos atinjam a idade adulta. Alguns indivíduos podem não sobreviver até a idade adulta, devido a eventos estocásticos, como mortalidade, predação e doenças, ou processos determinísticos, como seleção contra indivíduos endogâmicos, que podem diminuir a diversidade alélica e alterar a heterozigose (LEYSER et al., 2012). Deve-se notar que os blocos de estudo são cercados por floresta não explorada e o gargalo genético ocorreu apenas dentro dos blocos. Os resultados podem ou não ser diferentes se toda a área for submetida à exploração madeireira ou se os blocos forem representativos de remanescentes florestais muito pequenos cercados por agricultura ou outros usos da terra desmatados.

A diminuição do N_e de indivíduos adultos pós-corte, especialmente em B13, que estava sujeito à maior IE, pode ser explicada pela diminuição do tamanho da população e aumento da coancestria de grupo (Θ) (LINDGREN; MULLIN, 1998), pois muitas árvores exploradas não eram geneticamente relacionadas, enquanto muitas árvores não exploradas são geneticamente relacionadas. No cenário pós-corte, dentro de cada bloco, as árvores remanescentes têm maior Θ do que no cenário pré-corte e, conseqüentemente, uma maior frequência de alelos idênticos por descendência (IPD) compartilhados entre os indivíduos, resultando em um menor N_e . Esses resultados podem ser muito desfavoráveis para a manutenção da diversidade genética da população, pois implicam em menor número de indivíduos contribuindo com alelos para a variabilidade total, além da possibilidade de maiores taxas de cruzamento entre indivíduos aparentados (KRAMER et al., 2008).

6.2. Fluxo gênico e estrutura genética espacial

A exploração teve pouco impacto na distância entre os indivíduos fêmeas e machos (Material complementar, Tabela C). A diminuição do tamanho da população devido à exploração madeireira resultou em um aumento na imigração de pólen, enquanto a distância média de dispersão do pólen foi semelhante dentro dos blocos, embora B20 apresente cerca de 1,5 vezes a imigração de pólen pré-corte e o dobro pós-corte. Nossa estimativa de imigração de pólen foi

maior e a distância média de dispersão menor do que a relatada para juvenis e/ou regenerantes da mesma espécie em um fragmento de floresta de 5,4 ha (imigração= 3-6,5%; distância de dispersão= 70 a 75 m, BITTENCOURT; SEBBENN, 2007), em uma parcela de 7,4 ha estabelecida dentro de floresta contínua (imigração= 5,9%, distância de dispersão= 134 m, SANT'ANNA et al., 2013), e uma parcela de 16,2 ha estabelecida dentro de uma área de campo (imigração= 23,8%; distância de dispersão= 415 m, CRISTOFOLI, 2017).

Além disso, observou-se aumento da distância máxima de dispersão pré e pós-corte nos blocos B13 e B15. A maior imigração de pólen pós-corte nos três blocos e as distâncias de imigração e dispersão de pólen em B20 serem maiores do que em B13 e B15 podem ser explicadas devido à redução do número de árvores reprodutivas dentro dos blocos. Assim, o acasalamento envolveu outras árvores localizadas fora dos blocos, aumentando a imigração de pólen pós-corte em B13 e B15. Como B20 tem um número menor de árvores reprodutivas do que os outros blocos, tanto pré quanto pós-corte, apresentou maior imigração de pólen e distância de dispersão pré e pós-corte em B20 do que em B13 e B15. A maior imigração de pólen nos três blocos e distâncias de dispersão pós-corte em B13 e B15 também pode ser explicada pelo fato de que os indivíduos regenerantes são mais jovens que os juvenis, e possivelmente foram submetidas por um menor período de tempo do que os juvenis a eventos de seleção natural contra acasalamento e processos estocásticos, como mortalidade aleatória, doenças e predação (LEYSER et al., 2012).

A dispersão de pólen em longas distâncias em *A. angustifolia* foi relatada entre populações que ocorrem em fragmentos florestais e árvores isoladas (até 2.000 m), embora uma alta frequência de acasalamento ocorra em distâncias curtas, variando de 25–298 m (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; 2008; SANT'ANNA et al., 2013; MEDINA-MACEDO et al., 2015; 2016; CRISTOFOLI, 2017). A dispersão do pólen em *A. angustifolia* ocorre pelo vento e a floresta de alta densidade pode atuar como uma barreira para a dispersão do pólen, diminuindo as distâncias de dispersão do pólen (MEDINA-MACEDO et al., 2016). A redução do tamanho da população pelo corte seletivo reduz a densidade de indivíduos, o que pode reduzir as barreiras à dispersão do pólen, aumentando o fluxo gênico. Isso pode explicar a maior imigração de pólen pós-corte observada por Sant'Anna et al. (2013) em uma floresta contínua.

Por outro lado, a exploração madeireira diminuiu a imigração de sementes e a distância média de dispersão, embora a distância média não tenha sido muito diferente entre os blocos pré e pós-corte, geralmente favorecendo o estabelecimento de regenerantes próximo às árvores-matriz. A distância máxima de dispersão das sementes aumentou no B13 pós-corte, embora as regenerantes, geralmente, tenham se estabelecido em cerca de um terço da distância do cenário

pré-corte. Isso provavelmente ocorreu devido ao fato de *A. angustifolia* ser uma espécie pioneira que se regenera dentro de clareiras de forma que as clareiras formadas dentro dos blocos pela exploração madeireira favorecem a regeneração de indivíduos mais próximos das árvores matrizes (SOUZA et al., 2008).

A imigração de sementes pré e pós-corte foi menor do que relatada para a mesma espécie em um fragmento de floresta de 5,4 ha (imigração= 10%, BITTENCOURT; SEBBENN, 2007), e não muito diferente daquela em uma floresta contínua de 7,4 ha (5,9%, SANT'ANNA et al., 2013) e uma parcela de 16,2 ha dentro de uma pastagem (imigração= 11%, CRISTOFOLI, 2017). A distância média de dispersão das sementes foi menor do que relatada para juvenis e regenerantes em outros estudos, variando de 92 a 229 m (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; SANT'ANNA et al., 2013; CRISTOFOLI, 2017). As maiores distâncias de dispersão de sementes nos outros estudos podem ser explicadas por suas maiores áreas amostrais, permitindo a detecção de eventos de dispersão a longa distância, além de estarem sujeitas a variações em virtude de fatores como o estágio sucessional da floresta e a densidade de indivíduos. Mesmo as distâncias médias de dispersão das sementes foram diferentes das do nosso estudo, embora o padrão de dispersão tenha sido o mesmo, com maior frequência de juvenis e regenerantes estabelecidos próximo às árvores-matriz (BITTENCOURT; SEBBENN 2007; SANT'ANNA et al., 2013).

A maior imigração de pólen observada com relação a imigração de sementes, bem como a distância de dispersão, tanto pré quanto pós-corte, é explicada pelo fato de que o pólen de *A. angustifolia*, embora geralmente maior do que outras espécies de árvores coníferas polinizadas pelo vento (SOUSA; HATTEMER, 2003), pode ser dispersado por distâncias mais longas do que as sementes, que são dispersas principalmente por barocoria e secundariamente por animais (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; SANT'ANNA et al., 2013; WREGE et al., 2017). Para outras espécies brasileiras, o corte seletivo causou aumento na imigração de pólen nas populações após a exploração, como é o caso de *Entandrophragma cylindricum* Harms (LOURMAS et al., 2007), *Jacarandá copaia* (Aubl.) D. Don e *Dipteryx odorata* (Aubl.) Willd. (VINSON et al., 2015b), e diminuição na imigração de pólen, como observado em *Bagassa guianensis* Aubl. (ARRUDA et al., 2015) e *Hymenaea courbaril* L. (CARNEIRO et al., 2011).

Nossos resultados mostraram que, de modo geral, a EGE aumentou após a exploração. A estrutura genética espacial é um fenômeno comum em populações de *A. angustifolia*, principalmente devido à curta distância de dispersão das sementes, conforme relatado em outros estudos desta espécie (MANTOVANI et al., 2006; STEFENON et al., 2008; PATREZE; TSAI, 2010; SANT'ANNA et al., 2013; MEDINA-MACEDO et al., 2015; CRISTOFOLI, 2017; COSTA et al., 2021). A partir de estudos baseados em análise de parentesco, a dispersão

secundária por animais como *Dasyprocta* spp. (roedores) e *Cyanocorax caeruleus* (pássaro) (WREGGE et al., 2017), geralmente ocorre entre 60 e 80 m das árvores-matriz (CARVALHO, 1994), mas pode chegar a até 918 m (média variando de 25–229 m) (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; SANT'ANNA et al., 2013; CRISTOFOLI, 2017). O aumento do EGE pós-corte deve-se ao estabelecimento dos indivíduos regenerantes próximo à árvore-matriz, resultando em maior agregação espacial dos regenerantes, que são favorecidos pelas clareiras oriundas da exploração, refletindo a natureza heliófila da espécie. A regeneração de *A. angustifolia* é maior em floresta aberta e secundária do que em florestas mais velhas (BITTENCOURT; SEBBENN 2007; SANT'ANNA et al., 2013; CRISTOFOLI, 2017). No entanto, estudos sugerem que o EGE em juvenis e regenerantes diminui até o estágio adulto, provavelmente como resultado de efeitos estocásticos como mortalidade aleatória, predação, doenças ou causas determinísticas, como seleção contra indivíduos endogâmicos ou depressão endogâmica (BITTENCOURT; SEBBENN 2007; SANT'ANNA et al., 2013).

6.3. Considerações para a conservação e manejo florestal sustentável

Os resultados do presente estudo podem subsidiar estratégias para coleta de sementes visando conservação *ex situ*, melhoramento genético, manejo e reflorestamento ambiental. A EGE estatisticamente significativa até 25 m, detectada para os adultos pós-corte, indica que teoricamente a coleta de sementes de árvores-matriz desta população deve ser realizada acima dessa distância. Entretanto, o presente estudo foi realizado para blocos de 1,0 ha, limitando a possibilidade de observar a ocorrência de EGE acima de 141 m, que foi a distância máxima entre dois indivíduos dentro dessas condições. De forma contrária, outros estudos têm levado em consideração áreas amostrais maiores, variando de 5,4 a 14 ha e detectando EGE estatisticamente significativa entre distância de 25 até 201 m (MANTOVANI et al., 2006; BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; STEFENON et al., 2008; PATREZE et al. 2010; SANT'ANNA et al. 2013; MEDINA-MACEDO et al. 2015; CRISTOFOLI 2017). Sendo assim, sugere-se que a coletas de sementes de *A. angustifolia* sejam realizadas em árvores-matriz localizadas a distâncias de pelo menos 100 m entre si. Essa estratégia de amostragem pode evitar a coleta de sementes de mães geneticamente relacionadas e garantir alta diversidade genética na progênie amostrada devido ao fato de haver menor probabilidade de ocorrência de adultos geneticamente relacionados nessa distância, além de permitir a amostragem de um número maior de diferentes nuvens de pólen.

No presente estudo, aplicou-se uma intensidade de exploração cerca de 70% maior em B13 (32,9% de árvores cortadas, DAP médio de árvores cortadas= 53,6 cm) e B15 (31,4%, DAP

médio= 48,6) do que em B20 (18,4%, DAP médio= 53,2 cm). Em estudo anterior, o modelo genético e demográfico ECOGENE (DEGEN et al., 1996) foi utilizado para investigar os efeitos de longo prazo do corte seletivo sobre a área basal (AB) e a diversidade genética de populações de *A. angustifolia*, combinando diferentes diâmetros máximo de corte (DMC: 50 , 75 e 100 cm), IE (20, 40 e 90% acima do MCD) e quatro ciclos de corte (CC: 30, 60 e 90 anos, totalizando 122, 242 e 362 anos, respectivamente), no intuito de propor cenários de exploração que garantam a sustentabilidade da produção de madeira (DAL BEM et al., 2015). O estudo de Dal Bem et al. (2015) constatou que para um DMC de 50 cm (semelhante à média usada nesse estudo) e IE de 20, 40 e 90%, a AB recuperou o valor original após 54, 74 e 84 anos, respectivamente. Além disso, as estimativas de distância genética entre a população de idade inicial e final das simulações mostraram que os cenários com as maiores mudanças nas frequências alélicas foram aqueles com DMC de 50 cm. Levando em consideração que a AB pré-corte não se recuperaria após 40 anos para um DMC de 50 cm, as simulações demonstraram que a legislação brasileira atual (DMC= 50 cm, IE= 90%, CC= 40 anos) não resulta em produção sustentável de madeira de *A. angustifolia*.

Com base nos resultados de Dal Bem et al. (2015), e no DAP médio de cerca de 50 cm (mínimo de 40 cm e máximo de 67,8 cm) utilizado no presente estudo e IE de 18,4% (B20), 31,4% (B15) e 31,9% (B13), pode-se esperar a recuperação da área basal em cerca de 50 anos em B20 (18,4% x 54 anos/20%) e 59 anos em B13 e B15 (31,9% x 74 anos/40%), respectivamente. Esses resultados reforçam a visão de que a produção sustentável de madeira de *A. angustifolia* não pode ser alcançada com os atuais ciclos de corte de 40 anos ou menos, conforme permitido no Brasil e na Argentina. Além disso, fica evidente que a legislação voltada para a conservação de *A. angustifolia* nesses países é ineficaz, principalmente porque não diferenciam as espécies, dado que um modelo de exploração não pode ser generalizado para todas elas. Além disso, a legislação não aborda toda a gama de questões relevantes, enfatizando a produção e omitindo tópicos como conservação genética e educação ambiental (DAL BEM et al., 2015; INZA et al., 2018).

7. CONCLUSÕES

A exploração madeireira diminui a diversidade alélica, tamanho efetivo populacional, a imigração de sementes e a distância de dispersão, mas geralmente aumenta a estrutura genética especial e a imigração de pólen, especialmente sob a intensidade de exploração mais alta utilizada neste estudo. Os indivíduos regenerantes, componentes da população pós-corte, contribuem para a diversidade genética, porém não é possível garantir que sobrevivam e atinjam a idade reprodutiva. O aumento pós-corte na coancestria na primeira classe de distância indica que o corte seletivo está aumentando o estabelecimento de regenerantes próximo à árvore-matriz.

Pode-se também considerar que se a população continuasse a ser explorada seguindo os mesmos critérios, ela poderia estar exposta a processos como mudanças nos padrões de dispersão de pólen e sementes, além de perda da diversidade genética por gargalos genéticos, afetando as gerações subsequentes. Assim, a opção mais viável seria priorizar, para exploração, a seleção de árvores próximas umas das outras (a menos de 25 m), que provavelmente são mais aparentadas, no intuito de evitar perdas de diversidade genética. Isso facilitará o fluxo de pólen, favorecendo o cruzamento entre indivíduos não aparentados e contribuindo para a diversidade genética da população.

É importante destacar os níveis de diversidade genética observados tanto nos juvenis, que já faziam parte da população pré-corte, quanto nos indivíduos regenerantes, que surgiram após a exploração e provavelmente foram favorecidas pela abertura do dossel. Essa diversidade genética pode compensar as perdas alélicas geradas pelo corte seletivo, porém não há garantia de que os indivíduos regenerantes atinjam a idade reprodutiva, quando de fato contribuiriam para o tamanho efetivo populacional. Assim, é muito importante que o desenvolvimento dos juvenis e regenerantes seja monitorado, pois são fundamentais para a manutenção da diversidade alélica na população e na perspectiva de garantir a adequada regeneração pós-corte.

Nas condições avaliadas e considerando os resultados de nosso estudo, as regras atuais de corte seletivo não são adequadas para *A. angustifolia*. Detectamos que a exploração seletiva resultou em redução do tamanho efetivo populacional mesmo na menor intensidade de exploração, bem como na perda de alguns alelos. No entanto, dada a importância econômica desta espécie, deve-se ponderar a possibilidade de descumprimento das leis voltadas à proibição da exploração da espécie e, conseqüentemente, a possibilidade de exploração ilegal das suas populações; fatores que podem prejudicar a conservação da espécie. Este estudo demonstra que o corte seletivo em populações de espécies arbóreas nativas não deve levar em consideração apenas critérios dendrométricos ou a legislação brasileira vigente, mas deve aplicar os princípios

aqui descritos para garantir também a viabilidade genética. Além disso, pode-se dizer que antes do corte de qualquer indivíduo de populações naturais de espécies ameaçadas, extensos estudos genéticos devem ser realizados.

REFERÊNCIAS

- AB'SABER, A. N. Os domínios morfoclimáticos da América do Sul. Primeira aproximação. **Geomorfologia**, v. 52, p. 1-21, 1977.
- ADAMS, W. T.; ZUO, J.; SHIMIZU, J. Y.; TAPPEINER, J. C. Impact of alternative regeneration methods on genetic diversity in coastal Douglas-fir. **Forest science**, v. 44, n. 3, p. 390-396, 1998.
- ANDRADE, A.; COSTA, E.; BUENO, G.; HESS, A.; FINGER, C. Características morfológicas, germinação do pinhão e teste hídrico de mudas de araucária. **Enciclopédia Biosfera**, v. 19, n. 40, p. 103-115, 2022.
- ANJOS, L. O ciclo anual de *Cyanocorax caeruleus* em floresta de araucária (Passeriformes: Corvidae). **Ararajuba**, v. 2, n. 1, p. 19–23, 1991.
- ANSELMINI, J. I.; ZANETTE, F. Development and growth curve of the pine cones of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze, in the region of Curitiba – PR. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 51, p. 465-469, 2008.
- ARAVANOPOULOS, F. A. Do Silviculture And Forest Management Affect The Genetic Diversity And Structure Of Long-Impacted Forest Tree Populations? **Forests**, v. 9, n. 6, p. 355.
- ARRUDA, C. C. B.; SILVA, M. B.; SEBBENN, A. M.; KANASHIRO, M.; LEMES, M. R.; GRIBEL, R. Mating system and genetic diversity of progenies before and after logging: a case study of *Bagassa guianensis* (Moraceae), a low-density dioecious tree of the Amazonian forest. **Tree Genetics & Genomes**, v. 11, n. 1, p. 1-9, 2015.
- BITTENCOURT, J. V. M. Proposta para conservação genética da *Araucaria angustifolia*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 55, p. 87-87, 2007.
- BITTENCOURT, J. V. M.; HIGA, M. C.; MAZZA, M. C.; RUAS, P. M.; RUAS, C. F.; CACCAVARI, M.; FASSOLA, H. Conservation, management and sustainable use of *Araucaria angustifolia* genetic resources in Brazil. In: VINCETI, B.; AMARAL, W.; MEILLEUR, B. (eds) **Challenges in managing forest genetic resource for livelihoods: examples from Argentina and Brazil**. International Plant Genetic Resources, Rome, 2004, p. 133–148
- BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Genetic effects of forest fragmentation in high-density *Araucaria angustifolia* populations in Southern Brazil. **Tree Genetics Genomes**, v. 5, n. 4, p. 573–582, 2009.

- BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Patterns of pollen and seed dispersal in a small, fragmented population of the wind-pollinated tree *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. **Heredity**, v. 99, n. 6, p. 580–591, 2007.
- BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Pollen movement within a continuous forest of wind-pollinated *Araucaria angustifolia*, inferred from paternity and TwoGener analysis. **Conservation Genetics**, v. 9, n. 4, p. 855-868, 2008.
- BRASIL. Lei n. ° 11.428, de 22 de dezembro de 2006. Dispõe sobre a utilização e proteção da vegetação nativa do Bioma Mata Atlântica, e dá outras providências. Diário Oficial [da República Federativa do Brasil, Poder Executivo, Brasília, DF, 26 de dezembro de 2006.
- BRASIL. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Instrução Normativa n. ° 6 de 23 de set. de 2008. Lista Oficial das Espécies da Flora Brasileira Ameaçadas de Extinção. Diário Oficial [da República Federativa do Brasil], Brasília, DF, v. 145, n. 185, 24 set. 2008. Seção 1, p. 75- 83.
- BRASIL. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Portaria IBAMA n.º 37-N, de 3 de abril de 1992. Reconhece como Lista Oficial de Espécies da Flora Brasileira Ameaçadas de Extinção a relação que se apresenta. Brasília, DF, 03 de abril de 1992.
- BRASIL. MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. Portaria MMA n.º 443, de 17 de dezembro de 2014. Lista Nacional Oficial de Espécies da Flora Ameaçadas de Extinção. Brasília, 2014.
- BROWN, K. S.; BROWN, G. G. Habitat alteration and species loss in Brazilian forests. In: WHITMORE, T. C.; SAYER, J. A. **Tropical Deforestation and Species Extinction**. Chapman & Hall: London, 1992, p. 119-142.
- BUCHERT, G. P.; RAJORA, O. P.; HOOD, J. V. Effects of harvesting on genetic diversity in old-growth eastern white pine in Ontario, Canada. **Conservation Biology**, v. 11, n. 3, p. 747-758, 1997.
- BUI TEVELD, J.; VENDRAMIN, G. G.; LEONARDI, S.; KAMER, K.; GEBUREK, T. Genetic diversity and differentiation in European beech (*Fagus sylvatica* L.) stands varying in management history. **Forest ecology and management**, v. 247, n. 1-3, p. 98-106, 2007.
- CARNEIRO, F. S.; DEGEN, B.; KANASHIRO, M.; LACERDA, A. E. B.; SEBBENN, A. M. High levels of pollen dispersal detected through paternity analysis from a continuous *Symphonia globulifera* population in the Brazilian Amazon. **Forest Ecology and Management**, v. 258, n. 7, p. 1260-1266, 2009.

- CARNEIRO, F. S.; LACERDA, A. E. B.; LEMES, M. R.; GRIBEL, R.; KANASHITO, M.; WADT, L. H. O.; SEBBENN, A. M. Effects of selective logging on the mating system and pollen dispersal of *Hymenaea courbaril* L. (Leguminosae) in the Eastern Brazilian Amazon as revealed by microsatellite analysis. **Forest Ecology and Management**, v. 262, n. 9, p. 1758-1765, 2011.
- CARNEIRO, F. S.; SEBBENN, A. M.; KANASHIRO, M.; DEGEN, B. Low interannual variation of mating system and gene flow of *Symphonia globulifera* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, v. 39, n. 5, p. 628–636, 2007.
- CARVALHO, M. M. X. **Uma grade empresa em meio à floresta: a história da devastação da floresta com araucária e a southern brazil lumber and colonization (1870-1970)**. 2010. Universidade Federal de Santa Catarina, 2010.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, v. 2, 2006. 627 p.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e usos da madeira**. Brasília: EMBRAPA-CNPQ/SPI, 1994. 639 p.
- CERTI. **Análise integrada das cadeias produtivas de espécies nativas da Floresta Ombrófila Mista e seu impacto sobre o ecossistema**. Volume II - Estratégia de valorização da floresta com araucárias. Curitiba, PR, p. 31, 2012.
- CHASSOT, T.; FLEIG, F. D.; FINGER, C. A. G.; LONGHI, S. J. Individual tree diameter growth model for *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze in mixed ombrophylous forest. **Ciência Florestal**, v. 21, n. 2, p. 303-313, 2011.
- CHYBICKI I. J.; BURCZYK, J. Simultaneous estimation of null alleles and inbreeding coefficients. **Journal of Heredity**, v. 100, n. 1, p. 106-113, 2009.
- COSTA, N. C. F.; STEDILLE, L. I. B.; LAUTERJUNG, M. B.; MONTAGNA, T.; CANDIDO-RIBEIRO, R.; BERNARDI, A. P.; MANTOVANI, A.; REIS, M. S.; NODARI, R. O. Spatiotemporal variation in mating system and genetic diversity of *Araucaria angustifolia*: Implications for conservation and seed collection. **Forest Ecology and Management**, v. 481, p. 118716, 2021.
- CRISTOFOLI, C. **Dinâmica da diversidade genética de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze em campo e floresta no sul do Brasil**. 2017. Universidade Federal de Santa Catarina, 2017.

- DAL BEM, E. A.; BITTENCOURT, J. V. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Cenários de corte seletivo de árvores na diversidade genética e área basal de populações de *Araucaria angustifolia* com base em modelagem Ecogene. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 106, p. 453-466, 2015.
- DANNER, M. A.; RIBEIRO, J. Z.; ZANETTE, F.; BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Impact of monoecy in the genetic structure of a predominately dioecious conifer species, *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze. **Plant Systematics and Evolution**, v. 299, n. 5, p. 949–958, 2013.
- DANNER, M. A.; ZANETTE, F.; RIBEIRO, J. Z. O cultivo da araucária para produção de pinhões como ferramenta para a conservação. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 72, p. 441-441, 2012.
- DEGEN, B.; BLANC, L.; CARON, H.; MAGGIA, L.; KREMER, A.; GOURLET-FLEURY, S. Impact of selective logging on genetic composition and demographic structure of four tropical tree species. **Biological Conservation**, v. 131, n. 3, p. 386–401, 2006.
- DEGEN, B.; GREGORIUS, H. R.; SCHOLZ, F. ECO-GENE, a model for simulation studies on the spatial and temporal dynamics of genetic structures of tree populations. **Silvae Genetica**, v. 45, n. 5-6, p. 323–329, 1996.
- DOW, B. D.; ASHLEY, M. V. Microsatellite analysis of seed dispersal and parentage of saplings in bur oak, *Quercus macrocarpa*. **Molecular ecology**, v. 5, n. 5, p. 615-627, 1996.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13–15, 1990.
- EBLING, A. A.; NETTO, S. P. Modelagem de ocorrência de coortes na estrutura diamétrica da *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze. **Cerne**, v. 21, p. 251-257, 2015.
- EISFELD, R. L.; ARCE, J. E.; SANQUETTA, C. R.; BRAZ, E. M. É economicamente viável o plantio de araucária? uma análise entre a espécie e seu principal substituto, o pinus. **Scientia Forestalis**, v. 48, n. 128, e3408, 2020.
- EL-KASSABY Y. A.; BENOWICZ, A. Effects of commercial thinning on genetic, plant species and structural diversity in second-growth Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) stands. **Forest Genetics**, v. 7, n. 3, p. 193–203, 2000.
- EL-KASSABY, Y. A.; DUNSWORTH, B. G.; KRAKOWSKI, J. Genetic evaluation of alternative silvicultural systems in coastal montane forests: western hemlock and amabilis fir. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n. 4, p. 598-610, 2003.

- FAGERIA, M. S.; RAJORA, O. P. Effects of harvesting of increasing intensities on genetic diversity and population structure of white spruce. **Evolutionary Applications**, v. 6, n. 5, p. 778-794, 2013.
- FAGERIA, M. S.; RAJORA, O. P. Effects of silvicultural practices on genetic diversity and population structure of white spruce in Saskatchewan. **Tree genetics & genomes**, v. 10, n. 2, p. 287-296, 2014.
- FARJON. **A Natural History of Conifers**. Timber Press: Portland, 2008, 304 p.
- FERES, F.; SOUZA, A. P.; AMARAL, M. C. E.; BITTRICH, V. Avaliação de método de preservação de amostras de plantas de Savanas Neotropicais para a obtenção de DNA de alta qualidade para estudos moleculares. **Brazilian Journal of Botany**, v. 28, p. 277-283, 2005.
- FERREIRA, D. K.; NAZARENO, A. G.; MANTOVANI, A.; BITTENCOURT, R.; SEBBENN, A. M.; REIS, M. S. Genetic analysis of 50-year old Brazilian pine (*Araucaria angustifolia*) plantations: implications for conservation planning. **Conservation Genetics**, v. 13, n. 2, p. 435-442, 2012.
- FIGUEIREDO FILHO, A.; DIAS, A. N.; STEPKA, T. F.; SAWCZUK, A. R. Crescimento, mortalidade, ingresso e distribuição diamétrica em Floresta Ombrófila Mista. **Floresta**, v. 40, n. 4, 2010.
- FISCHER, R.; GIESSEN, L.; GÜNTER, S. Governance effects on deforestation in the tropics: a review of the evidence. **Environmental Science & Policy**, v. 105, p. 84-101, 2020.
- FUNDAÇÃO DE PESQUISAS FLORESTAIS DO PARANÁ - FUPEF. **Conservação do bioma floresta com araucária: relatório final Diagnóstico dos remanescentes florestais**. Curitiba: FUPEF, v. 2, 2001.
- FUNDAÇÃO DE PESQUISAS FLORESTAIS DO PARANÁ – FUPEF. **Inventário florestal do pinheiro no sul do Brasil**. Curitiba: FUPEF/IBDF, 1978.
- GILMORE, S.; HILL, K. D. Relationship of the Wollemi pine (*Wollemia nobilis*) and a molecular phylogeny of the Araucariaceae. **Telopea**, v. 7, n. 3, p. 275-291, 1997.
- GLAUBITZ, J. C.; WU, H. X.; MORAN, G. F. Impacts of silviculture on genetic diversity in the native forest species *Eucalyptus sieberi*. **Conservation Genetics**, v. 4, n. 3, p. 275-287, 2003.
- GOUDET, J. F. S. T. A. T. FSTAT Version (1.2) A computer program to calculate F-Statistics. **Journal of heredity**, v. 86, n. 6, p. 485-486, 1995.
- GUERRA, M. P.; MANTOVANI, N. S. A.; NODARI, R. O.; REIS, M. S.; SANTOS, K. L. Evolução, ontogênese e diversidade genética em *Araucaria angustifolia*. In: BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. (eds) **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Embrapa Informação Tecnológica: Brasília, 2008, p. 149–184.

- GUERRA, M. P.; REIS, M. S.; SCHNEIDER, L.; SILVEIRA, V. *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. In: **Inventário dos Recursos Florestais da Mata Atlântica**. Conselho Nacional da Reserva da Biosfera, 1999, 125p.
- GUERRA, M. P.; SILVEIRA, V.; REIS, M. S.; SCHNEIDER, L. Exploração, manejo e conservação da araucária (*Araucaria angustifolia*) (Bert.) O Ktze. In: SIMÕES, L. L.; LINO, C. F. (Eds) **Sustentável Mata Atlântica: a exploração de seus recursos florestais**. Senac, São Paulo, 2002, p. 85–102.
- GUERRA, M. P.; STEINER, N.; NODARI, R. O. et al. *Araucaria* Evolution, ontogenesis and genetic diversity. In: BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. eds. **Origin and evolution of cultivated plants**. 1 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2012.
- HADDAD, N. M.; BRUDVIG, L. A.; CLOBERT, J.; DAVIES, K. F. et al. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science advances**, v. 1 n. 2, e1500052, 2015.
- HARDY, O. J.; VEKEMANS, X. Spagedi: a versatile computer program to analyses spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular ecology notes**, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.
- HAWLEY, G. J.; SCHABERG, P. G.; DEHAYES, D. H.; BRISSETTE, J. C. Silviculture alters the genetic structure of an eastern hemlock forest in Maine, USA. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 35, n. 1, p. 143-150, 2005.
- HENKEL, J. B.; HOCHSTETTER, W. **Synopsis der Nadelhölzer, deren charakteristischen Merkmale nebst Andeutungen über ihre Cultur und Ausdauer in Deutschlands Klima**. Cotta, 1865. 446p.
- HESS, A. F.; CALGAROTTO, A. R.; PINHEIRO, R.; WANGINIÁK, T. C. R. Proposta de manejo de *Araucaria angustifolia* utilizando o quociente de Liocourt e análise de incremento, em propriedade rural no município de Lages, SC. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 64, p. 337-337, 2010.
- HUECK, K. Distribuição e habitat natural do Pinheiro do Paraná (*Araucaria angustifolia*). **Boletim da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras, Universidade de São Paulo. Botânica**, v. 10, p. 3–24, 1953.
- INDRUSIAK, C.; MONTEIRO, S. Unidades de Conservação na área de distribuição da Araucária. In: FONSECA, C. R.; SOUZA, A. F.; LEAL-ZANCHET, A. M.; DUTRA, T. L.; BACKES, A.; GANADE, G. (eds) **Floresta com Araucária: ecologia, conservação e desenvolvimento sustentável**. Holos: Ribeirão Preto, 2009, p. 253–265.

- INZA, M. V.; AGUIRRE, N. C.; TORALES, S. L.; PAHR, N. M.; FASSOLA, H. E.; FORNES, L. F.; ZELENER, N. Genetic variability of *Araucaria angustifolia* in the Argentinean Parana Forest and implications for management and conservation. **Trees**, v. 32, n. 4, p. 1135–1146, 2018.
- IUCN. **The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2020-2**. 2020 Disponível em: <<https://www.iucnredlist.org>>. Acesso em 11 dez. 2022.
- JO, L.; DOS SANTOS, A. L.; BUENO, C. A.; BARBOSA, H. R.; FLOH, E. I. Proteomic analysis and polyamines, ethylene and reactive oxygen species levels of *Araucaria angustifolia* (Brazilian pine) embryogenic cultures with different embryogenic potential. **Tree Physiology**, v. 34, n. 1, p. 94-104, 2014.
- KALINOWSKI, S. T.; TAPER, M. L.; MARSHALL, T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molecular ecology**, v. 16, n. 5, p. 1099-1106, 2007.
- KAVALIAUSKAS, D.; FUSSI, B.; WESTEREGREN, M.; ARAVANOPOULOS, F.; FINZGAR, D.; BAIER, R.; ALIZOTI, P.; BOZIC, G.; AVRAMIDOU, E.; KONNERT, M.; KRAIGHER, H. (2018) The interplay between forest management practices, genetic monitoring, and other long-term monitoring systems. **Forests**, v. 9, n. 3, p. 133, 2018.
- KLEIN, R. M. O aspecto dinâmico do Pinheiro do Paraná. **Sellowia**, v. 12, p. 17–44, 1960.
- KRAMER, A. T.; ISON, J. L.; ASHLEY, M. V.; HOWE, H. F. The paradox of forest fragmentation genetics. **Conservation Biology**, v. 22, n. 4, p. 878-885, 2008.
- LACERDA, A. E. B.; KANASHIRO, M. SEBBENN, A. M. Long-pollen movement and deviation of random mating in a low-density continuous population of a tropical tree *Hymenaea courbaril* in the Brazilian Amazon. **Biotropica**, v. 40, n. 4, p. 462-470, 2008.
- LACERDA, A. E. B.; NIMMO, E. R.; SEBBENN, A. M. Modeling the long-term impacts of logging on genetic diversity and demography of *Hymenaea courbaril*. **Forest Science**, v. 59, n. 1, p. 15-26, 2013.
- LANDER, T. A.; BOSHIER, D. H.; HARRIS, S. A. Fragmented but not isolated: contribution of single trees, small patches and long-distance pollen flow to genetic connectivity for *Gomortega keule*, an endangered Chilean tree. **Biological Conservation**, v. 143, n. 11, p. 2583-2590, 2010.
- LEDRU, M. P.; MONTADE, V.; BLANCHARD, G.; HÉLY, C. Long-term spatial changes in the distribution of the Brazilian Atlantic Forest. **Biotropica**, v. 48, n. 2, p. 159-169, 2016.

- LEE, C. T.; WICKNESWARI, R.; MAHANI, M. C.; ZAKRI, A. H. Effect of selective logging on the genetic diversity of *Scaphium macropodum*. **Biological Conservation**, v. 104, n. 1, p. 107-118, 2002.
- LEE, K. S.; WICKNESWARI, R.; CHOONG, C. Y. Stand structure and the genetic diversity of *Koompassia malaccensis* and *Dryobalanops aromatica* in unlogged and logged-over stands. **Sains Malaysiana**, v. 36, n. 2, p. 233-242, 2007.
- LEYSER, G.; ZANIN, E. M.; BUDKE, J. C.; MÉLO, M. A. D.; HENKE-OLIVEIRA, C. Regeneração de espécies arbóreas e relações com componente adulto em uma floresta estacional no vale do rio Uruguai, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 26, n. 1, 74-83, 2012.
- LINDGREN, D.; MULLIN, T. J. Relatedness and status number in seed orchard crops. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 28, n. 2, p. 276-283, 1998.
- LIU, N.; ZHU, Y.; WEI, Z. X.; CHEN, J.; WANG, Q. W.; JIAN, S. G.; ZHOU, D. W.; SHI, J.; YANG, Y.; ZHONG, Y. Phylogenetic relationships and divergence times of the family Araucariaceae based on the DNA sequences of eight genes. **Chinese Science Bulletin**, v. 54, n. 15, p. 2648–2655, 2009.
- LOISELLE, B. A.; SORK, V. L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American journal of botany**, v. 82, n. 11, p. 1420-1425, 1995.
- LOURMAS, M.; KJELLBERG, F.; DESSARD, H.; JOLY, H. I.; CHEVALLIER, M. H. Reduced density due to logging and its consequence on mating system and pollen flow in the African mahogany *Entandrophragma cylindricum*. **Heredity**, v. 99, n. 2, p. 151-160, 2007.
- MAACK, R. **Geografia Física do Estado do Paraná**. 2ª ed. José Olympio, Rio de Janeiro, 1981. 442 p.
- MAACK, R. **Geografia física do Estado do Paraná**. Banco de Desenvolvimento do Paraná / UFPR / Instituto de Biologia e Pesquisas Tecnológicas: Curitiba, 1968. 350p.
- MACDONALD, S. E.; THOMAS, B. R.; CHERNIAWSKY, D. M.; PURDY, B. G. Managing genetic resources of lodgepole pine in west-central Alberta: patterns of isozyme variation in natural populations and effects of forest management. **Forest ecology and management**, v. 152, n. 1-3, p. 45-58, 2001.
- MACHADO, J. A. R.; AGUIAR, A. V.; PONTINHA, A. A. S.; SOUZA, B. M.; SEBBENN, A. M.; HALLSWORTH, J. E.; SOUSA, V. A.; FREITAS, M. L. M. Enhancing genetic fitness while maintaining genetic variability in *Araucaria angustifolia*. **Scientia Forestalis**, v. 49, n. 130, e3572, 2021.

- MANTOVANI, A.; MORELLATO, L. P. C.; REIS, M. S. D. Fenologia reprodutiva e produção de sementes em *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze. **Brazilian Journal of Botany**, v. 27, p. 787-796, 2004.
- MANTOVANI, A.; MORELLATO, L. P. C.; REIS, M. S. Internal genetic structure and outcrossing rate in a natural population of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze. **Journal of Heredity**, v. 97, n. 5, p. 466-472, 2006.
- MARCHIORO, C. A.; SANTOS, K. L.; SIMINSKI, A. Present and future of the critically endangered *Araucaria angustifolia* due to climate change and habitat loss. **Forestry: An International Journal of Forest Research**, v. 93, n. 3, p. 401-410, 2020.
- MEDINA-MACEDO, L.; LACERDA, A. E. B.; SEBBENN, A. M.; RIBEIRO, J. Z.; SOCCOL, C. R.; BITTENCOURT, J. V. M. Using genetic diversity and mating system parameters estimated from genetic markers to determine strategies for the conservation of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze (Araucariaceae). **Conservation Genetics**, v. 17, n. 2, p. 413-423, 2016.
- MEDINA-MACEDO, L.; SEBBENN, A. M.; LACERDA, A. E. B.; RIBEIRO, J. Z.; SOCCOL, C. R.; BITTENCOURT, J. V. M. High levels of genetic diversity through pollen flow of the coniferous *Araucaria angustifolia*: a landscape level study in Southern Brazil. **Tree Genetics & Genomes**, v. 11, n. 1, p. 1-14, 2015.
- MEDRI, C.; RUAS, P. M.; HIGA, A. R.; MURAKAMI, M.; RUAS, C. F. Effects of forest management on the genetic diversity in a population of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Kuntze. **Silvae Genetica**, v. 52, n. 5-6, p. 202-205, 2003.
- MONTAGNA, T.; LAUTERJUNG, M. B.; COSTA, N. C. F.; BERNARDI, A. P.; CANDIDO-RIBEIRO, R.; REIS, M. S. Guidelines for seed collection of *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze: A genetic, demographic and geographic approach. **Forest Ecology and Management**, v. 438, p. 10-17, 2019.
- MURAWSKI, D. A.; GUNATILLEKE, I. A. U. N.; BAWA, K. S. The effects of selective logging on inbreeding in *Shorea megistophylla* (Dipterocarpaceae) from Sri Lanka. **Conservation Biology**, v. 8, n. 4, p. 997-1002, 1994.
- NASCIMENTO, R. G. M.; MACHADO, S. D. A.; FIGUEIREDO, D. J.; AUGUSTYNCZIK, A. L. D.; CAVALHEIRO, R. Relações dendrométricas de *Araucaria angustifolia*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 64, p. 369-369, 2010.
- NG, K. K. S.; LEE, S. L.; UENO, S. Impact of selective logging on genetic diversity of two tropical tree species with contrasting breeding systems using direct comparison and simulation methods. **Forest Ecology and Management**, v. 257, n. 1, p. 107-116, 2009.

- OBAYASHI, K.; TSUMURA, Y.; IHARA-UJINO, T.; NIIYAMA, K.; TANOUCHI, H.; SUYAMA, Y.; WASHITANI, I.; LEE, C. T.; LEE, S. L.; MUHAMMAD, N. Genetic diversity and outcrossing rate between undisturbed and selectively logged forests of *Shorea curtisii* (Dipterocarpaceae) using microsatellite DNA analysis. **International Journal of Plant Sciences**, v. 163, n. 1, p. 151-158, 2002.
- PALUDO, G. F.; MANTOVANI, A.; REIS, M. S. Regeneração de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae). **Revista Árvore**, v. 35, p. 1107-1119, 2011.
- PATREZE C. M.; TSAI, S. M. Intrapopulacional genetic diversity of *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze is different when assessed on the basis of chloroplast or nuclear markers. **Plant systematics and evolution**, v. 284, n. 1, p. 111-122, 2010.
- PECCATIELLO, A. F. O. Políticas públicas ambientais no Brasil: da administração dos recursos naturais (1930) à criação do Sistema Nacional de Unidades de Conservação (2000). **Desenvolvimento e Meio ambiente**, n. 24, p. 71-82, 2011.
- POWELL, L. W.; BURT, M. J.; HALLIDAY, J. W.; JAZWINSKA, E. C.; Hemochromatosis: genetics and pathogenesis. **Seminars in Liver Disease**, v. 16, n. 1, p. 55-63, 1996.
- QUADROS, E. L. **Recuperação de áreas degradadas**. Intei, Florianópolis, 2009. 104p.
- QUINN, G. J.; PRICE, R. A.; GADEK, P. A. Familial concepts and relationships in the conifers based on rbcL and matK sequence comparisons. **Kew Bulletin**, v. 57, n. 3, p. 513-531, 2002.
- RAI, H. S.; REEVES, P. A.; PEAKALL, R. G.; OLMSTEAD, R. G.; GRAHAM, S. W. Inference of higher order relationships from a multilocus dataset. *Botany*, v. 86, n. 7, p. 658-659, 2008.
- RAJORA, O. P. Genetic biodiversity impacts of silvicultural practices and phenotypic selection in white spruce. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 99, n. 6, p. 954-961, 1999.
- RAJORA, O. P.; PLUHAR, S. A. Genetic diversity impacts of forest fires, forest harvesting and alternative reforestation practices in black spruce (*Picea mariana*). **Theoretical and applied genetics**, v. 106, n. 7, p. 1203-1212, 2003.
- RAJORA, O. P.; RAHMAN, M. H.; BUCHERT, G. P.; DANCİK, B. P. Microsatellite DNA analysis of genetic effects of harvesting in old-growth eastern white pine (*Pinus strobus*) in Ontario, Canada. **Molecular Ecology**, v. 9, n. 3, p. 339-348, 2000.
- RATNAM, W.; RAJORA, O. P.; FINKELDEY, R.; ARAVANOPOULOS, F.; BOUVET, J. M.; VAILLANCOURT, R. E.; KANASHIRO, M.; FADY, B.; TOMITA, M.; VINSON, C. Genetic effects of forest management practices: Global synthesis and perspectives. **Forest ecology and management**, v. 333, p. 52-65, 2014.
- REITZ, R.; KLEIN, R. M. Araucariáceas. **Flora Ilustrada Catarinense**: Itajaí, 1966. 62 p.

- REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. Projeto madeira de Santa Catarina. **Sellowia**, n. 28/30, p. 1-320, 1978.
- REITZ, R.; KLEIN, R. M.; REIS, A. **Projeto Madeira do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Companhia Rio-Grandense de Artes Gráficas, 1983.
- RIBEIRO, M. C.; MARTENSEN, A. C.; METZGER, J. P.; TABARELLI, M.; SCARANO, F.; FORTIN, M. J. The Brazilian Atlantic Forest: a shrinking biodiversity hotspot. In: **Biodiversity hotspots**. Springer: Berlin, Heidelberg, 2011. p. 405-434.
- RIBEIRO, M. C.; METZGER, J. P.; MARTENSEN, A. C.; PONZONI, F. J.; HIROTA, M. M. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biology Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1141-1153, 2009.
- RODRIGUES, R. R.; BRANCALION P. H. S.; ISERNHAGEN, I. **Pacto pela Restauração da Mata Atlântica – referencial dos conceitos e ações de restauração florestal**. Instituto BioAtlântica: São Paulo, LERF/ESALQ, 2009. 256p.
- SALGUEIRO, F.; CARON, H.; SOUZA, M. I. F.; KREMER, A.; MARGIS, R. Characterization of nuclear microsatellite loci in South American Araucariaceae species. **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 2, p. 256-258, 2005.
- SANQUETTA, C. R. **Manual para instalação e medição de parcelas permanentes nos Biomas Mata Atlântica e Pampa**. FUNPAR: Curitiba, 2008. 43p.
- SANT'ANNA, C. S.; SEBBENN, A. M.; KLABUNDE, G. H. F.; BITTENCOURT, R.; NODARI, R. O.; MANTOVANI, A.; REIS, M. S. Realized pollen and seed dispersal within a continuous population of the dioecious coniferous Brazilian Pine (*Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze). **Conservation Genetics**, v. 14, n. 3, p. 601-613, 2013.
- SCHAITZA, E. G.; SHANG, M.; DE OLIVEIRA, E. B. et al. **Implantação e manejo de florestas em pequenas propriedades no Estado do Paraná: um modelo para a conservação ambiental, com inclusão social e viabilidade econômica**. Brasília-DF: Embrapa Florestas-Documents (INFOTECA-E). 2008.
- SCHMIDT, A. B.; CIAMPI, A. Y.; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Isolation and characterization of microsatellite markers for *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae). **Molecular Ecology Notes**, v. 7, n. 2, p. 340-342, 2007.
- SEBBENN, A. M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, M. B.; LACERDA, A. E. B.; CIAMPI, A. Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F. S.; THOMPSON, I.; LOVELESS, M. D. Modelling the long-term impacts for selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest. **Forest ecology and management**, v. 254, n. 2, p. 335-349, 2008.

- SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. A.; GIANOTTI, E.; KAGEYAMA, P. Y. Genetic variation in provenance–progeny test of *Araucaria angustifolia* in São Paulo state. **Silvae genetica**, v. 52, n. 5-6, p. 181-184, 2003.
- SEBBENN, A. M.; SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; LACERDA, C. M. B. Estrutura genética em populações de *Tabebuia cassinoides*: implicações para o manejo florestal e a conservação genética. **Revista do Instituto Florestal**, v. 13, n. 2, p. 93-113, 2001.
- SEBBENN, A. M.; SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; VENCOSKY, R. Efeitos do manejo na estrutura genética de populações de caixeta (*Tabebuia cassinoides*). **Scientia Forestalis**, n. 58, p. 123–143, 2000.
- SETOGUCHI, H.; OSAWA, T. A. S.; PINTAUD, J. C.; JAFFRE, T.; VEILLON, J. Phylogenetic relationships within Araucariaceae based on rbcL gene sequences. **American Journal of Botany**, v. 85, n. 11, p. 1507–1516, 1998.
- SFB. **Inventário Florestal Nacional - Principais Resultados: Paraná**. Série Relatórios Técnicos – IFN, Serviço Florestal Brasileiro, MMA, Brasília, DF, p. 84, 2018.
- SILVA, M. B.; AZEVEDO, V. R.; SILVA, V. P.; KANASHIRO, M.; CIAMPI, A. Y. **Avaliação da diversidade genética de uma população natural de Tatajuba (*Bagassa guianensis* Aubl. (Moraceae)), uma espécie madeireira tropical**. Brasília: Embrapa, Comunicado Técnico, 2004.
- SILVA, M. B.; KANASHIRO, M.; CIAMPI, A. Y.; THOMPSON, I.; SEBBENN, A. M. Genetic effects of selective logging and pollen gene flow in a low density population of the dioecious tropical tree *Bagassa guianensis* in the Brazilian Amazon. **Forest Ecology and Management**, v. 255, n. 5-6, p. 1548-1558, 2008.
- SILVA, P. I. T.; SILVA-JUNIOR, O. B.; RESEND, L. V.; SOUSA, V. A.; AGUIAR, A. V.; GRATAPAGLIA, D. A 3K Axiom® SNP array from a transcriptome-wide SNP resource sheds new light on the genetic diversity and structure of the iconic subtropical conifer tree *Araucaria angustifolia* (Bert.) Kuntze. **PloS one**, v. 15, n. 8, p. e0230404, 2020.
- SILVA, S. M. M.; WADT, L. H. O.; MESQUITA, A. G. G.; MARTINS, K. Impacto da exploração madeireira na diversidade genética e área basal de jatobá na Amazônia sul-ocidental. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 111, p. 545–555, 2016.
- SIST, P.; PIPONIOT, C.; KANASHIRO, M.; PENA-CLAROS, M.; PUTZ, F. E.; SCHULZE, M.; VERISSIMO, A.; VIDAL, E. Sustainability of Brazilian forest concessions. **Forest Ecology and Management**, v. 496, p. 119440, 2021.

- SOS Mata Atlântica. **Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica: período 2020-2021**. Relatório técnico. 2022. Disponível em: <<https://cms.sosma.org.br/wp-content/uploads/2022/05/Sosma-Atlas-2022-1.pdf>>. Acesso em: 14 de Dezembro de 2022.
- SOUSA, V. A.; HATTEMER, H. H. Pollen dispersal and gene flow by pollen in *Araucaria angustifolia*. **Australian Journal of Botany**, v. 51, n. 3, p. 309-317, 2003. <https://dx.doi.org/10.1071/BT02037>
- SOUSA, V. A.; REEVES, P. A.; REILLEY, A.; AGUIAR, A. V.; STEFENON, V. M.; RICHARDS, C. M. Genetic diversity and biogeographic determinants of population structure in *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. **Conservation Genetics**, v. 21, n. 2, p. 217-229, 2020.
- SOUZA, A. F.; CORTEZ, L. S. R.; LONGHI, S. J. Native forest management in subtropical South America: long-term effects of logging and multiple-use on forest structure and diversity. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 8, p. 1953-1969, 2012.
- SOUZA, A. F.; FORGIARINI, C.; LONGHI, S. J.; BRENA, D. A. Regeneration patterns of a long-lived dominant conifer and the effects of logging in southern South America. **Acta Oecologica**, v. 34, n. 2, p. 221-232, 2008.
- SOUZA, V. C. Araucariaceae in **Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2015. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB33971>>. Acesso em: 24 Novembro, 2022.
- STEFENON, V. M.; GAILING, O.; FINKELDEY, R. The role of gene flow in shaping genetic structures of the subtropical conifer species *Araucaria angustifolia*. **Plant biology**, v. 10, n. 3, p. 356-364, 2008.
- STEFENON, V., M.; GAILING, O.; FINKELDEY, R. Genetic structure of *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae) populations in Brazil: implications for the in situ conservation of genetic resources. **Plant Biology**, v. 9, n. 45, p. 516–525, 2007.
- STEFENON, V. M.; GAILING, O.; FINKELDEY, R. Phylogenetic relationship within genus *Araucaria* (Araucariaceae) assessed by means of AFLP fingerprints. **Silvae Genetica**, v. 55, n. 2, p. 45-51, 2006.
- STEPKA, T. F.; MATTOS, P. P.; FIGUEIREDO FILHO, A.; BRAZ, E. M.; MACHADO, S. A. Growth of *Araucaria angustifolia*, *Cedrela fissilis* and *Ocotea porosa* in different locations within the Araucaria forest in the southern Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 486, p. 118941, 2021.

- SZMIDT, A. E. Phylogenetic and applied studies on Chloroplast genome in forest conifers. In: FINESCHI, M. E.; MALVOTI, F. CANNATA AND H. H. HATTEMER (eds.). **Biochemical Markers in the Population Genetics of Forest Trees**. SPB Academic Publishing bv, The Hague, The Netherlands, p. 185–196, 1991.
- TAGLIARI, M. M.; VIEILLEDENT, G.; ALVES, J.; SILVEIRA, T. C. L.; PERONI, N. Relict populations of *Araucaria angustifolia* will be isolated, poorly protected, and unconnected under climate and land-use change in Brazil. **Biodiversity and Conservation**, v. 30, n. 12, p. 3665-3684, 2021.
- TAGLIARI, M. M.; MOREIRA, V. A.; PERONI, N. Análise de programas de pagamento por serviços ambientais no sul do Brasil: identificando estratégias para a conservação da *Araucaria angustifolia*. **Desenvolvimento e Meio Ambiente**, v. 50, p. 216-233 2019.
- TANI, N.; TSUMURA, Y.; FUKASAWA, K.; KADO, T. et al. Mixed mating system are regulated by fecundity in *Shorea curtisii* (Dipterocarpaceae) as revealed by comparison under different pollen limited conditions. **PloS one**, v. 10, n. 5, p. e0123445, 2015.
- THOMAS, P. *Araucaria angustifolia*. The IUCN Red List of Threatened Species, 2013.
- VALBUENA-CARABANA, M.; GONZALEZ-MARTINEZ, S. C.; GIL, L. Coppice forests and genetic diversity: a case study in *Quercus pyrenaica* Willd. from Central Spain. **Forest Ecology and Management**, v. 254, n. 2, p. 225-232, 2008.
- VELOSO, H. P.; RANGEL FILHO, A. L. R.; LIMA, L. C. A. **Classificação da vegetação brasileira, adaptada a um sistema universal**. Rio de Janeiro, IBGE, 1991.
- VIEIRA, E. M.; RIBEIRO, J. F.; IOB, G. Seed predation of *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae) by small rodents in two areas with contrasting seed densities in the Brazilian *Araucaria* forest. **Journal of Natural History**, v. 45, n. 13-14, p. 843-854, 2011.
- VINSON, C. C.; KANASHIRO, M.; HARRIS, S. A.; BOSHIER, D. H. Impacts of selective logging on inbreeding and gene flow in two Amazonian timber species with contrasting ecological and reproductive characteristics. **Molecular Ecology**, v. 24, n. 1, p. 38-53, 2015b.
- VINSON, C. C.; KANASHIRO, M.; SEBBENN, A. M.; WILLIAMS, T. C. R.; HARRIS S. A.; BOSHIER, D. H. Long-term impacts of selective logging on two Amazonian tree species with contrasting ecological and reproductive characteristics: inferences from Ecogene model simulations. **Heredity**, v. 115, n. 2, p. 130-139, 2015a.
- WENDLING, I.; ZANETTE, F. **Araucária: particularidades, propagação e manejo de plantios**. Embrapa Florestas-Livro científico (ALICE), 2017.

- WICKNESWARI, R. Threats to genetic viability of southeast Asian forest species. In: WICKNESWARI R, Cannon CH (eds.) **Managing the Future of Southeast Asia's Valuable Tropical Rainforests, A Practitioner's Guide to Forest Genetics**. Springer Science & Business Media: London, 2011. p. 69–82.
- WILSON, O. J.; WALTERS, R. J.; MAYLE, F. E.; LINGNER, D. V.; VIBRANS, A. C. Cold spot microrefugia hold the key to survival for Brazil's Critically Endangered Araucaria tree. **Global Change Biology**, v. 25, n. 12, p. 4339-4351, 2019.
- WREGE, M. S.; FRITZSONS, E.; SOARES, M. T. S.; BOGNOLA, I. A.; SOUSA, V. A. de; SOUSA, L. P. de; GOMES, J. B. V.; AGUIAR, A. V. de; GOMES, G. C.; MATOS, M. de F. S.; SCARANTE, A. G.; FERRER, R. S. Distribuição natural e habitat da araucária frente às mudanças climáticas globais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 37, n. 91, p. 331–346, 2017.
- WREGE, M. S.; HIGA, R.; BRITTEZ, R. M.; GARRASTAZU, M. C.; DE SOUSA, V.; CARAMORI, P.; RADIN, B.; BRAGA, H. Climate change and conservation of *Araucaria angustifolia* in Brazil. **Unasylva (English ed. Print)**, v. 60, p. 30-33, 2009.
- ZANETTE, F.; DANNER, M.A.; CONSTANTINO, V.; WENDLING, I. Particularidades e biologia reprodutiva de *Araucaria angustifolia*. In: WENDLING, I.; ZANETTE, F. (Ed.). **Araucária: particularidades, propagação e manejo de plantios**. 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2017, 156 p.
- ZANON, M. L. B.; FINGER, C. A. G.; SCHNEIDER, P. R. Proporção da diócia e distribuição diamétrica de árvores masculinas e femininas de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze trees in implanted stands. **Ciência Florestal**, v. 19, n. 4, p. 425–431, 2009.
- ZECHINI, A. A.; LAUTERJUNG, M. B.; CANDIDO-RIBEIRO, R.; MONTAGNA, T.; BERNARDI, A. P.; HOELTGEBAUM, M. P.; MANTOVANI, A.; REIS, M. S. Genetic conservation of Brazilian pine (*Araucaria angustifolia*) through traditional land use. **Economic Botany**, v. 72, n. 2, p. 166-179, 2018.
- ZONNEVELD, B. J. M. Genome sizes of all 19 Araucaria species are correlated with their geographical distribution. **Plant Systematics and Evolution**, v. 298, n. 7, p. 1249–1255, 2012.

APÊNDICES

APÊNDICE A. Número de indivíduos adultos, fêmeas e machos, juvenis e regenerantes de *Araucaria angustifolia* amostrados (n), intensidade de exploração (IE) nos cenários pré-corte (Pré), cortados e pós-corte (Pós) em três blocos amostrais (B13, B15 e B20) e amostra total em um remanescente de Floresta Ombrófila Mista localizado no município de Fernandes Pinheiro, Paraná, Brasil.

Cenário	Tamanho amostral (n)			DAP (cm)			Tamanho amostral (n)		Total
	Adultos	Fêmeas	Machos	Adultos	Fêmeas	Machos	Juvenis	Regenerantes	
B13									136
Pré	68	35	33	48,6	52,4	44,6	25	-	93
Cortadas	22	12	10	53,6	56,1	50,6	-	-	22
IE (%)	32,3	34,3	30,3	-	-	-	-	-	-
Pós	46	23	23	46,2	50,5	42	25	43	114
B15									121
Pré	51	20	31	44,3	46,3	43	30	-	174
Cortadas	16	2	14	48,6	55,4	47,6	-	-	16
IE (%)	31,4	10	45,2	-	-	-	-	-	-
Pós	35	18	17	42,3	45,2	39,2	30	40	105
B20									93
Pré	38	19	19	47,3	50,2	44,4	23	-	61
Cortadas	7	3	4	53,2	51,7	54,4	-	-	7
IE (%)	18,4	15,8	22,1	-	-	-	-	-	-
Pós	31	16	15	46	49,7	41,4	23	32	86
Total									350
Pré	157	74	83	46,8	50,2	43,9	78	115	235
Cortadas	45	17	28	51,8	55,2	49,6	-	-	45
IE (%)	28,7	23	33,7	-	-	-	-	-	-
Pós	112	57	55	44,9	46,8	41	78	115	305

DAP é a média do diâmetro à altura de 1,30 m.

APÊNDICE B. Tamanho amostral (n) e número de pares (N_{pares}) de adultos (A), adultos + juvenis (A+J) e adultos + juvenis + regenerantes (A+J+R) pré- e pós-corte por classes de distância utilizadas nas análises de estrutura genética espacial nos blocos B13, B15 e B20.

Amostra	n		Classes de distância (m)				Total
B13			-	0-25	25-50	50-136	
Pré: Adultos (A)	68	N_{pares}	-	374	824	1080	2278
Pós: Adultos (A)	46	N_{pares}	-	160	366	509	1035
B15			-	0-25	25-50	50-132	
Pré: Adultos (A)	51	N_{pares}	-	198	486	591	1275
Pós: Adultos (A)	35	N_{pares}	-	98	246	251	595
B20			-	0-25	25-50	50-141	
Pré: Adultos (A)	38	N_{pares}	-	130	191	382	703
Pós: Adultos (A)	31	N_{pares}	-	75	131	259	465
B13			0-15	15-25	25-50	50-136	
Pré: A+J	93	N_{pares}	277	450	1520	2031	4278
Pós: A+J+S	114	N_{pares}	249	371	1195	4626	6441
B15			0-15	15-25	25-50	50-132	
Pré: A+J	81	N_{pares}	209	327	1140	1564	3240
Pós: A+J+S	105	N_{pares}	454	625	1794	2587	5460
B20			0-15	15-25	25-50	50-141	
Pré: A+J	61	N_{pares}	162	148	503	1017	1830
Pós: A+J+S	86	N_{pares}	364	411	999	1881	3655

APÊNDICE C. Distâncias média, mínima e máxima entre fêmeas (FF), machos (MM) e entre fêmeas e machos (FM) dentro e entre os blocos B13, B15 e B20 nos cenários pré- (Pré) e pós-corte (Pós).

		Distância (m)					
		FF		MM		FM	
		Pré	Pós	Pré	Pós	Pré	Pós
Dentro de B13	Média	52	52	48	50	49	50
Dentro de B13	Mínima	5	6	3	3	2	2
Dentro de B13	Máxima	116	116	117	117	122	119
Dentro de B15	Média	55	52	47	40	52	51
Dentro de B15	Mínima	8	8	2	9	4	9
Dentro de B15	Máxima	122	117	113	99	126	126
Dentro de B20	Média	51	52	54	57	52	54
Dentro de B20	Mínima	5	5	4	6	2	5
Dentro de B20	Máxima	145	105	113	113	121	121
Entre blocos	Média	282	276	279	283	280	280
Entre blocos	Mínima	153	153	124	124	124	124
Entre blocos	Máxima	403	402	433	433	425	424

APÊNDICE D. Resultados de P-valor para desequilíbrio de ligação genotípica para a amostra total de *Araucaria angustifolia* (adultos + juvenis + regenerantes).

Pares de <i>loci</i>	Amostra total	Pares de <i>loci</i>	Amostra total
Aang1 x Aang12	0.00353	Aang15 x Ag20	0.18526
Aang1 x Aang14	0.17981	Aang15 x Ag56	0.06154
Aang1 x Aang15	0.00865	Aang15 x Ag62	0.23782
Aang1 x Aang27	0.48718	Aang27 x Aang28	0.1016
Aang1 x Aang28	0.21987	Aang27 x Aang37	0.63141
Aang1 x Aang37	0.73718	Aang27 x Aang43	0.62949
Aang1 x Aang43	0.00256	Aang27 x Aa1774	0.38814
Aang1 x Aa1774	0.61154	Aang27 x Aa5332	0.37244
Aang1 x Aa5332	0.01891	Aang27 x Ag20	0.57436
Aang1 x Ag20	0.90256	Aang27 x Ag56	0.50865
Aang1 x Ag56	0.22115	Aang27 x Ag62	0.06891
Aang1 x Ag62	0.50032	Aang28 x Aang37	0.07276
Aang12 x Aang14	0.01026	Aang28 x Aang43	0.12949
Aang12 x Aang15	0.00481	Aang28 x Aa1774	0.29487
Aang12 x Aang27	0.225	Aang28 x Aa5332	0.1
Aang12 x Aang28	0.16026	Aang28 x Ag20	0.47115
Aang12 x Aang37	0.73814	Aang28 x Ag56	0.51506
Aang12 x Aang43	0.27949	Aang28 x Ag62	0.01571
Aang12 x Aa1774	0.09744	Aang37 x Aang43	0.22115
Aang12 x Aa5332	0.00353	Aang37 x Aa1774	0.06667
Aang12 x Ag20	0.24455	Aang37 x Aa5332	0.12436
Aang12 x Ag56	0.29776	Aang37 x Ag20	0.12853
Aang12 x Ag62	0.00128	Aang37 x Ag56	0.22244
Aang14 x Aang15	0.67083	Aang37 x Ag62	0.01122
Aang14 x Aang27	0.3734	Aang43 x Aa1774	0.05929
Aang14 x Aang28	0.45865	Aang43 x Aa5332	0.0016
Aang14 x Aang37	0.90353	Aang43 x Ag20	0.0016
Aang14 x Aang43	0.33942	Aang43 x Ag56	0.0484
Aang14 x Aa1774	0.21218	Aang43 x Ag62	0.10513
Aang14 x Aa5332	0.50417	Aa1774 x Aa5332	0.81218
Aang14 x Ag20	0.80641	Aa1774 x Ag20	0.00064
Aang14 x Ag56	0.62821	Aa1774 x Ag56	0.19167
Aang14 x Ag62	0.37179	Aa1774 x Ag62	0.01186
Aang15 x Aang27	0.05577	Aa5332 x Ag20	0.51699
Aang15 x Aang28	0.41891	Aa5332 x Ag56	0.04712
Aang15 x Aang37	0.30737	Aa5332 x Ag62	0.11282
Aang15 x Aang43	0.12532	Ag20 x Ag56	0.01218
Aang15 x Aa1774	0.22436	Ag20 x Ag62	0.00705
Aang15 x Aa5332	0.16122	Ag56 x Ag62	0.07308

Valores para desequilíbrio genotípico baseado em 4680 permutações. P-valor ajustado= 0,000321 para um nível de 5% de significância.

APÊNDICE E. Diversidade genética por *locus* e média por *loci*, estimativa da frequência de alelos nulos ($Freq_{(null)}$) e índice de fixação sem correção (F) e corrigido para alelos nulos (F_{null}) para 13 *loci* microssatélites analisados nos cenários pré- e pós-corte em uma população de *Araucaria angustifolia* localizada no município de Fernandes Pinheiro, Paraná, Brasil.

<i>Locus</i>	<i>n</i>	<i>K</i>	H_o	H_e	F	$Freq_{(null)} \pm 1.96SE$	F_{null}
Adultos							
Aang01	154	18	0,882	0,925	0,047	-	0,047
Aang12	147	21	0,8	0,933	0,143*	0,155 \pm 0,088*	0,053
Aang14	155	8	0,89	0,829	-0,073	-	-0,073
Aang15	153	17	0,94	0,931	-0,01	-	0,01
Aang27	156	6	0,881	0,82	-0,074	-	-0,074
Aang28	157	5	0,874	0,729	-0,199*	-	-0,199
Aang37	156	3	0,663	0,513	-0,293	-	-0,293
Aang43	156	12	0,782	0,661	-0,183	-	-0,183
Aa1774	157	4	0,596	0,444	-0,343*	-	-0,343*
Aa5332	151	18	0,887	0,908	0,023	-	0,023
Ag20	155	8	0,754	0,735	-0,026	-	-0,026
Ag56	157	6	0,857	0,764	-0,122	-	-0,122
Ag62	155	14	0,822	0,836	0,017	-	0,017
Média	-	10,8	0,818	0,771	-0,06*	-	-0,068
DP	-	6,2	0,098	0,156	0,14	-	0,128
Juvenis							
Aang01	78	16	0,964	0,92	-0,048	-	-
Aang12	75	18	0,846	0,925	0,085	-	-
Aang14	78	7	0,891	0,841	-0,06	-	-
Aang15	77	16	0,963	0,909	-0,059	-	-
Aang27	78	6	0,891	0,825	-0,08	-	-
Aang28	78	5	0,873	0,742	-0,176	-	-
Aang37	78	3	0,581	0,547	-0,063	-	-
Aang43	78	10	0,709	0,639	-0,11	-	-
Aa1774	78	4	0,346	0,333	-0,038	-	-
Aa5332	77	18	0,944	0,889	-0,062	-	-
Ag20	78	7	0,818	0,745	-0,098	-	-
Ag56	78	6	0,818	0,76	-0,076	-	-
Ag62	78	13	0,818	0,794	-0,033	-	-
Média	-	9,6	0,805	0,759	-0,06	-	-
DP	-	5,5	0,174	0,17	0,058	-	-
Regenerantes							
Aang01	115	16	0,965	0,924	-0,044	-	-
Aang12	106	20	0,908	0,929	0,023	-	-
Aang14	115	8	0,879	0,839	-0,048	-	-
Aang15	114	17	0,951	0,912	-0,043	-	-
Aang27	115	6	0,891	0,814	-0,095	-	-
Aang28	114	5	0,88	0,72	-0,222	-	-
Aang37	115	3	0,41	0,484	0,115	-	-
Aang43	115	12	0,626	0,608	-0,03	-	-
Aa1774	115	3	0,373	0,364	-0,025	-	-
Aa5332	115	19	0,964	0,909	-0,061	-	-
Ag20	115	8	0,819	0,775	-0,057	-	-
Ag56	115	6	0,844	0,757	-0,115	-	-
Ag62	115	14	0,783	0,749	-0,045	-	-
Média	-	10,5	0,972	0,753	-0,052*	-	-
DP	-	6,1	0,199	0,175	0,083	-	-

n é o tamanho amostral; K é o número total de alelos; H_o e H_e são as heterozigosidade observada e esperada, respectivamente. SE é o intervalo de confiança a 95%; DP é o desvio padrão; $P^* < 0,05$.