



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Giulia Fabrin Scussel

Subsídios para coleta de sementes de *Mimosa scabrella* Benth.

Florianópolis - SC

2023

Giulia Fabrin Scussel

Subsídios para coleta de sementes de *Mimosa scabrella* Benth.

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal de Santa Catarina como requisito parcial para a obtenção do título de Mestra em Ciências, área de concentração Recursos Genéticos Vegetais.

Orientador: Prof. Maurício Sedrez dos Reis
Coorientador: Prof. Tiago Montagna

Florianópolis - SC

2023

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Scussel, Giulia Fabrin Scussel
Subsídios para coleta de sementes de *Mimosa scabrella*
Benth. / Giulia Fabrin Scussel Scussel ; orientador,
Maurício Sedrez dos Reis Reis, coorientador, Tiago Montagna
Montagna, 2023.
75 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós
Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Florianópolis,
2023.

Inclui referências.

1. Recursos Genéticos Vegetais. 2. sistema reprodutivo.
3. fenologia reprodutiva. 4. estrutura demográfica. 5.
restauração. I. Reis, Maurício Sedrez dos Reis. II.
Montagna, Tiago Montagna. III. Universidade Federal de
Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Recursos
Genéticos Vegetais. IV. Título.

Giulia Fabrin Scussel

Subsídios para coleta de sementes de *Mimosa scabrella* Benth.

O presente trabalho em nível de Mestrado foi avaliado e aprovado, em 31 de março de 2023, pela banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Prof. Adelar Mantovani

Instituição Universidade do Estado de Santa Catarina

Prof.(a) Ana Catarina Conte Jakovac

Instituição Universidade Federal de Santa Catarina

Certificamos que esta é a versão original e final do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de Mestra em Recursos Genéticos Vegetais.

Coordenação do Programa de Pós-Graduação

Prof. Maurício Sedrez dos Reis
Orientador

Prof. Tiago Montagna

Coorientador

Florianópolis, 2023

RESUMO

A fragmentação dos habitats devido à antropização dos ambientes põe em risco a capacidade de adaptação das espécies, fato decorrente da erosão da diversidade genética das populações. Para frear as consequências ecológicas da fragmentação, deve-se conservar o que ainda resta de diversidade e restaurar ambientes degradados. O intuito da restauração é restabelecer os processos funcionais do ecossistema, portanto, deve-se atentar para a qualidade genética do germoplasma utilizado. *Mimosa scabrella* Benth. é uma espécie muito utilizada em projetos de recuperação de áreas degradadas devido suas características que trazem numerosos benefícios ecológicos. Devido a urgência de restauração de ambientes na Mata Atlântica surge a demanda de sementes de *M. scabrella* com qualidade genética, a fim de garantir a colonização dos ecossistemas em estágio inicial de sucessão para que sejam propiciadas condições às espécies mais especializadas. Neste contexto, o objetivo deste trabalho é caracterizar a diversidade genética, a fenologia reprodutiva, o sistema reprodutivo e a estrutura populacional de duas populações de bracatinga, localizadas em Bom Retiro e Urupema, com a finalidade de gerar subsídios para a coleta de sementes. Para tanto, análises de diversidade genética foram realizadas com marcadores isoenzimáticos em indivíduos adultos e progênies, visando a caracterização de estimativas da diversidade genética e de aspectos dos sistemas reprodutivo, gerando informações de taxa de cruzamento, parentesco nas progênies e tamanho efetivo populacional. Foi também caracterizada a fenologia reprodutiva no intuito de identificar períodos adequados para a coleta de sementes. Adicionalmente, foi caracterizada a estrutura populacional, a fim de estimar a densidade de matrizes. Como resultados, as áreas possuem diversidade genética suficiente para serem utilizadas como áreas de coleta de sementes, desde que sejam utilizadas ao menos 60 matrizes para Bom Retiro e 54 para Urupema. Quanto as densidades de adultos, foi observado 157/ha em Bom Retiro e 146/ha em Urupema. O ciclo fenológico de Urupema foi cerca de um mês tardio em relação à Bom Retiro. O período ideal para a coleta de sementes, ocorreu entre dezembro e abril em ambas áreas, sendo recomendada a coleta entre janeiro e fevereiro para Bom Retiro e março a abril para Urupema.

Palavras chave: sistema reprodutivo; estrutura demográfica; fenologia reprodutiva; tamanho efetivo populacional; restauração.

ABSTRACT

The fragmentation of habitats due to the anthropization of environments endangers the ability of species to adapt, a fact resulting from the erosion of the genetic diversity of populations. To curb the ecological consequences of the fragmentation, what remains of diversity must be conserved so degraded environments can be restored. The purpose of such restoration is to reestablish the functional processes of the ecosystem; therefore, attention must be paid to the genetic quality of the germplasm used. *Mimosa scabrella* Benth. is a widely used species in restoration projects for degraded areas due to its characteristics that bring numerous ecological benefits. Due to the urgency of restoring environments in the Atlantic Forest, there is a demand for *M. scabrella* seeds with genetic quality in order to guarantee the colonization of ecosystems in the initial stage of succession, so that conditions are provided for more specialized species. In this context, the objective of this work is to characterize the genetic diversity, phenology, reproductive system and population structure of two populations of *bracatinga*, located in Bom Retiro and Urupema, in order to subsidize seeds collection. For such purposes genetic diversity analysis were carried out with isoenzyme markers in adult individuals and progenies, aiming at characterizing estimates of genetic diversity and aspects of reproductive systems, generating information on crossing rate, kinship in progenies and effective population size. The reproductive phenological periods were also monitored and characterized, in order to identify suitable periods for seed collection. Additionally, the population structure was characterized in order to estimate the seed trees density. As a result, the areas have enough genetic diversity to be used as seed collection areas, provided that at least 60 seed trees are used for Bom Retiro and 54 for Urupema. As for adult densities, 157/ha were observed in Bom Retiro and 146/ha in Urupema. The phenological cycle of Urupema was about one month late in relation to Bom Retiro. The ideal period for seed collection occurred between December and April in both areas, with collection being recommended between January and February for Bom Retiro and March and April for Urupema.

Keywords: reproductive system; demographic structure; reproductive phenology; effective population size; restoration.

RESUMO	5
1. Introdução	1
2. Objetivos	7
2.1 Geral	7
2.2 Específicos	7
3. Hipóteses	8
4. Referencial teórico/revisão bibliográfica	9
4.1. Situação da Mata Atlântica e da Floresta Ombrófila Mista	9
4.2. Caracterização da diversidade genética	10
4.3. Caracterização do sistema reprodutivo	12
4.4. Caracterização da Fenologia	15
4.5. Estrutura demográfica	16
4.6. Coleta de Sementes	17
4.7. Bracatinga	19
5. Material e métodos	23
5.1. Caracterização das áreas de estudo	23
5.2. Análises isoenzimáticas	24
5.3. Análise dos dados genéticos	26
5.4. Fenologia reprodutiva	28
5.5 Estrutura populacional	29
5.6 Critérios para coleta de sementes	30
6. Resultados	31
6.1 Diversidade genética	31
6.2 Sistema reprodutivo	32
6.3 Fenologia Reprodutiva	35
6.4 Estrutura populacional	41
7. Discussão	44
7.1 Diversidade genética	44
7.2 Sistema reprodutivo	45
7.3 Fenologia Reprodutiva	48
7.4 Estrutura populacional	51
8. Conclusões	53
9. Referências	54

1. Introdução

O Brasil é um dos países com maior biodiversidade do mundo, sendo a Mata Atlântica (MA) um dos biomas com maior diversidade e endemismos do planeta (MYERS et al., 2000). Por ocupar grande parte da costa, a MA foi o primeiro dos biomas brasileiros a sofrer intensamente com a ação antrópica. Durante o século XX, o processo de substituição de florestas por áreas de agricultura e pecuária foi impetuoso (DEAN, 1996). O desenvolvimento da agricultura e da indústria de base florestal, permitiu o crescimento socioeconômico da região litorânea, expandindo também os centros urbanos concentrados neste bioma e contribuindo para o aumento do desmatamento (SANTOS et al., 2020).

Segundo Myers et al. (2000) a fragmentação de habitats é uma das principais causas de perda da biodiversidade mundial nas últimas décadas. No último relatório do Instituto Nacional de Pesquisa Espaciais (INPE), em conjunto com o SOS Mata Atlântica (2019), consta que restam apenas 12,4% do total de florestas da MA. Os remanescentes da MA, em sua maioria, apresentam-se em estágios iniciais de sucessão distribuídos em fragmentos isolados, e em grande maioria, apresentando área menor que 50 hectares (RIBEIRO et al., 2009). A MA é o bioma brasileiro com o maior número de espécies ameaçadas de extinção, tanto da fauna (ICMBio, 2018), quanto da flora (MARTINELLI, 2013). O grau de riqueza de espécies endêmicas, associado ao altíssimo grau de fragmentação do bioma, caracterizam a MA como um dos 34 *hotspots* de biodiversidade no cenário mundial (MITTERMEIER et al., 2004), sendo considerado um bioma prioritário para a conservação de biodiversidade (CDB, 2010).

Em Santa Catarina ocorrem, em maior extensão, quatro fitofisionomias da Mata Atlântica: Floresta Ombrófila Mista (FOM), a Floresta Ombrófila Densa (FOD), a Floresta Estacional Decidual (FED) e os Campos Naturais. Suas ocupações territoriais originais cobriam: FOM 45% da superfície do Estado; seguida pela FOD 31%, FED 8%, e Campos Naturais 14% (KLEIN, 1978). Segundo levantamento realizado pelo Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina, restam 33,91 % dos remanescentes de vegetação nativa do bioma Mata Atlântica em Santa Catarina, incluindo estágios de regeneração (VIBRANS et al., 2021).

As consequências ecológicas da fragmentação florestal incluem a diminuição do número de indivíduos de uma população, o que favorece a perda de biodiversidade, causa mudanças nos modelos de migração e dispersão das espécies e ainda, isolamento de populações (LAURANCE et al. 2002). Consequentemente, as populações remanescentes passam a ter um tamanho menor que o mínimo adequado (tamanho efetivo populacional mínimo) para que os seus processos evolutivos possam ter normal continuidade, causando aumento do efeito da deriva genética, depressão por endogamia, divergência populacional e variação demográfica (KAGEYMA & GANDARA, 1998; LAUTERJUNG, 2021). Portanto, a fragmentação e redução da variabilidade genética aumenta a vulnerabilidade das espécies e podem resultar a extinção, processo conhecido como vórtice da extinção (PRIMACK, 2004).

Ações que propõem a conservação genética dos fragmentos da Mata Atlântica, visam a sustentabilidade das populações, assim como aumentar a eficiência dos fragmentos florestais quanto ao seu papel de conservação. Dentre essas ações, a restauração dessas áreas é prioritária. Em um processo de restauração, ocorrem condições favoráveis para que as espécies colonizem os ambientes, e que os ambientes restaurados sejam gradativamente colonizados por organismos mais especializados. Ou seja, a restauração facilita o processo sucessional natural (REIS & KAGEYAMA, 2003).

O conceito de restauração engloba restabelecer a resiliência de ecossistemas, portanto, a revegetação não é suficiente; é fundamental a preocupação com a diversidade genética, ou então, a perpetuação das espécies está comprometida (HIGA & SILVA, 2006). O intuito é de que a restauração reconstrua os ecossistemas, restabelecendo as funções tróficas entre produtores, consumidores e decompositores. Neste contexto, a diversidade genética, o sistema reprodutivo e a oferta de sementes são de fundamental compreensão, principalmente para o estudo de espécies nativas (LUNA-NIEVES et al., 2017).

Dentre os fatores que influenciam no êxito da restauração, a fonte dos propágulos utilizados é um dos os principais gargalos para o processo (BROADHURST et al., 2008). Apesar da inegável importância da qualidade do germoplasma, no Brasil, grande parte das sementes coletadas provêm de árvores isoladas, de maneira extrativista, sem formalização e sem critérios de coleta (HIGA & SILVA, 2006). Um dos maiores motivos é o custo. Foi levantado pela Rede de

Sementes Florestais Nativas que o custo de sementes de matrizes marcadas em florestas nativas é muito alto em função da pouca produção e dispersão de sementes de cada matriz (HIGA & SILVA, 2006).

Para suprir esse desfalque de disponibilidade de sementes florestais nativas de qualidade genética, alternativas possíveis são a implantação de áreas de produção de sementes (APS) e áreas de coleta de sementes (ACS). De acordo com a Lei nº 10.711, APS podem ser definidas como uma população plantada e caracterizada, onde são colhidas sementes e/ou outro material de propagação. Já ACS é uma população com matrizes selecionadas, isolada contra pólen externo, com desbaste dos indivíduos indesejáveis e manejo para produção de sementes, com critério de seleção individual informado (BRASIL, 2003). Para espécies pioneiras, que são encontradas facilmente, tem grande produção de sementes e normalmente produzem frutos secos, o estabelecimento de APS não é necessário (HIGA & SILVA, 2006). Como alternativa à APS, as ACS surgem como ferramenta para a manutenção da diversidade genética e do potencial adaptativo das espécies, sem custos dispendiosos (SEBBENN, 2006).

Neste contexto, é essencial compreender a diversidade genética de árvores matrizes, as quais serão utilizadas para coleta de sementes para áreas degradadas, já que um dos fatores que a sucessão depende, é da qualidade genética do germoplasma produzido nas gerações seguintes. Pequenos tamanhos amostrais podem sofrer a perda de alelos, principalmente raros, através da deriva genética, sendo menor essa perda quanto maior o tamanho amostral (NEI, 1975). Os alelos raros colaboram com a adaptação das populações em casos de mudanças climáticas ou outros estresses ambientais súbitos (KRUSCHE & GEBUREK, 1991). Ou seja, a diversidade genética reduzida, junto à perda de alelos raros, reduz as chances de adaptação e autorregeneração da população, o que ocorre devido ao aumento da endogamia e coancestria da população, podendo inclusive produzir depressão endogâmica. Em espécies arbóreas esse efeito pode ser incrementado através da sobreposição de gerações (HIGA & SILVA, 2006).

A fim de garantir representatividade da variabilidade genética, a coleta de sementes para restauração necessita a utilização de propágulos em número suficiente. Desta forma as populações têm maior capacidade de se manter a partir de sementes originadas dos cruzamentos dos próprios indivíduos da nova população

fundada (SEBBENN, 2002). Por isso, durante a coleta, é importante garantir o mínimo de amostragem sugerido pelo tamanho efetivo populacional, assegurando diversidade genética suficiente para resiliência da nova população.

Ademais, o conhecimento dos períodos de maturação, mecanismos de disseminação e germinação são instrumentos importantes em trabalhos que visam a produção de sementes. Este conhecimento é ainda mais importante em projetos de restauração que visam a utilização de propágulos de qualidade. Portanto, entre os aspectos da biologia reprodutiva que merecem especial atenção estão os estudos da fenologia reprodutiva.

A fenologia busca compreender o padrão de eventos biológicos em relação aos efeitos desencadeados pelos fatores ambientais (LEIGHT, 1999). O estudo da fenologia permite indicar períodos de reprodução, avaliar a disponibilidade de recursos, entender a dinâmica de reprodução, bem como a relação entre as plantas e os animais (CALVIN & PIÑA-RODRIGUES, 2005; MORELLATO, 1995). Esse conhecimento pode ser aplicado em várias áreas de atuação, possibilitando inclusive determinar estratégias de coleta de sementes, muito importantes no manejo florestal (MANTOVANI et al., 2003).

Já na caracterização da estrutura populacional, procura-se determinar a densidade populacional e as interações entre os indivíduos e as populações locais (MARTINS, 1987). No contexto de produção de sementes, a estrutura demográfica é voltada principalmente às matrizes, a fim de garantir tamanhos efetivos suficientes. Junto com a abordagem genética e evolutiva, é possível formular estratégias robustas sobre as principais características de ACS.

Além da definição de estratégias para a coleta de sementes, a escolha das espécies utilizadas num programa de restauração de áreas degradadas (RAD) deve ser criteriosa. É importante que sejam espécies nativas, com atrativo econômico e com funções ecológicas e estruturais no processo de restauração (SILVA et al., 2020). Neste contexto, a bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.) é considerada uma espécie arbórea facilitadora do processo de sucessão vegetal, possuindo diversas funções ecológicas úteis no processo de RAD.

A bracatinga realiza interações de simbiose com microrganismos fixadores de nitrogênio (GAIAD & CARPANEZZI, 1983; GONZALES, 2016; PRIMIERI, 2016; STOFFEL et al, 2013; SILVA et al., 2020), possuindo maior eficiência para fixar

Nitrogênio atmosférico quando comparada a outras espécies de leguminosas, o que demonstra seu potencial para recuperação de solos criticamente degradados (STOFFEL et al, 2013; FREITAS, 2006). Regensburger et al. (2008) mencionam que a bracatinga é utilizada para restauração de áreas degradadas devido à mineração, sendo observado que a espécie auxilia no sombreamento e proteção do solo. Essa característica de crescimento rápido e proteção do solo tem um bom desempenho em adensamentos e em nucleação, como demonstrado por Gerber et al. (2014).

A espécie tem grande diversidade de usos (madeireiro, ornamental, forrageiro, fibras, corantes, gomas, resinas, óleo), garantindo importância no ponto de vista socioeconômico (SOBIERAJSKI et al., 2006). Steenbock et al. (2011) observaram que em média, quase metade (49,1 %) da renda financeira das famílias assentadas na região do planalto catarinense é proveniente do manejo de bracatingais para produção madeireira. Unindo ao potencial econômico do mel de melato, devido à sua grande produtividade e lucratividade, a bracatinga é manifestada como uma espécie chave para socioeconomia catarinense.

A bracatinga possui sistema reprodutivo preferencialmente alógamo (SOBIERASJKI et al., 2006) e floração sincrônica entre indivíduos (ROTTA & MENDES, 1990). Apesar da alta taxa de cruzamentos, existem variações significativas entre populações, sendo por isso importante estudar esses aspectos em cada localidade individualmente. Também é importante conhecer as fenofases da espécie em cada população afim de compreender o período ideal de maturação e coleta de sementes e a densidade de matrizes por hectare.

Não existem ACS para bracatinga (HIGA & SILVA, 2006) e, com a determinação da Indicação Geográfica do mel de melato da bracatinga (VIEIRA et al., 2021), será necessário a caracterização e o entendimento da cadeia produtiva do produto, que envolve o conhecimento da genética das plantas, já que existem tipos susceptíveis e resistentes a cochonilhas. Portanto, a necessidade da disponibilidade de sementes de alta qualidade genética de bracatinga, manifesta a relevância de compreender a biologia reprodutiva e a diversidade genética de áreas com potencial para coleta de sementes, já que esses fatores afetam a representatividade da variabilidade genética da restauração.

Desta forma, este trabalho visa compreender aspectos da fenologia reprodutiva, demografia, sistema reprodutivo e diversidade genética de populações

destinadas a coleta de sementes de bracatinga em Santa Catarina, visando a restauração de áreas degradadas. Se espera que os resultados dos métodos a serem aplicados contribuam para o estabelecimento de critérios para coleta de sementes para a bracatinga, minimizando os efeitos antrópicos negativos sobre a espécie e garantindo a manutenção da diversidade genética de *M. scabrella*.

Este trabalho faz parte do projeto “Mais Floresta com Araucárias - Diversidade Genética em Áreas de Coleta de Sementes e Viveiros com Espécies Nativas”, desenvolvido pela CERTI e financiado pelo BNDES. Num contexto geral, o projeto tem como objetivo restaurar áreas da FOM e, em termos específicos, fornecer suporte para a indicação de áreas e critérios para a coleta de sementes de espécies da FOM, bem como a capacitação de viveiristas para coleta de sementes e produção de mudas com características genéticas apropriadas para serem utilizadas na restauração de áreas degradadas.

2. Objetivos

2.1 Geral

Compreender aspectos da diversidade genética, sistema reprodutivo, demografia e fenologia reprodutiva de populações destinadas a coleta de sementes de bracatinga em Santa Catarina, visando a restauração de áreas degradadas.

2.2 Específicos

1. Caracterizar a diversidade genética de populações de *M. scabrella* em potenciais Áreas de Coleta de Sementes (ACS);
2. Caracterizar aspectos do sistema reprodutivo de populações potenciais de ACS a partir da variação genética das progênies;
3. Caracterizar os períodos fenológicos reprodutivos e entender como eles afetam parâmetros do sistema reprodutivo das populações estudadas;
4. Caracterizar a estrutura populacional de potenciais ACS de bracatinga;
5. Propor estratégias para coleta de sementes de *M. scabrella*.

3. Hipóteses

Objetivo específico (OE) 1. Caracterizar a diversidade genética de populações de *M. scabrella* em Áreas de Coleta de Sementes (ACS);

Hipótese relacionada: Por ocorrer em agrupamentos e possuir sistema reprodutivo misto, com predominância de cruzamentos, espera-se observar alta diversidade genética nas populações estudadas;

OE 2. Caracterizar aspectos do sistema reprodutivo de populações potenciais de ACS a partir da variação genética das progênies;

Hipóteses relacionadas:

- As progênies apresentarão maior diversidade genética, maiores heterozigosidade e menor índice de fixação quando comparadas com as matrizes devido a reprodução ser via fecundação cruzada (mais de 95% de cruzamentos);
- As progênies serão compostas predominantemente por grupos de meios irmãos (produtos de vários pais) devido a floração ser sincrônica entre indivíduos, e também devido a ausência de características morfológicas florais que propiciem a fecundação dentro da mesma planta;

OE 3. Identificar os períodos fenológicos reprodutivos e entender como estes afetam parâmetros do sistema reprodutivo das populações estudadas;

Hipótese relacionada: A floração será sincrônica entre os indivíduos de cada população, favorecendo a reprodução via fecundação cruzada;

OE 4. Caracterizar a estrutura populacional de potenciais ACS de bracatinga;

Hipótese relacionada: Devido as populações estarem localizadas em fragmentos conservados e a espécie ser pioneira, é esperado que as populações estejam estruturadas de maneira que a distribuição diamétrica seja aproximadamente normal.

4. Referencial teórico/revisão bibliográfica

4.1. *Situação da Mata Atlântica e da fitofisionomia Floresta Ombrófila Mista*

A Mata Atlântica (MA) é a segunda maior floresta pluvial do continente Americano e um dos seis biomas do Brasil. Devido ao alto grau de endemismo de espécies e à acentuada fragmentação florestal, esse bioma é considerado uns dos 34 *hotspots* do planeta (MITTERMEIER et al., 2004). Segundo Brooks et al. (2002), mais de 50% das plantas e 57% dos vertebrados ameaçados de extinção de todo o mundo encontram-se nos *hotspots*. Na MA foram encontrados índices de valor e de riqueza de árvores que estão entre os maiores do mundo (THOMAS et al., 1998). Foi estimado que 2.420 espécies de vertebrados e 20.000 espécies de plantas vasculares podem ser encontradas, sendo que, respectivamente, 32% e 40% do total de espécies no bioma são endêmicas (MITTERMEIER et al., 2004; MITTERMEIER et al., 2011).

A Floresta Ombrófila Mista (FOM) ou Floresta de Araucária é uma das fitofisionomias do Bioma MA, que originalmente recobriu a região Sul do país e se abrigou em alguns relictos na região sudeste (CASTELLA & BRITTEZ, 2004). Dentro dos ecossistemas brasileiros, a FOM tem sido uma das mais prejudicadas devido à exploração predatória dos recursos naturais, principalmente na conversão das florestas para o uso na agricultura, pecuária e urbanismo (MARTINS & CAVARARO, 2012), sendo este um reflexo direto da ocupação territorial, resultado dos inúmeros ciclos de exploração ocorridos na região (HIROTA, 2003; MITTERMER et al., 2004).

De acordo com o mapa fitogeográfico de Klein (1978), a FOM cobria originalmente 42.851 km² ou 45% do território de Santa Catarina. Em 2021, Vibrans et al. realizaram estimativa da cobertura florestal e uso de terra em SC, através de dados de campo do Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina (IFFSC) associados com dados de sensoriamento remoto, e os resultados mostraram cobertura florestal de 33,91% para a FOM. A fragmentação da FOM é maior do que na média estadual, com áreas de mata de até 50 hectares representando 82% do total dos fragmentos (VIBRANS et al., 2013). Neste contexto, a FOM apresenta urgência de recomposição da cobertura florestal, sendo considerada prioritária para restauração (BASTIN et al., 2019).

4.2. *Caracterização da diversidade genética*

A diversidade genética é essencial para a sobrevivência das espécies a longo prazo, pois fornece a plasticidade para lidar com as mudanças das condições ambientais, já que, através de um tamanho populacional e variabilidade genética adequados, é possível haver variações que permitam a adaptação das populações e consequente das espécies (WALDVOGEL et al., 2020). Este aspecto é especialmente relevante no cenário atual de mudanças climáticas.

Foi descrito no Relatório de Avaliação Global sobre Biodiversidade e Serviços Ecossistêmicos, que com apenas 2°C de aumento sobre a temperatura global, 5% das espécies do planeta entrariam em risco de extinção por este motivo isolado, devido às espécies não conseguirem responder rápido o suficiente para acompanhar o passo das mudanças climáticas (IPBES, 2019). Ou seja, o conhecimento da variabilidade genética é imprescindível para a conservação e manejo efetivo das plantas.

Os marcadores moleculares são uma ferramenta frequentemente utilizada em estudos sobre diversidade genética (ZUCCHI, 2002); os marcadores possibilitam a caracterização dos efeitos dos fatores micro evolutivos, avaliar cruzamentos e fazer previsões sobre suas progênes, sendo úteis tanto para a média de uma população, quanto para os níveis de variação entre as populações em estudo (TORGLER, 1995).

A mensuração da diversidade genética pode ser realizada por meio das variantes enzimáticas denominadas aloenzimas. A variação se deve à diferença na sequência de DNA que codificou tais enzimas, mas que apesar disso, catalisam a mesma reação, desenvolvendo, portanto, a mesma função (TURCHETTO et al., 2017). Quando as enzimas provem de loci diferentes, são chamadas de isoenzimas (BRAMMER, 2000). As isoenzimas são marcadores genéticos úteis pois exibem propriedades interessantes, como ter alelos com expressão codominante e padrão mendeliano, permitindo a diferenciação entre de genótipos heterozigotos e homozigotos, além de ser uma técnica de execução rápida e barata (FUTUYMA, 1998; GANDARA, 1996). Esses polimorfismos encontrados dentro de uma população podem ser de variação neutra, ou resultado de diferentes forças evolutivas ao longo da história de uma população (CHAKRABORTY et al., 1978).

Os parâmetros utilizados para mensurar e comparar a diversidade genética nas populações são: número total de alelos (A), número de alelos por loco (\hat{A}), heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e), porcentagem de polimorfismo ($P\%$) e índice de fixação (f). Segundo Caballero et al. (2010), a riqueza alélica é um dos critérios chave para medir a diversidade genética, sendo recomendada sua estimativa para programas de conservação da biodiversidade, embora sua estimativa seja muito dependente do tamanho amostral.

Os valores de heterozigosidades são importantes, pois é nestes que a diversidade genética individual e populacional é melhor representada, uma vez que é no heterozigoto que se encontra duas formas distintas de um mesmo gene (WEIR, 1990). Ou seja, estes índices refletem a proporção de indivíduos heterozigotos obtidos nas amostras da população. A alta proporção de heterozigotos observados implica que a recombinação de genes está acontecendo, fator essencial para as espécies frente às forças evolutivas. Quanto à heterozigosidade esperada, para Nei (1978) é prevista com base em frequências conhecidas para a espécie, sob os pressupostos do equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), ou panmixia. Já o índice de fixação se relaciona com estes dados pois aponta desvios no número de indivíduos heterozigotos esperados e o quanto, potencialmente, está sendo perdido por geração devido a efeitos de deriva genética. Já o polimorfismo expressa qual a porcentagem de loci que possuem mais de um alelo (MELLO, 2012).

Sobierajski (2006) estudou progênies de diferentes procedências de bracinga, empregando eletroforese de isoenzimas, e identificou 7 loci polimórficos em populações localizadas nos três estados do Sul do Brasil. Os resultados mostraram excessos significativos de homozigotos em relação ao esperado pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW).

Moreira et al. (2011) realizaram a caracterização da diversidade e estrutura genética de bracingais em assentamentos em SC, comparando os índices das progênies com o dos parentais (7 loci) e descrevendo o sistema de acasalamento (9 loci) de duas populações. Como resultados, encontraram altos níveis de diversidade: número de alelos por loco (\hat{A}) = 2,69, heterozigosidade observada (H_o) = 0,257, e heterozigosidade esperada (H_e) = 0,382. A fixação geral (F = 0,364) foi semelhante ao índice de fixação (f = 0,329). Nas duas populações estudadas, os valores de

diversidade genética foram semelhantes nas matrizes e progênies ($H_e = 0,342$ e $0,420$ / $H_e = 0,432$ e $0,400$, respectivamente).

Arruda et al. (2019) identificaram parâmetros de diversidade genética em duas populações de bracinga, uma localizada na Fazenda Experimental do Centro de Ciências Agroveterinárias (FECAV), pertencente à Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), e outra no Parque Natural de Lages (Unidade de Conservação), ambas em Lages – SC, também empregando isoenzimas. Como resultados, foi identificado o polimorfismo nos loci (P%) de 88,8 e 100; número médio de alelos por loco \hat{A} : 3,555 e 3,444; Heterozigosidade observada (H_o): 0,427 e 0,309 e Heterozigosidade esperada (H_e): 0,469 e 0,362, respectivamente para cada população, indicando altos níveis de diversidade. Como comparação, Moreira et al., (2011) e Sobierajski (2006) também encontraram valores de 100% de polimorfismo em suas populações analisadas.

Comparando os dados obtidos por Moreira et al. (2011) e Arruda et al. (2019), Sobierajski (2006) encontrou maior riqueza média de alelos por loco (3,860), sugerindo um nível maior de diversidade genética destas em relação às populações analisadas por de Arruda et al., (2019) (3,555 e 3,444) e Moreira et al., (2011) (2,69). Quanto ao número total de alelos, de Arruda et al. (2019) encontraram os maiores valores (32 e 31), enquanto Sobierajski (2006) encontraram variação de 24 a 27 alelos.

4.3. *Caracterização do sistema reprodutivo*

Fatores ecológicos estão intimamente relacionados a biologia reprodutiva, sendo o sistema reprodutivo o resultado de características coevolutivas entre plantas e polinizadores (RICKLEFS, 2010; BARÔNIO et al., 2016). O tempo de permanência do polinizador, a sincronia de floração, ou a distância de fluxo de pólen formam padrões diferentes de distribuição da variabilidade natural das espécies, afetando a quantidade e a qualidade genética das sementes produzidas (SHORN, 2003). Essas questões levam à compreensão do padrão de reprodução e o surgimento de novos indivíduos, uma vez que as plantas não são randomicamente arranjadas em uma determinada área, mas sim organizadas em um determinado tempo e espaço (LOVELESS & HAMRICK, 1984).

As diferenças entre as populações surgem devido a fatores que variam no tempo e espaço como: tamanho efetivo, sistema reprodutivo, dinâmica reprodutiva, grau de isolamento das populações, taxa e padrão de migração e intensidades de seleção (TORGLER, 1995). Uma população não estruturada geneticamente (ou panmítica), apresenta número de indivíduos reprodutivos grande o bastante para que os cruzamentos ocorram aleatoriamente, considerando sistema reprodutivo predominante alógamo (WRIGHT, 1969).

Quando tratado de sementes de polinização aberta, o conhecimento do sistema de reprodução das espécies é de grande importância, dado que é responsável pela transferência genética entre gerações (SEBBEN, 2002). Como a reprodução sexuada envolve a troca de gametas, esta pode aumentar a heterozigosidade nas populações, via recombinação, aumentando também as chances de manutenção de características com potencial evolutivo positivo (KEARNS & INOUE, 1997).

Estudos visando caracterizar o sistema reprodutivo podem ser realizados por meio de marcadores genéticos, em especial os de herança codominante e polimórficos, como os microssatélites e isoenzimas (HIGA & SILVA, 2006). A quantificação do sistema de reprodução pode ser realizada de três maneiras: 1) através da análise de paternidade, comparando os genótipos das matrizes com o das progênes (COATES, SAMPSON & YATES, 2007); 2) através do equilíbrio de Wright (DAVID, et al., 2007); e 3) através do modelo misto de reprodução, que separa indivíduos de uma progênie (autofecundados e resultados de polinização cruzada) (RITLAND & JAIN, 1981).

Conhecer as possibilidades de combinação entre os gametas refere-se ao sistema de reprodução. Mais especificamente, à diferentes taxas de autofecundação (s) e cruzamentos (t). Os tipos de sistema reprodutivo são classificados de acordo com a proporção de cruzamentos: $t > 0,8$ (sistema de cruzamentos; alogamia); $0,2 < t < 0,8$ (sistema misto de reprodução), e $t < 0,2$ (sistema de autofecundação; autogamia) (GOODWILLIE, KALISZ & ECKERT, 2005). Para estudá-los, empregando marcadores genéticos, são utilizados o modelo misto de reprodução (RITLAND & JAIN, 1981) e o modelo de cruzamentos correlacionados (RITLAND, 1989). O modelo misto pressupõe quatro condições: a) um indivíduo pode reproduzir-se independente do seu genótipo; b) alelos de diferentes loci segregam independentemente; c) o conjunto de pólen é homogêneo para o cruzamento com qualquer genótipo da

população; e d) ausência de seleção entre o período da fertilização e quando os marcadores genéticos foram avaliados.

O sistema reprodutivo também possibilita a determinação do nível de endogamia e coancestria nas progênes. São estes parâmetros que influenciam no tamanho efetivo amostral, e, portanto, na coleta de sementes. Segundo Sebbenn (2002), tem sido relatado que a correlação de paternidade (r_p) é mais alta do que a esperada pelo modelo de cruzamentos mistos, em populações naturais. Ou seja, as sementes produzidas por uma árvore normalmente são originadas de pólen de poucas árvores, sendo comum graus de parentescos, como meios-irmãos, irmãos-completos e irmãos de autofecundação (SEBBENN, 2002).

Tanto a endogamia quanto a coancestria são parâmetros relacionados com a descendência dos alelos (SEBBENN & SEOANE, 2005). Para estimativa do coeficiente de coancestria dentro de progênes de população aberta e de espécies de sistema misto de reprodução, são ponderadas as coancestrias esperadas entre irmãos de autofecundação, irmãos completos, meio irmãos, e irmãos de autofecundação e cruzamento (HIGA & SILVA, 2006). Para estimar a endogamia, soma-se a endogamia advinda da autofecundação (F_s) mais a endogamia advinda de cruzamentos entre parentes (F_{cp}) (SEBBENN, 2002).

Sobierajski (2006) utilizando marcadores isoenzimáticos para a bracatinga verificou que o seu sistema reprodutivo é alogâmico (>86%), com taxas de cruzamento multiloco de 0,971, taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados de 0,08, correlação de paternidade de 0,45 e número efetivo de doadores de pólen de 3. Quanto ao coeficiente de coancestria, foi encontrado o valor de 0,227. No mesmo trabalho, também foram identificados o tamanho efetivo de variância (2,47), e o tamanho amostral para reter os tamanhos efetivos de referência de 100 e 150, sendo estes 40 e 61, respectivamente.

Em trabalho realizado por Moreira et al. (2011), foram encontradas taxas de cruzamento multiloco de 0,780 a 0,832, coerente com os cruzamentos entre aparentados e autofecundações observados, que causaram uma alta endogamia média apesar da alta diversidade genética dentro dos bracatingais estudados. Estudando o sistema reprodutivo da bracatinga em dois anos consecutivos, de Arruda et al. (2020) encontraram taxas de cruzamento multiloco de 0,925 no ano um e 0,845 no ano dois, taxa de cruzamento uniloco 0,783 e 0,675; taxa de cruzamento entre

aparentados 0,141 e 0,170 e taxa de autofecundação 0,075 e 0,1547. Esses valores indicam que não houveram empecilhos para cruzamentos nas populações estudadas por Arruda et al. (2020), permitindo o aumento da variabilidade genética da espécie, enquanto nas populações estudadas por Moreira et al. (2011), a polinização cruzada foi menos efetiva.

4.4. *Caracterização da Fenologia*

A fenologia é o ramo da ecologia que estuda os fenômenos periódicos dos seres vivos e suas relações com as condições ambientais (FINA & RAVELO, 1973). Esta preocupação é essencial, pois os padrões de floração e frutificação variam entre espécies, entre populações, entre indivíduos e entre anos (STEPHENSON, 1981). As fenofases estão fortemente relacionadas com variáveis bióticas e abióticas, como: temperatura, comprimento do dia, pluviosidade, presença de animais dispersores ou predadores de sementes (MORELLATO & LEITÃO-FILHO, 1990; PEDRONI et al., 2002). Sendo assim, é importante conhecer a fenologia da espécie relacionada a um determinado tempo e local específico (MANTOVANI et al., 2003).

A compreensão do comportamento fenológico de determinada espécie permite avaliar a disponibilidade de recursos que ela dispõe ao longo do ano (MORELLATO, 1995), sendo útil para determinar o período adequado para manejos, e reconhecer plantas que possuem variações de maturação de frutos precoce ou tardia (SATO et al., 2008). Portanto, compreender os períodos fenológicos reprodutivos de espécies arbóreas constitui como ferramenta eficaz para fornecer informações para o estabelecimento de ACS, tornando possível conciliar sustentabilidade com economia de custos através da otimização de práticas culturais como o momento ótimo de coleta dos frutos.

A bracatinga tem como característica fenológica reprodutiva picos curtos de floração sincrônica entre indivíduos (ROTTA & MENDES, 1990). Essa estratégia favorece a presença de polinizadores, o que aumenta as taxas de cruzamento ao acaso na população (SEBBENN et al., 2000) e pode contribuir para o aumento da diversidade genética dentro da mesma. Para além da questão genética, na coleta de sementes é necessário saber a época ideal para fazer a sua colheita, que é quando

as sementes atingem o ponto de maturação fisiológica, conferindo a maior porcentagem de germinação e vigor (POPINIGIS, 1985). Segundo Mazuchowski; Rech & Toresan (2014), a determinação do ponto de maturação dos frutos de bracatinga é feita observando-se as mudanças de coloração, inicialmente verdes, passando por várias tonalidades de amarelos, vermelho, marrom e preto, acompanhado pelo endurecimento da casca. O período ideal da colheita corresponde ao período em que a maioria dos frutos está madura, iniciando a abertura para liberação de sementes.

4.5. *Estrutura demográfica*

Através do conhecimento da distribuição diamétrica de uma população, pode-se identificar diferentes estágios sucessionais, estados de conservação, regimes de manejo, dinâmicas de crescimento, e grupos ecológicos de espécies (NOGUEIRA NETO et al., 2016).

Para a bracatinga, é esperado que em áreas de formações florestais secundárias haja tendência de redução do número de indivíduos ao longo do tempo (STEENBOCK et al., 2011), assim como para outras pioneiras, principalmente devido a sua característica heliófita.

Plácido et al. (2004) realizaram trabalho identificando a distribuição diamétrica para bracatingais em diferentes idades, sítios e densidades na região metropolitana de Curitiba. Como resultados, encontraram para o fator idade, uma redução do número de árvores nas classes de DAP inferiores e um aumento de árvores nas classes superiores, indo de acordo com o padrão esperado para a espécie e as condições locais.

Portanto, a fim de que as florestas sejam efetivamente conservadas, é necessário o conhecimento acerca da estrutura populacional das espécies, já que fornece informações úteis para subsidiar o uso de recursos de forma racional, propiciando a tomada de decisão quanto a estratégias de restauração de áreas degradadas (DALMASO, 2019). O conhecimento da estrutura demográfica das áreas estudadas é particularmente importante neste trabalho, pois fornece dados de densidade de indivíduos por hectare, indicando a disponibilidade de árvores matrizes para posterior coleta de sementes.

4.6. *Coleta de Sementes*

De acordo com a legislação brasileira sobre sementes e mudas (Lei nº 10.711), Áreas de Coleta de Sementes (ACS) são definidas como populações de espécies vegetais, nativas ou exóticas, naturais ou plantadas, caracterizadas, onde são coletadas sementes (BRASIL, 2004). Nessa estratégia, a seleção é baseada nas matrizes que fornecerão as sementes, ou seja, é aplicada apenas em um parental (SLVA & ANGELI, 2006).

As ACS apresentam subdivisões na produção de sementes de acordo com o grau tecnológico adotado: a) ACS-NS área de coleta de sementes natural; b) ACS-NM área de coleta de sementes natural com matrizes marcadas; c) ACS-AS área alterada de coleta de sementes; d) ACS-AM área de coleta de sementes com matrizes marcadas; e) ACS-MS área de coleta de sementes com matrizes selecionadas (BRASIL, 2004).

MAZUCHOWSKI; RECH & TORESAN (2014) descrevem que por árvore matriz de bracinga entende-se aquela que apresenta características fenológicas superiores às demais nos aspectos altura, diâmetro e forma de tronco, vigor da planta, tamanho e forma da copa, frutificação e produção de sementes e qualidade da madeira. Os mesmos autores ressaltam que as características que a árvore matriz deve apresentar dependem da finalidade a que se destina a semente a ser colhida.

Para a maioria das espécies arbóreas, é comum a coleta de sementes desconhecendo informações genéticas e os seus significados práticos (ALMEIDA et al., 2015). Pinã-Rodrigues et al. (2007) ressaltam que a qualidade genética das sementes depende da boa amostragem e da diversidade genética das populações originárias, podendo ser obtida mediante a coleta de sementes de um número representativo de árvores cujo grau de parentesco seja muito baixo ou inexistente.

Os povoamentos naturais são os melhores lugares para coleta de sementes de qualidade genética, apesar de que maior parte desses locais já sofreu interferência humana. Devido esse cenário, é necessário saber se os indivíduos remanescentes possuem variabilidade genética suficiente para fornecer sementes de qualidade (MAZUCHOWSKI; RECH & TORESAN, 2014).

Na literatura é possível observar princípios orientadores para coleta de sementes buscando a restauração, como a “regra” 50/500 (JAMIESON &

ALLENDORF, 2012). Esse valor tem sido utilizado a fim de identificar o tamanho efetivo populacional (N_e). N_e é uma medida da genética populacional em relação a uma população "ideal", sendo definido como o tamanho de uma população que resultaria no mesmo nível de endogamia ou deriva genética da população em estudo. É um valor teórico necessário para mensurar e possibilitar equilibrar a perda de variação genética aditiva por geração devido à deriva genética, e a criação de nova variação genética devido à mutação, para uma característica seletivamente neutra (JAMIESON & ALLENDORF, 2012). Frankham, Bradshaw & Brook (2014), sugerem que pelo menos um $N_e = 1000$ seja necessário para manter o potencial evolutivo do material genético utilizado em plantios.

Portanto, o tamanho mínimo viável da população ou população mínima viável (PMV) refere-se ao número de indivíduos necessários para uma alta probabilidade de manutenção da população a longo prazo (SHAFFER, 1981), ou seja, a fim de garantir um PMV, é necessário avaliar se a população estabelecida possui um N_e suficiente visando a conservação de determinada espécie.

Buscando viabilizar altos índices de diversidade genética na área a ser restaurada, são necessários critérios bem fundamentados, tanto para a escolha das ACS, quanto para a forma de coleta das sementes. Utilizando os critérios adequados é possível reduzir os efeitos determinísticos (seleção natural) e dispersivos (deriva genética), aumentando assim as chances da sobrevivência e desenvolvimento das plantas introduzidas (SEBBEN, 2006).

Sebbenn (2002) ressalta que para atenuar os efeitos da endogamia, correlação de paternidade e variações na taxa de cruzamento entre frutos em diferentes posições na copa, deve-se coletar grande quantidade de sementes por árvore matriz e em quantidades aproximadamente iguais por árvore, técnica chamada de controle gamético feminino.

De acordo com Sebbenn (2006), as recomendações gerais para a coleta de sementes de espécies florestais de polinização cruzada, para restauração ambiental são: 1) marcar matrizes pelo menos a 100 m de distância; 2) coletar sementes de ao menos 30 árvores matrizes para reflorestamento e 45 para pomares; 3) marcar mais árvores do que se pretende coletar; 4) marcar matrizes dentro de uma mesma zona genética (divergência genética menor que 5%) para garantir maior sobrevivência e crescimento do reflorestamento; 5) coletar sementes preferencialmente na parte

superior da copa, para reduzir sementes de autofecundação e 6) usar o mesmo número de sementes por matriz.

Kageyama & Gandara (1998) recomendaram o uso de pelo menos 12 matrizes em grandes populações (maiores que 500 indivíduos) para garantir um tamanho efetivo de 50. Mori (2003) sugere a coleta de sementes de 20 a 30 matrizes, possibilitando a captura de alelos raros (com frequências entre 0,015 e 0,011) em populações naturais. Sobierajski (2004) verificou para bracatinga, com o auxílio de marcadores moleculares, que há maior diversidade genética dentro das populações do que entre as nove populações analisadas. Segundo a autora, isso deve-se a ao seu sistema de reprodução, junto ao fato de possuir sobreposição de gerações e possuir eficientes mecanismos de dispersão de pólen e sementes.

Também Sobierajski (2004) alerta que apesar dos altos níveis de diversidade genética da espécie, *M. scabrella* possui baixa divergência genética entre procedências, devido ao intenso fluxo gênico ocorrido no passado. Portanto, é possível inferir que para bracatinga o ideal seria coletar de um número reduzido de populações, mas com um grande número de matrizes. Outros autores como Medeiros e Nogueira (2006) sugerem o contrário, recomendando que a coleta de sementes de bracatinga seja realizada utilizando entre 12 e 25 populações, coletando de três a cinco árvores-matrizes em cada população.

Como descrito anteriormente, existem diversas recomendações para coleta de sementes florestais nativas, inclusive para a bracatinga, porém, os critérios existentes estão associados às populações. Por isso é importante estudos que possam refiná-los, possibilitando afirmar quais os critérios de coleta de sementes para cada local em detrimento dos fatores genéticos e ambientais destes.

4.7. *Bracatinga*

Mimosa scabrella Benth. (Fabaceae, Mimosoideae), também conhecida como bracatinga, é uma espécie arbórea, típica de matas secundárias da FOM (FERREIRA, 2015) nas formações montana e alto montana, formando agrupamentos chamados de bracingais, que ocorrem apenas no Brasil (PLÁCIDO et al., 2004). A bracatinga tem ampla distribuição geográfica, ocorrendo nos estados da região Sul e parte do Sudeste (Minas Gerais, Rio de Janeiro e São Paulo), onde predomina o tipo climático Cfb - Clima temperado, com verão ameno, com variações altitudinais entre 300 e 1.800 m

(KLEIN, 1981). Na América Central, foi introduzida em altitudes de até 2500 m (CARVALHO, 2002).

Como uma típica espécie pioneira é considerada heliófita, tem rápido crescimento e pouca longevidade, cerca de 20 a 25 anos (BAGGIO, 1994), atingindo 20 m de altura, com tronco de até 40 cm de diâmetro à altura do peito (DAP) (FABROWSKI et al., 2005). Em meio a populações, apresenta tronco reto e copa arredondada, já quando cresce isolada, o tronco da bracatinga é curto e ramificado (ROTTA & DE OLIVEIRA, 1981).

Suas flores são amarelas, pequenas, agrupadas em capítulos pedunculados, axilares ou terminais, em racemos curtos (CARVALHO, 2002). São hermafroditas e passam pela antese em seis dias, e nos dois tipos de flor, há glândula nectarífera interna à corola e ao tubo estaminífero (CARPANEZZI, 1988). O florescimento da bracatinga pode ocorrer a partir do terceiro ano e ocorre entre os meses de agosto e outubro (MOREIRA et al., 2011). No Paraná, os botões florais se formam a partir de abril, e a floração se estende até setembro, embora haja grande variação entre anos. Em Santa Catarina o florescimento ocorre de julho a setembro e, no Rio Grande do Sul, de agosto a setembro (CARVALHO, 2003).

A época de floração, associada à elevada densidade populacional da espécie e a sincronismo de floração, é de grande importância para o fornecimento de recursos florais a insetos polinizadores. Rotta & Mendes (1990) a descrevem como uma espécie entomófila, atraindo abelhas, vespas, besouros e percevejos. Segundo Catharino et al. (1982) a polinização de bracatinga é promovida especialmente por *Trigona* sp., *Apis mellifera* e *Melipona* sp. (Hymenoptera), enquanto Harter-Marques & Engels (2003) identificaram quarenta e quatro espécies e quatro famílias visitando flores de *M. scabrella*.

Além dos recursos florais, a bracatinga ainda oferece melato, um recurso requisitado por *Apis mellifera*, que realiza a coleta dessas excreções de colônias de cochonilhas que se estabelecem no seu caule. Martins (2005) avaliou a produtividade destas excreções em bracatingais com 437 plantas/ha, onde foram identificados em média, 8.300 cochonilhas/árvore, que produziam 64,5 mL de secreção/cochonilha/dia, representando 0,54 L de secreções/árvore/dia. Esses valores demonstram a importância destas excreções como recurso trófico para as populações naturais de insetos, além de dar origem a um mel de maior qualidade nutricional, quando

comparado ao floral, que possibilita maior retorno financeiro aos apicultores (MARTINS, 2005).

A formação dos frutos da bracatinga inicia em agosto, e normalmente estes ficam maduros em quatro meses, quando estão aptos para a coleta de sementes (SHIMIZU, 1987). Em um trabalho realizado por Carpanezi (1988), considerando a predominância de flores hermafroditas, foram registrados a média de 52 flores por capítulo e a produção de três a quatro vagens por capítulo, cada um com três a quatro sementes. Foi observado que apenas 10% das flores produzidas formam frutos (ROTTA & MENDES, 1990; CARPANEZZI, 1988; CARVALHO, 2002). Diversos fatores podem explicar uma produção de frutos significativamente inferior em relação ao número de flores: a) baixa eficiência de transporte de pólen, fazendo com que poucos estigmas recebem pólen compatível; b) pilhadores e furtadores, que podem destruir tecidos florais ou competir com polinizadores; c) baixa germinação dos grãos de pólen e/ou crescimento de tubos polínicos reduzido, e d) a planta elimina frutos devido um balanço energético negativo (SANTOS, 2016).

Seus frutos são sésseis e deiscentes (autocóricos), sendo classificados como craspédio, típico do gênero *Mimosa* (IWAZAKI, 2008). Suas sementes são abundantes e pequenas, e podem permanecer viáveis no solo por cerca de três anos (CARPANEZZI & LAURENT, 1988). Em um quilo de sementes de bracatinga podem ser encontradas entre 46.500 e 89.500 sementes (CARPANEZZI & LAURENT, 1988, CARVALHO 2002).

A espécie é pouco exigente quanto as condições físicas e químicas do solo e apresenta rápido desenvolvimento (CARVALHO, 1994). A bracatinga pode melhorar a atividade biológica dos solos através de processos como: aumento da infiltração da água, melhoria nas propriedades físicas, redução da acidez, aumento da ciclagem de nutrientes, e redução da perda de nutrientes por lixiviação (PULFORD & WATSON, 2003).

A bracatinga estimula a vida microbiana no solo devido a fixação simbiótica com bactérias e a grande quantidade de nitrogênio incorporado pela deposição das suas folhas (POGGIANI et al., 1987). A associação com bactérias do gênero *Rhizobium* forma nódulos com atividade de nitrogenase, indicando a fixação do nitrogênio atmosférico. Essa capacidade, torna a bracatinga uma planta chave no processo de restauração (PASCUAL, 2003).

Mimosa scabrella é uma das espécies arbóreas utilizadas para a restauração de Áreas de Preservação Permanente (APP) impactadas pela mineração de carvão no município de Criciúma, Santa Catarina. A associação da espécie com microrganismos promotores do crescimento vem sendo estudada como alternativa promissora para a sobrevivência e estabelecimento desses indivíduos nessas áreas, compensando as restrições químicas e físicas do solo (SILVA, 2020). Como demonstrado, *M. scabrella* possui uma multiplicidade de usos, principalmente quando se pensa em restauração de áreas degradadas, sendo por isso uma das árvores mais estudadas neste contexto, que por suas características, contribui para facilitar a sucessão ecológica (REGENSBURGER, 2004).

5. Material e métodos

5.1. Caracterização das áreas de estudo

O estudo foi realizado em dois fragmentos florestais, com presença de populações de *Mimosa scabrella*, localizados na Serra Catarinense, nos municípios de Bom Retiro e Urupema.

Urupema está localizada a uma latitude 28°17'38" sul e a uma longitude 49°55'54" oeste, com altitude média 1.400 m. Bom Retiro está localizado a uma latitude 27°47'50" sul e a uma longitude 49°29'21" oeste, com altitude aproximada de 1.000 m. A classificação de Köppen é a mesma em ambas cidades: clima oceânico temperado (Cfb), com precipitação total anual entre 1.500 a 1700 mm (PANDOLFO et al., 2002). A vegetação arbórea é remanescente de Floresta Ombrófila Mista, nos dois locais.

Os fragmentos florestais estão inseridos em Áreas de Preservação Permanente (APPs) em propriedades rurais, próximos as áreas que serão restauradas no contexto do projeto "Mais Florestas com Araucárias". Na figura 5.1, estão indicadas as áreas onde foram realizados os estudos de fenologia, diversidade genética, sistema reprodutivo e estrutura populacional deste trabalho.

As áreas foram selecionadas pois têm dimensões maiores do que 50 hectares, o que pode indicar bons parâmetros de diversidade genética, e, portanto, potencial para serem utilizadas como ACS. Além disso, as propriedades estão integradas à iniciativa Araucária+, que fomenta a conservação e o desenvolvimento sustentável das cadeias produtivas inseridas na FOM.

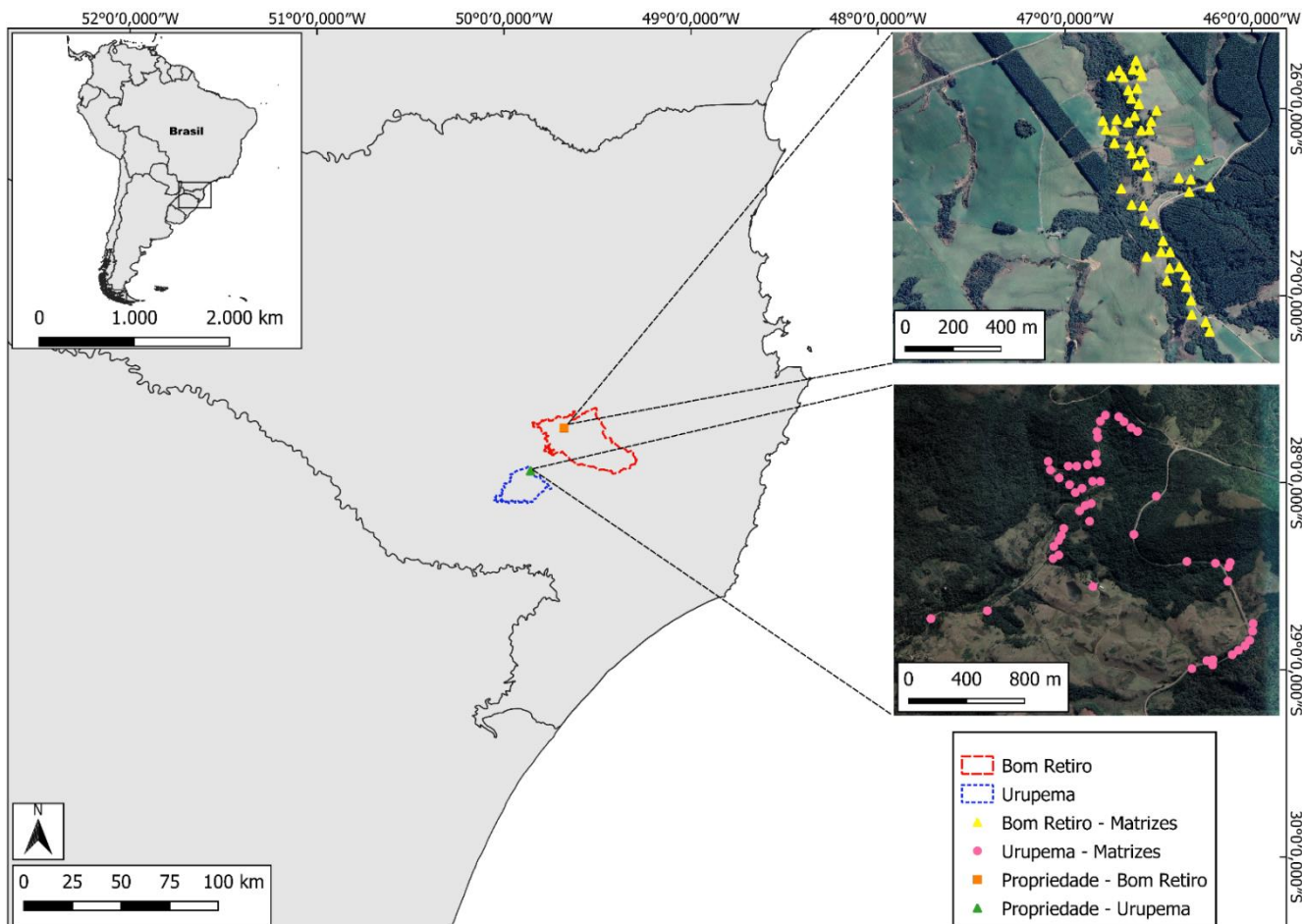


Figura 5.1. Mapa localizando as áreas estudadas em Bom Retiro e Urupema (SC) e amostragem de indivíduos.

5.2. Análises isoenzimáticas

As áreas definidas foram visitadas e 50 indivíduos adultos foram identificados com placas de alumínio e fita, georreferenciados (identificados na Figura 5.1.), e tiveram seus folíolos amostrados para posterior análises isoenzimáticas. Para evitar parentesco foi mantida uma distância mínima de 50 m entre as mesmas.

Para as análises isoenzimáticas das plantas matrizes, folíolos verdes foram coletados das árvores marcadas, armazenados em sacos plásticos devidamente identificados e transportados para o Laboratório de Fisiologia e Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV). As amostras foram resfriadas até o momento da extração, por no máximo quatro dias, devido a sua rápida degradação (MOREIRA et al., 2011).

Para extração enzimática das plantas, foi utilizado o protocolo otimizado utilizado por Arruda et al. (2019). Foram utilizados 50 mg do material vegetal de cada

indivíduo, juntamente com 10 mg de PVPP (Polivinilpolipirrolidona) e 500µL de solução de extração número 1 de Alfenas (1998). A solução obtida através da maceração do tecido parenquimatoso foi absorvida em tiras de wicks (papel cromatográfico Whatman nº 3 com dimensão 2 x 15 mm). Posteriormente essas tiras foram dispostas no gel de amido (penetrose 30 a 13%), que foi submetido à corrente elétrica para migração das enzimas.

Foram analisados dez loci dos sistemas enzimáticos: Peroxidase (PRX), Fosfoglucomutase (PGM), Diaforase (DIA), Fosfoglucoisomerase (PGI), Enzima málica (ME), Fosfogluconato (6PGDH), Isocitrato Desidrogenase (IDH), Shiquimato Desidrogenase, (SKDH), Beta-esterase (B-EST). Foi utilizado o sistema tampão gel/eletrodo Tris-Citrato (TC), usando as concentrações 27 g/L de Tris e 16,52 g/L de Ácido Cítrico em pH 7,5. As voltagens utilizadas durante a migração das enzimas foram: 80 V (20 min), 100V (20min), 150V (20min), 180V (5h a 7h). Após o processo de eletroforese, os géis foram cortados e corados com os respectivos sistemas isoenzimáticos para revelação dos zimogramas.

Para avaliar o sistema reprodutivo da espécie foram realizadas análises isoenzimáticas nas progênes das matrizes analisadas. Para tanto, foi realizada a coleta de frutos maduros nos dois locais estudados, em fevereiro de 2022 em Bom Retiro e março de 2022 em Urupema. A fim de garantir uma amostragem abrangente da diversidade genética e evitar parentesco, foram coletados frutos de todos os estratos da copa das árvores, em dois pontos cardinais distintos. Também foram coletados pelo menos 100 frutos de cada árvore (controle gamético feminino). Após a coleta, 50 sementes sadias de cada matriz foram selecionadas (25 de cada ponto cardinal), sendo utilizado apenas uma semente de cada fruto. Para a quebra da dormência, foi realizada imersão em água a 80° C com permanência na água por 18 horas. Posteriormente estas foram semeadas em tubetes, que ficaram acondicionadas em estufa do NPFT no CCA/UFSC, sendo adubadas com NPK (20:10:10) numa frequência de 15 dias.

Quando as plântulas estavam com aproximadamente 15 cm, amostras foliares das progênes foram empregadas para caracterização genética, visando estimar parâmetros do sistema reprodutivo da espécie. Para tanto, foram analisados os loci coincidentes de cada sistema enzimático de gerações diferentes (matrizes e progênes); para as progênes, foram avaliados nove loci para os sistemas enzimáticos

PRX, PGM, DIA, ME, PGI, IDH, SKDH e Malato desidrogenase (MDH). Foram genotipadas 20 mudas de cada matriz, de 17 matrizes em Bom Retiro e de 15 em Urupema, totalizando 660 progênies.

5.3. Análise dos dados genéticos

Os zimogramas foram interpretados e então calculadas as frequências alélicas para cada população, as quais serviram de base para estimar os índices de diversidade genética. Foram calculados os seguintes índices de diversidade genética: riqueza alélica (A); porcentagem de loci polimórficos (P); número médio de alelos por loco polimórfico (A_p); heterozigosidade esperada (H_E) em equilíbrio de Hardy-Weinberg, também conhecida como diversidade genética (NEI, 1973) por meio da fórmula $H_E = 2n \cdot (1 - \sum p_i^2) / (2n - 1)$.

Onde:

H_e = heterozigosidade média esperada

p_i = frequência alélica do i ésimo alelo

n = número de indivíduos amostrados

A heterozigosidade observada (H_o) por meio da fórmula $H_o = \sum n_{ij} / n$ e o índice de fixação (f) por meio da fórmula $f = (H_E - H_o) / H_E$). Os índices foram estimados com auxílio dos programas FSTAT e GDA.

Onde:

n_{ij} = número de indivíduos heterozigotos

n = número de indivíduos amostrados

O sistema de reprodução de *M. scabrella* foi caracterizado para cada população a partir da análise da variação genética das progênies, usando os modelos misto de reprodução (RITLAND & JAIN, 1981) e cruzamentos correlacionados (RITLAND, 1989). Também foi obtido o número efetivo de doadores de pólen por família ($\hat{N}_{ep} = 1 / \hat{r}_{p(m)}$) a proporção de meios-irmãos ($\hat{P}_{hs} = \hat{t}_m(1 - \hat{r}_p)$) e proporção de irmãos-completos ($\hat{P}_{fs} = \hat{t}_m \hat{r}_p$). Foram estimados os parâmetros: taxa de cruzamento

multilocos ($\hat{t}m$), taxa de cruzamento uniloco ($\hat{t}s$), taxa de autofecundação ($\hat{s} = 1 - \hat{t}m$), taxa de cruzamento entre aparentados ($\hat{t}m - \hat{t}s$), correlação de paternidade multilocos ($\hat{r}p(m)$), a correlação de autofecundação ($\hat{r}s$) e a correlação uniloco de paternidade ($\hat{r}p(s)$) e coeficiente de endogamia dos parentais maternos (F^m) e das progênes (F^0).

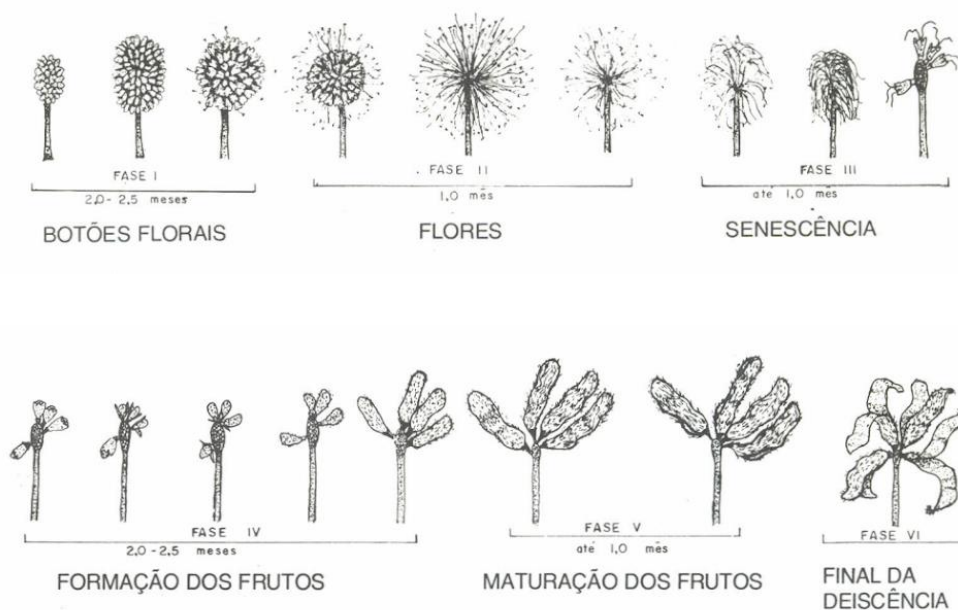
A coancestria dentro de progênes ($\hat{\theta}_p$) foi estimada pelo coeficiente de correlação de parentesco (\hat{r}_{xy}), conforme proposto por Ritland (1989), onde $\hat{r}_{xy} = 0,25(1 + \hat{F}_m)[4\hat{s} + (\hat{t}_m^2 + \hat{t}_m\hat{s}\hat{r}_s)(1 + \hat{r}_p)]$, em que \hat{F}_m é o coeficiente de endogamia entre as matrizes. Por meio da estimativa da coancestria entre progênes ($\hat{\theta}_{xy}$) foi obtido o tamanho efetivo de variância, conforme proposto por Cockerham (1969), onde $\hat{N}_{e(v)} = 0,5 / \hat{\theta}_{xy}$. Todas as estimativas citadas foram calculadas com o auxílio do programa MLTR, versão 3.4 (RITLAND, 2002), com intervalo de confiança de 95% de significância, calculado por meio de 10000 *bootstraps*.

Para coleta de sementes de bracatinga, visando a conservação, é necessário estabelecer critérios de ordem genética e fitossanitária (MAZUCHOWSKI; RECH & TORESAN, 2014). Portanto, buscando conservar o potencial genético da bracatinga, foi estimado o tamanho efetivo para cada população, com base na fórmula $\hat{N}_e = n/(1+f)$, onde n representa o número de indivíduos numa população e o f o índice de fixação.

5.4. Fenologia reprodutiva

Foram realizadas observações fenológicas no período entre julho de 2021 e março de 2022, a cada dez dias nas fenofases iniciais, e a cada mês nas fenofases finais, totalizando 17 avaliações. Essas observações foram realizadas com o auxílio de binóculo em 30 plantas selecionadas, a partir das matrizes marcadas previamente. Os dados obtidos foram utilizados para determinar as frequências de indivíduos nas seguintes fenofases: 1) Botões florais; 2) Floração; 3) Senescência; 4) Formação dos frutos; 5) Maturação dos frutos; 6) Frutos em deiscência, ilustradas na figura 5.4 (ROTTA & MENDES, 1990).

Figura 5.4. Escala fenológica da bracatinga empregada por ROTTA & MENDES (1990), e utilizada como referência para as avaliações realizadas.



A análise dos dados foi realizada empregando um dendofenograma, que é uma representação temporal das fenofases e suas intensidades (FOURNIER, 1976). A intensidade de cada fenofase foi quantificada por meio da escala proposta por Fournier (1974), que propicia a quantificação desta por meio da diferenciação entre cinco categorias, de 0 a 4, com intervalo de 25% entre classes. Essas classes são referentes à parcela da copa de cada árvore apresentando determinada fenofase, sendo elas: zero = ausência de fenofase; 1 = presença de fenofase entre 1% e 25%

da copa; 2 = presença de fenofase entre 26% e 50%; 3 = presença de fenofase entre 51% e 75%; e 4 = presença de fenofase entre 76% e 100% da copa da árvore.

Foram estimados coeficientes de correlação de Spearman (r_s) para testar a associação dos dados meteorológicos (temperaturas média, máxima e mínima, umidade relativa e precipitação) com a frequência de ocorrência das fenofases. Dados meteorológicos foram obtidos através da Epagri/Ciram. Estas informações são úteis como parâmetro para futuras coletas de sementes nessas áreas, já que condições climáticas podem influenciar no período de maturação dos frutos e, portanto, o momento ideal da sua coleta.

5.5. Estrutura populacional

A fim de estimar a densidade de matrizes, com foco em coleta de sementes, foi caracterizada a estrutura populacional da bracatinga. Para tanto, foi realizada a implantação de 14 parcelas de 20x20 m (0,56 ha), em cada local estudado. Estas parcelas foram instaladas apenas nos locais onde havia ocorrência da espécie alvo, já que o objeto de interesse são árvores com potencial uso para matrizes.

Os indivíduos foram contabilizados em três classes: a) regeneração (não reprodutivo, com altura inferior a 1,3 m); b) juvenis (não reprodutivo com altura igual ou superior a 1,3 m); e c) adultas, com presença de estruturas reprodutivas. Foi mensurado o CAP (circunferência à altura do peito) de todas as plantas adultas, medida posteriormente convertida em diâmetro (DAP). Também foram estimadas as alturas das árvores, empregando superposição de ângulos. Para síntese e avaliação, os indivíduos foram agrupados por classe de 5 cm e foram realizados cálculos de densidade por hectare, além da média das alturas e dos DAPs das populações. Para determinação da densidade de árvores por hectare, a área de cada população foi corrigida para a área com agrupamentos de bracatinga, devido à alta heterogeneidade dos locais amostrados. Portanto, a densidade calculada é referente ao fragmento com bracatinga de cada local.

5.6. Critérios para coleta de sementes

Os dados obtidos neste trabalho permitem a ampliação da discussão dos critérios para coleta de sementes de bracatinga em cada uma das áreas estudadas. Os critérios envolvem em especial a definição do número de matrizes visando a garantia da manutenção da diversidade nas progênies a serem geradas (Tamanho efetivo populacional), dados obtidos através das avaliações quanto ao sistema reprodutivo. Também foram gerados dados quanto às fases fenológicas, que pode auxiliar a indicação do momento de coleta dos frutos nestes locais. Ademais, também foi identificada a estrutura populacional dos locais, tornando possível indicar a disponibilidade de matrizes de bracatinga para coleta de sementes nos locais.

6. Resultados

6.1 Diversidade genética

Na tabela 6.1 estão explicitadas as estimativas de diversidade genética das duas populações estudadas. Foram avaliados 10 loci polimórficos em 9 sistemas isoenzimáticos. O número de matrizes amostradas foi de 48 em cada população. O número total de alelos encontrado foi de 31 em BR e 34 em URU, bem como o número de alelos por loco foi de 3,1 e 3,4, respectivamente. O polimorfismo nos loci foi 100% em ambos locais.

Tabela 6.1. Estimativas de diversidade genética de populações *M. scabrella* em dois fragmentos florestais de Bom Retiro e Urupema, 2022.

Parâmetros/Locais	Bom Retiro	Urupema
Tamanho da amostra (N)	48	48
Número total de alelos (A)	31	34
Polimorfismo nos locos (P%)	100	100
Número de alelos por loco (\hat{A})	3,1	3,4
Heterozigosidade esperada (H_e)	0,19	0,245
Heterozigosidade observada (H_o)	0,145	0,208
Índice de fixação (f)	0,237	0,156
Alelos raros	15	11
Alelos exclusivos	2	5

Os valores de heterozigosidade esperada e observada, foram de 0,19 e 0,145 em BR e 0,254 e 0,208 em URU, resultando em índice de fixação de 0,237 (IC de 0,04 a 0,7) em BR e 0,156 (IC de 0,04 a 0,31) em URU. Ou seja, não houveram diferenças significativas entre as populações. Foram encontrados mais alelos raros em BR (15), do que quando comparado a URU (11). Quanto a alelos exclusivos, URU teve 5, enquanto BR 2.

6.2 Sistema reprodutivo

As estimativas realizadas a fim de caracterizar o sistema reprodutivo de duas populações de bracatinga, são apresentadas na tabela 6.2. O número de progênes utilizado foi de 17 em BR e 15 em URU. Os resultados indicam que *M. scabrella* tem um sistema reprodutivo misto com predomínio de cruzamentos, indicados pelas taxas médias de cruzamento multiloco ($t_m = 0,849$ BR e $0,798$ URU) e taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados de $0,085$ e $0,112$, respectivamente. A taxa de autofecundação, ou taxa efetiva de cruzamento entre parentes foi de $0,220$ e $0,307$. A correlação de paternidade foi alta, de $0,337$ e $0,408$, e o número efetivo de doadores de pólen foi de aproximadamente $3,7$ e $3,2$, em BR e URU.

Tabela 6.2. Estimativas para aspectos do sistema reprodutivo para duas populações de *M. scabrella* (Bom Retiro e Urupema, 2022).

Parâmetros	Bom Retiro (IC a 95%)	Urupema (IC a 95%)
Número de progênies (N)	17	15
Taxa de cruzamento multiloco (\hat{f}_m)	0,849 (0,762 a 0,966)	0,798 (0,676 a 0,934)
Taxa de cruzamento uniloco (\hat{f}_s)	0,763 (0,623 a 0,919)	0,687 (0,525 a 0,871)
Taxa de cruzamento entre parentes	0,085 (0,037 a 0,154)	0,112 (0,03 a 0,194)
Taxa efetiva de cruzamento entre parentes (\hat{s})	0,22 (0,081 a 0,377)	0,307 (0,129 a 0,475)
Correlação de paternidade multilocus $r\hat{p}(m)$	0,337 (0,142 a 0,461)	0,408 (0,158 a 0,599)
Número efetivo de doadores de pólen (N_{ep})	3,688 (2,169 a 7,042)	3,171 (1,699 a 6,329)
Proporção de meios-irmãos (P_{hs})	0,61 (0,426 a 0,823)	0,524 (0,289 a 0,765)
Proporção de irmãos-completos (P_{fs})	0,252 (0,131 a 0,354)	0,28 (0,138 a 0,429)
Proporção de irmãos de autofecundação (P_{ss})	0,151 (0,034 a 0,238)	0,202 (0,066 a 0,324)
Endogamia nos parentais maternos (F_m)	0,314 (0,048 a 0,709)	0,186 (0,045 a 0,312)
Endogamia nas progênies (F_0)	0,221 (0,020 a 0,423)	0,241 (0,049 a 0,478)
Endogamia nas progênies por autofecundação (F_s)	0,099 (0,017 a 0,119)	0,119 (0,033 a 0,162)
Endogamia nas progênies por cruzamento entre aparentados (F_{tm-ts})	0,121 (0,064 a 0,198)	0,121 (0,048 a 0,201)
Coefficiente de coancestria dentro de progênies (Θ_{xy})	0,279 (0,203 a 0,325)	0,242 (0,179 a 0,302)
Coefficiente de parentesco dentro de progênies (r_{xy})	0,559 (0,407 a 0,65)	0,485 (0,358 a 0,604)
Tamanho efetivo de variância $N_e(v)$	1,671	1,869
Número de matrizes para a coleta de semente (m)	59,8 (60)	53,5 (54)

*Intervalo de confiança de 95% obtido por 10000 *bootstraps*.

As proporções de irmãos de autofecundação (P_{ss}), meios-irmãos (P_{hs}) e irmãos completos (P_{fs}) foram 15% e 20%, 61% e 52%, 25% e 28% em BR e URU, respectivamente. (Tabela 6.2) A endogamia entre os parentais maternos (F_m) foi de 0,314 e 0,186, e a endogamia nas progênies (F_0) foi de 0,221 e 0,241, sendo que parte desta endogamia ocorreu por autofecundação (f_s) 0,099 e 0,119 e outra parte por cruzamento entre aparentados, caracterizado por 0,121 em ambas populações. O

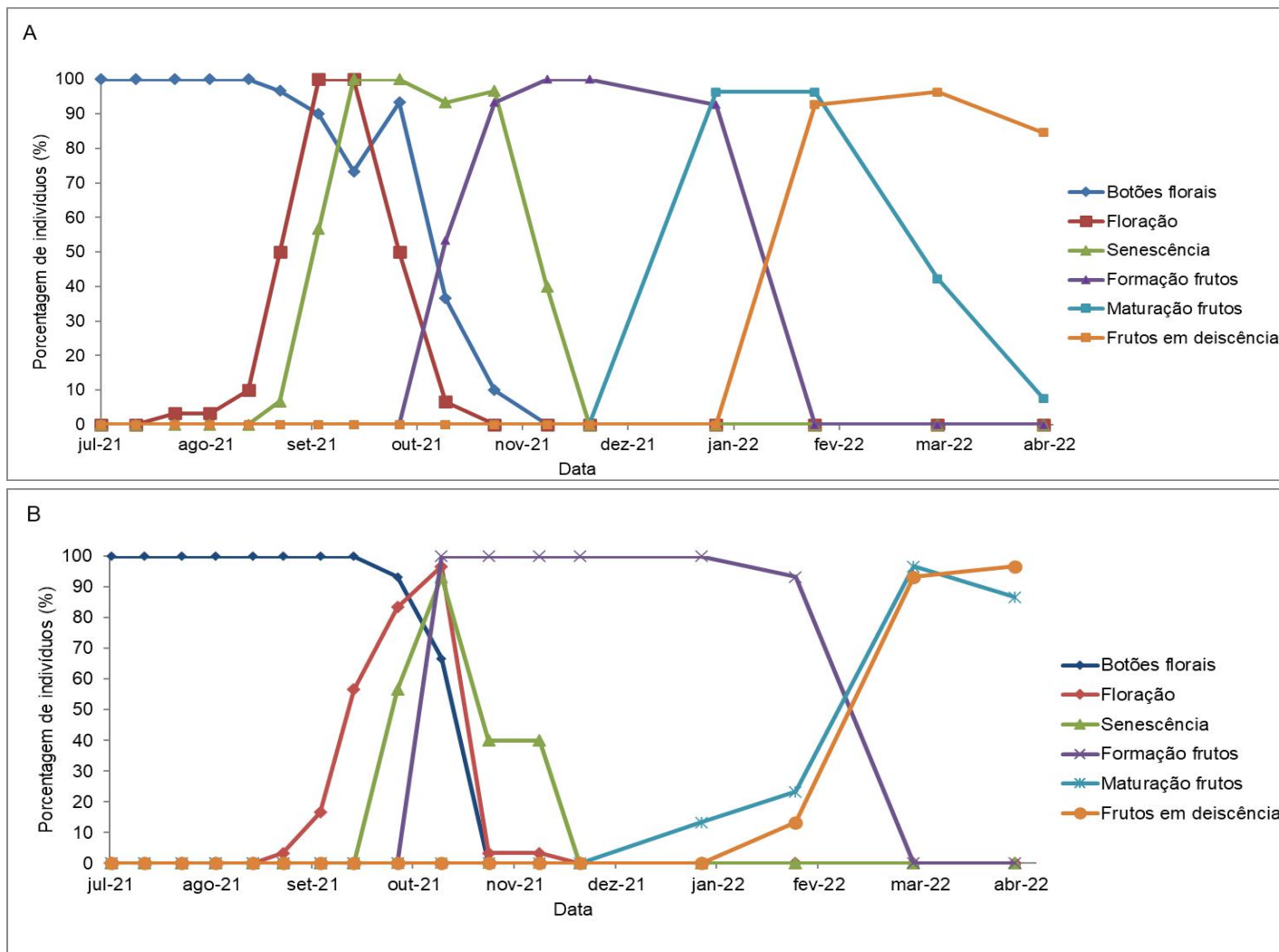
coeficiente de coancestria dentro de progênies (Θ_{xy}) foi de 0,279 e 0,242, mais alto do que o esperado em populações panmíticas, indicando a ocorrência de cruzamentos correlacionados, o que corrobora com as demais estimativas. Para todos os parâmetros, não houveram diferenças significativas entre as duas populações estudadas.

Tendo como base os indicadores de diversidade genética das progênies, foi possível estimar um número adequado de matrizes para a coleta de sementes (Tabela 6.2). Foi identificado o tamanho efetivo de variância (1,671 em BR e 1,869 em URU), resultando em número de matrizes para coleta de sementes (m) de 60 em Bom Retiro e 54 em Urupema, para reter os tamanhos efetivos de referência de 100.

6.3 Fenologia Reprodutiva

Foi observado que *Mimosa scabrella* tem ciclo fenológico reprodutivo anual, iniciando ainda antes de julho em Urupema e Bom Retiro, e se estendendo até abril em ambos os locais, no ciclo avaliado (2021-2022) (Figura 6.3.1). A fase de botões, iniciou antes de julho e seguiu com alta frequência de plantas com botões até outubro, terminando em novembro, nos dois locais. O período de floração e senescência ocorreram entre agosto e dezembro em Bom Retiro, e entre setembro e dezembro em Urupema. Os frutos iniciaram a sua formação em outubro nos dois locais e seguiram até fevereiro em Bom Retiro e até março em Urupema. Já a maturação dos frutos, considerado o período ideal para a coleta de sementes, ocorreu entre dezembro e abril em ambas áreas. As avaliações fenológicas foram finalizadas em abril, mas de acordo com o padrão de maturação observado em Bom Retiro, é viável inferir que em Urupema é possível encontrar frutos maduros até maio, visto que 86,6% das árvores ainda tinham frutos maduros em meados de abril (Figura 6.3.1).

Figura 6.3.1. Fenologia reprodutiva (% de indivíduos) em duas populações de bracatinga (*Mimosa scabrella*), em fragmentos florestais nos municípios de Bom Retiro (A) (n= 30) e Urupema (B) (n= 30) em Santa Catarina, avaliadas entre julho de 2021 e abril de 2022.



Apesar de ambas áreas estarem localizadas na mesma região geográfica (Planalto serrano), houveram variações entre os locais estudados, no período avaliado, como é possível observar na Figura 6.3.1. De maneira geral, o ciclo fenológico de Urupema foi um mês tardio em relação à Bom Retiro. O ápice da floração ocorreu em meados de outubro para Bom Retiro e início de novembro para Urupema, e a formação dos frutos iniciou em outubro para ambos locais. A presença de frutos maduros foi observada no mesmo período para Bom Retiro e Urupema, porém, a frequência maior de árvores com frutos maturados concomitantemente foi distinto, sendo entre janeiro e fevereiro para Bom Retiro e março a abril para Urupema.

Em 58,8% das avaliações em Bom Retiro e em 76,4% em Urupema, foi verificada presença de estruturas reprodutivas em 100% das plantas dentro da mesma fenofase, demonstrando que a bracatinga tem comportamento de sincronismo dentro de cada fase entre indivíduos, como é possível observar na Figura 6.3.1.

Para as intensidades fenológicas (índice de Fournier), os locais apresentaram padrão de comportamento semelhante. As diferenças encontradas entre as áreas corresponderam as fases de botões florais e formação dos frutos. Em Bom Retiro, a intensidade de botões florais atingiu porcentagem mais alta do que em Urupema (91,6% e 59,1%, respectivamente), enquanto a formação de frutos foi menos intensa em Bom Retiro quando comparado à Urupema (36,6% e 67,5%). As demais fenofases diferiram em intensidade no máximo 12,5% entre Bom retiro e Urupema: Floração: 65% e 52,5%; Senescência: 47,5% e 37,5%; Maturação de Frutos: 36,66% e 35,8; Frutos deiscentes 39,1% e 48,3% (Figura 6.3.2).

Figura 6.3.2. Intensidade fenológica (Índice de Fournier transformado para porcentagem) em duas populações de bracatinga (*Mimosa scabrella*), em fragmentos florestais nos municípios de Bom Retiro (A) (n= 30) e Urupema (B) (n= 30) em Santa Catarina, avaliadas entre julho de 2021 e abril de 2022.

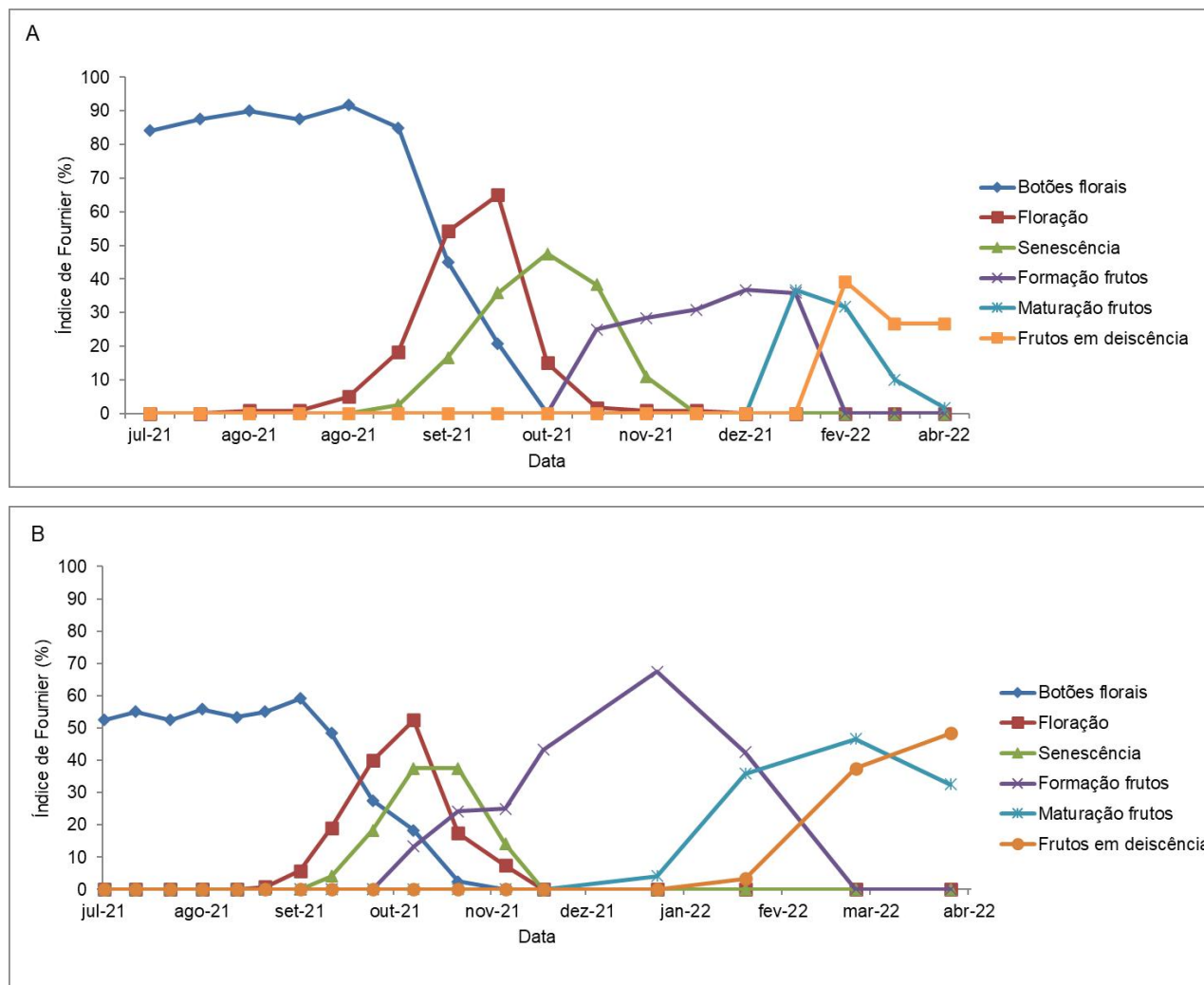
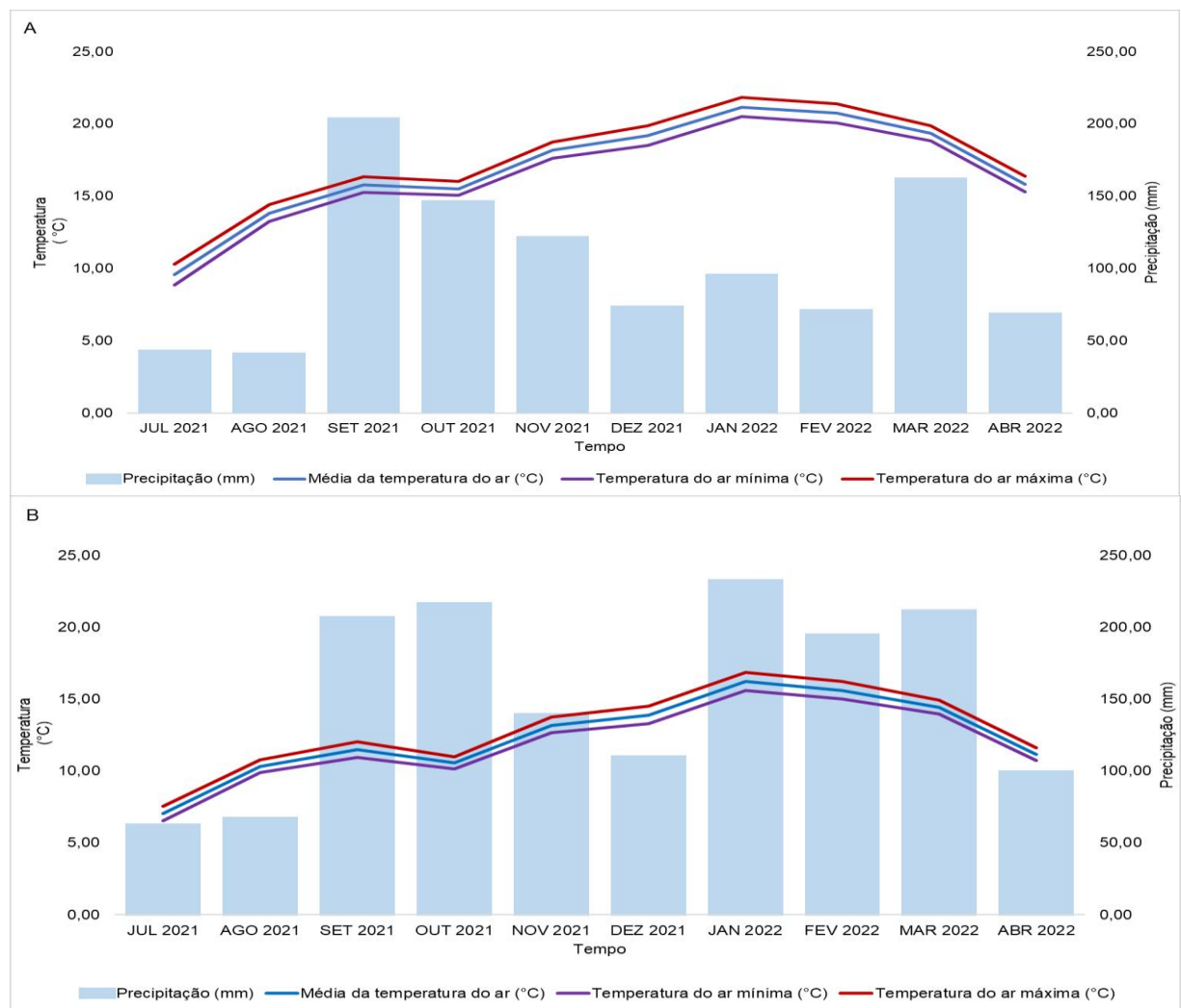


Figura 6.3.3. Dados climáticos dos municípios de Bom Retiro (A) e Urupema (B) em Santa Catarina, fornecidos pela CIRAM referentes aos meses de julho de 2021 a abril de 2022.



Houve influência climática na atividade das fenofases, ou seja, o número de plantas que estava apresentando determinada fenofase teve correlação com as variáveis climáticas analisadas. Na tabela 6.3.4 e na tabela 6.3.5, estão dispostos os dados da correlação de Spearman, calculados entre as variáveis climáticas e frequência de indivíduos em cada fase da fenologia reprodutiva. As únicas relações negativas observadas em todos dados, foram quanto a fenofase de botões florais, com as temperaturas máxima, média e mínima, TMA (-0,85 e -0,72), TME (-0,9 e -0,75), e TMI (-0,86 e -0,8) para BR e URU, respectivamente. Ou seja, quanto menor a temperatura, mais botões florais no período avaliado. Na figura 6.3.3, é possível observar que o mês de julho de 2021 apresentou as médias de temperatura do ar mais frias dentre o período avaliado em Bom Retiro (9,5° C) e Urupema (7° C).

Para floração, foi constatada relação positiva com umidade relativa para os dois locais (0,63 para BR e 0,55 para URU), ou seja, quanto maior a umidade relativa, mais flores. Já para senescência, houve relação positiva com precipitação apenas em Bom Retiro, ou seja, quanto maior a precipitação, mais senescência. Este resultado corrobora com os dados pluviométricos disponibilizados pela CIRAM, onde ocorreu o máximo de precipitação em Bom Retiro no mês de setembro de 2021 (soma mensal de 195 mm), dentro do período avaliado (Figura 6.3.3.a).

Na fenofase de formação de frutos, houve relação positiva com TMA em Urupema (0,51), sugerindo que quanto maior a temperatura, mais formação de frutos. Quanto à maturação dos frutos, foi encontrada relação positiva com TMA (0,67 e 0,58), TME (0,67 e 0,61) e TMI (0,58 e 0,65) em BR e URU, respectivamente, indicando que quanto maiores as temperaturas mínimas, médias e máximas, há mais formação de frutos de bracinga. Para a fenofase de frutos deiscientes, há relação positiva com TMA (0,55), TME (0,55), e TMI (0,52) em Bom Retiro, indicando que quanto maior a temperatura, mais frutos em deiscência serão encontrados na copa das árvores neste local. Para Urupema, houve relação positiva de frutos em deiscência apenas com TMI (0,55).

Tabela 6.3.4. Correlação de Spearman (r_s) entre os fatores climáticos e as fenofases de 30 indivíduos observadas nos municípios de Bom Retiro (A) e Urupema (B) em Santa Catarina. BF= Botões florais; FL= Floração; SEN= Senescência; FF= Formação de frutos; MF= Maturação de frutos; FD= Frutos deiscientes; TMA= Temperatura

máxima; TME= Temperatura média; TMI= Temperatura mínima; UR= Umidade Relativa; P= Precipitação. Valores significativos estão marcados com asterisco.

Locais	Variáveis climáticas/Fenofase	BF	FL	SEN	FF	MF	FVE
Bom Retiro	TMA	-0,85	-0,39	-0,12	0,42	0,67	0,55
	TME	-0,9	-0,36	0,01	0,42	0,67	0,55
	TMI	-0,86	-0,37	0,06	0,46	0,58	0,52
	UR	0,35	0,63	0,41	-0,36	-0,37	-0,15
	P	-0,35	0,46	0,71	0,02	-0,01	0,08
Urupema	TMA	-0,72	-0,12	-0,12	0,51	0,58	0,13
	TME	-0,75	-0,18	-0,17	0,48	0,61	0,2
	TMI	-0,8	-0,13	-0,09	0,46	0,65	0,55
	UR	-0,43	0,55	0,6	0,13	0,17	0,29
	P	-0,36	0,47	0,22	0,13	0,29	0,24

6.4 Estrutura populacional

Em Bom Retiro foi estimada densidade total de 727 indivíduos por hectare. Para regenerantes, 568 ind/ha; para juvenis 2 ind/ha; e para adultos, 157/ha. Em Urupema, foi estimada uma densidade demográfica total de 1487,5 ind/ha; para regenerantes, 1.321 ind/ha; juvenis 20 ind/ha; e quando contabilizadas apenas plantas adultas, que estão no estágio reprodutivo e são potenciais matrizes, foram observadas 146 ind/ha (Tabela 6.4.1).

Tabela 6.4.1 Estimativa de densidade (indivíduos/ha) de *M. scabrella* por hectare em Bom Retiro e Urupema, para cada estágio de desenvolvimento. NPFT - PPGRV, janeiro 2023.

Estágio	Bom Retiro	Urupema
Regenerantes	568	1321
Juvenis	2	20
Adultos	157	146
Total	727	1487

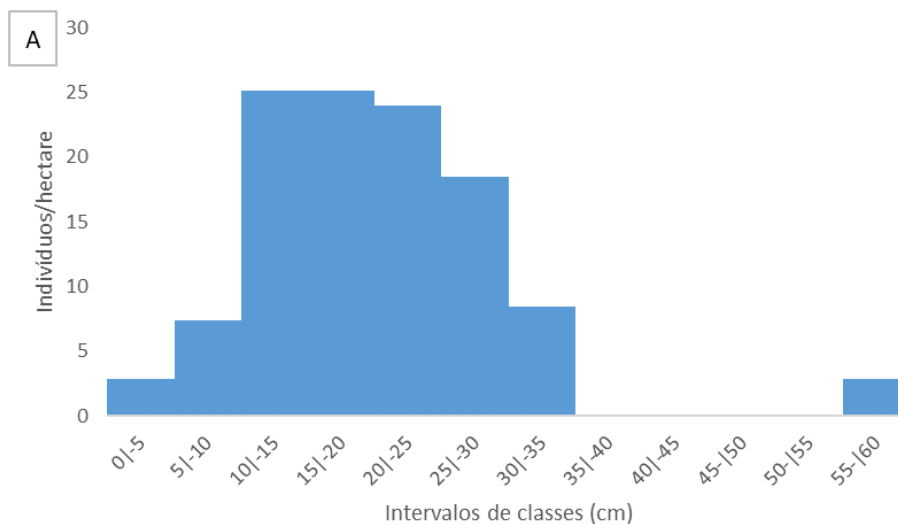
Para caracterização da distribuição diamétrica, foram analisados indivíduos juvenis e adultos, ou seja, plantas acima de 1,3 m (altura mínima para obter o DAP).

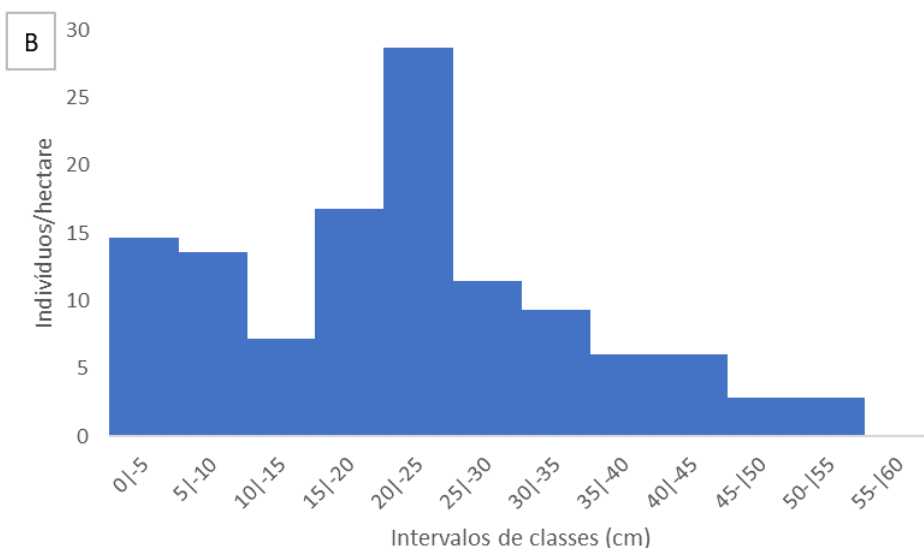
Para ambos locais foram consideradas doze classes de diâmetro, com intervalos de 5 cm.

Em Bom Retiro, as classes com maiores frequências de indivíduos foram entre 10-15 e 15-20 cm, ambas com 23% da totalidade de árvores juvenis e adultas. Posteriormente, a classe que conteve a maior frequência de indivíduos foi de 20-25 cm, com 22%, seguido pela classe de 25-30 cm, com 17%. Nas classes de 35-40, 45-50, 50-55 cm não foram observados indivíduos. As classes 0-5 e 55-60 cm contiveram a mesma porcentagem de indivíduos em cada, 1%. Na classe de 30-35 cm, foram observados 7%, e na classe entre 5-10 cm, 6% dos indivíduos. (Figura 6.4.A).

Em Urupema, a maior frequência ocorreu entre indivíduos entre 20-25 cm de DAP (27%), seguido pelas classes de 15-20 cm (15%), 0-5 cm (13%) e 5-10 cm (12%). A classe entre 25-30 cm, conteve 10% dos indivíduos, e a classe de 30-35 cm, conteve 8%. Cinco % dos indivíduos se concentraram na classe entre 10-15 cm. As classes de 35-40 e 40-45 cm, contiveram a mesma porcentagem, 4%, e as classes de 45-50 e 50-55, 1%. Na última classe, de 55-60 cm, nenhuma árvore foi amostrada (Figura 6.4.B).

Figura 6.4. Distribuição diamétrica em classes de 5 cm, de indivíduos de bracatinga (*Mimosa scabrella*) amostrados em um fragmento de floresta secundária em Bom Retiro (A) e Urupema (B) (SC). NPFT - PPGRV, 2022/2023.





Na tabela 6.4.2 estão descritas as variáveis estruturais das populações de bracatinga de Bom Retiro e Urupema. O DAP máximo observado foi de 57,3 em BR e 52,2 cm em URU, e o DAP mínimo 1,5 cm em BR e 3,5 cm em URU. As médias dos DAPs avaliados foi de 19,7 cm \pm 7,7 e 20,2 cm \pm 11,74 cm, para Bom Retiro e Urupema consecutivamente. Para altura, a máxima encontrada em BR foi de 16,5 m e em URU, 13,6 m. A altura mínima observada foi de 3,5 m em BR e 2 m em URU, com médias de altura de 11,22 m \pm 2,3 m em BR, e 7,4 m \pm 3,14 m. As áreas basais calculadas nas amostragens totais foram de 5,6 m²/ha em BR e 7,1 m²/ha em URU.

Tabela 6.4.2. Variáveis estruturais de populações de *M. scabrella* em fragmentos florestais em Bom Retiro e Urupema em 2022/2023. DAP = Diâmetro a Altura do Peito (1,3 m).

		Bom Retiro	Urupema
DAP	Máximo	57,3 cm	52,2 cm
	Médio	19,7 cm \pm 7,7 cm	20,2 cm \pm 11,74 cm
	Mínimo	1,5 cm	3,5 cm
Altura	Máximo	16,5 m	13,6 m
	Médio	11,2 m \pm 2,3 m	7,4 m \pm 3,14 m
	Mínimo	3,5 m	2 m
Área basal		5,6 m ² /ha	7,1 m ² /
Área total		13 ha	12 ha
Área amostrada		0,56 ha	0,56 ha
Erro de amostragem		20,06%	17,62%

7. Discussão

7.1 Diversidade genética

O polimorfismo de 100% para ambos locais e número de alelos por loco de 3,1 (BR) e 3,4 (URU) encontrados foram considerados altos quando comparados com outras espécies arbóreas perenes, que têm média de polimorfismo de 64,7% dos loci, e média de 2,19 alelos por loco (HAMRICK & GODT, 1990). Estudando especificamente a bracatinga, Moreira et al. (2011) e Sobierajski (2006) encontraram valores de polimorfismo nos loci de 100%, enquanto Arruda et al. (2019), 88 e 100%. Quanto ao número de alelos por loco, Sobierajski (2006) encontrou valor de 3,86, Moreira et al. (2011), 2,69, e de Arruda et al. (2019), 3,55 e 3,44, índices semelhantes aos encontrados nas populações de Bom Retiro e Urupema, caracterizando altos níveis de diversidade genética.

Quanto à heterozigosidade esperada e heterozigosidade observada, estas foram de $H_e = 0,19$ e $0,145$ em Bom Retiro e $H_o = 0,254$ e $0,208$ em Urupema, valores inferiores quando comparado com outros trabalhos sobre o tema. Moreira et al., (2011) encontraram $H_e = 0,382$ e $H_o = 0,257$, e Arruda et al. (2019) encontraram $H_e = 0,469$ e $0,362$ e $H_o = 0,427$ e $0,309$. Os índices de fixação foram altos em ambas populações, e não diferiram significativamente entre si ($0,237$ em BR e $0,156$ em URU), evidenciando excesso de homocigotos em relação ao esperado pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg. De acordo com Loveless & Hamrick (1984), este resultado é esperado para espécies pioneiras, com potencial de dispersão de pólen ou sementes reduzido, e com alta probabilidade de cruzamentos entre parentes, como a bracatinga, e é ainda mais esperado devido ao sistema reprodutivo de *M. scabrella* ser misto (ver item 6.2). Para seis das nove populações estudadas por Sobierajski (2006), o índice de fixação nas árvores maternas (F_m) não diferiu estatisticamente de zero ($0,000 \leq F_m \leq 0,004$), enquanto Moreira et al. (2011), encontrou valor de $0,329$, e de Arruda et al. (2019), $0,088$ e $0,123$.

Alelos raros são importantes pois podem contribuir para a adaptação em condições de alterações e estresses ambientais (SEBBENN, 2002). A grande quantidade de alelos raros (15 BR e 11 URU) e exclusivos (2 BR e 5 URU), concomitante com o alto índice de fixação, indica que ambas populações estão submetidas a fortes efeitos de deriva genética. Este efeito é comum em espécies ou

populações subdivididas em demes, isoladas entre si e com pouco fluxo gênico, resultando em maiores oscilações aleatórias das frequências alélicas (COLE, 2003). Os valores de alelos raros encontrados neste trabalho são superiores comparado a Moreira et al., (2011) que observou 2,5.

As populações apresentaram valores médios de diversidade genética (H_e) e tendência de perda desta ao decorrer das gerações, devido aos valores elevados de índice de fixação (f). Esses fatores podem ter levado a uma redução significativa da diversidade genética, possivelmente devido à grande influência do efeito fundador em espécies pioneiras.

Esses efeitos de processos antropogênicos que modificam a paisagem tendem a reduzir o fluxo gênico entre e dentro populações, levando a redução do tamanho populacional e o isolamento destas, causando perda da diversidade genética. Portanto, para habilitar o uso de uma população natural de bracatinga como ACS, deve-se também definir critérios de coleta de sementes adequados para estes locais, como o número de matrizes suficiente para evitar perdas genéticas. Para ampliação desta discussão, é necessário o conhecimento dos parâmetros do sistema reprodutivo das populações, que estão discutidas no tópico 7.2.

7.2 Sistema reprodutivo

O modelo de reprodução misto de Ritland e Jain (1981) assume que as progênies resultam de uma mistura de autofecundação e cruzamento, e o modelo de cruzamentos correlacionados assume que a parte originada de cruzamentos foi gerada parcialmente por cruzamentos aleatórios e parte por cruzamentos biparentais.

Os valores das taxas de cruzamento encontrados neste trabalho (t_m) = 0,849 BR e 0,798 URU, foram altas, e semelhantes com resultados de Moreira et al., (2011), que variaram de 0,780 a 0,832; de Arruda et al., (2020), que encontraram t_m de 0,925 e 0,845 para dois locais; já Sobierajski (2006), estudando populações de nove locais distintos, identificou taxa de cruzamento superior: 0,971.

De acordo com Goodwillie, Kalisz e Eckert (2005), existem três tipos de sistema de reprodução, classificando-os de acordo com sua taxa de cruzamento: 1) sistema de cruzamentos (ou alogamia) ($t > 0,8$), 2) sistema misto de reprodução ($0,2 < t < 0,8$), e 3) sistema de autofecundação (autogamia) ($t < 0,2$). Portanto, o sistema reprodutivo da bracatinga pode ser classificado como misto, tanto para a população de Urupema,

quanto para a população de Bom Retiro. Esta classificação vai de acordo com a hipótese relacionada ao Objetivo Específico 2 deste trabalho, de que a reprodução é principalmente via fecundação cruzada, porém, não atingindo 95% de cruzamentos, sendo caracterizado como preferencialmente alógamo, tanto para as populações de Bom Retiro quanto Urupema, como nas populações estudadas por Moreira et al. (2011) e Arruda et al. (2019).

Para taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados, os valores encontrados ($t_m-t_s = 0,085$ em BR e $0,112$ em URU) foram semelhantes aos encontrados por Sobierajski et al. (2006), que foi de $0,08$, e inferiores aos encontrados por de Arruda et al. (2019) ($0,142$ e $0,170$) e de Moreira et. al (2011), que variaram de $0,161$ a $0,192$.

Os valores de endogamia dos parentais maternos (F_m) foram de $0,314$ em BR e $0,186$ em URU, e para endogamia nas progênes (F_0), foram encontrados valores de $0,221$ em BR e $0,241$ em URU, ou seja, enquanto em Bom Retiro a endogamia reduziu nas progênes, em Urupema o efeito observado foi o contrário. Parte desta endogamia ocorreu por autofecundação (f_s) $0,099$ em BR e $0,119$ em URU, e outra parte por cruzamento entre aparentados, caracterizado por $0,121$ em ambas populações, em conformidade com a hipótese 2. Os valores encontrados são coerentes com os cruzamentos entre aparentados e autofecundações observados, que causaram uma alta endogamia média apesar da alta diversidade genética dentro das populações estudadas.

O número médio de plantas que contribuíram para a polinização em cada população ficou entre 4 (BR) e 3 (URU), corroborando com demais resultados. Os valores encontrados foram semelhantes quando comparados com Sobierajski (2006), de 3 e para de Arruda et al. (2019), de 2,9.

O coeficiente de coancestria dentro de progênes (Θ_{xy}) foi mais alto ($0,279$ BR e $0,242$ URU) do que o esperado em populações panmíticas, indicando a ocorrência de cruzamentos correlacionados, o que corrobora com as estimativas de proporções de irmãos de autofecundação (P_{ss}), meios-irmãos (P_{hs}) e irmãos completos (P_{fs}), que foram 15% e 20%, 61% e 52%, e 25% e 28% em BR e URU, respectivamente. Dados que vão de acordo com a hipótese relacionada ao Objetivo Específico 2 da dissertação, de que as progênes serão compostas predominantemente por grupos de meios irmãos. Outros autores encontraram valores semelhantes, como Sobierajski et al. (2006) $0,227$, e Moreira et al. (2011) $0,204$ e $0,194$.

A alta intensidade de floração da bracatinga dentro de uma mesma árvore (Figura 6.3.2) e sincronia de floração entre árvores (Figura 6.3.1) pode interferir no deslocamento de insetos polinizadores, já que coletam recursos rapidamente devido ao seu agrupamento, e se deslocam a distâncias mais curtas, diminuindo a dispersão de pólen (RICHARDS, 1997), este comportamento de polinizadores pode propiciar autofecundações, e cruzamentos entre parentes (SEBBENN, 2003). Os efeitos dos fatores citados, causam a redução do tamanho efetivo de variância, sendo necessária a coleta de maiores tamanhos amostrais de sementes para a conservação do que seria preciso, se a população estivesse em panmixia (SEBBENN, 2003).

Os valores de tamanho efetivo de variância foram baixos (1,67 BR e 1,86 URU), constatando que a diversidade genética retida em amostras de sementes é reduzida, portanto, um maior número de matrizes se faz necessário para a coleta de sementes. Frankel e Soulé (1981) sugerem o tamanho efetivo de 50 como suficiente para manter o coeficiente de endogamia a uma taxa de 1% por geração, até 10 gerações, em loci com dois alelos, porém, a fim de manter grande proporção da variação genética por maior período de tempo (SEBBENN, 2003) em locais que a serem restaurados, utilizou-se o tamanho efetivo de referência 100, totalizando um número necessários de matrizes de 60 em Bom Retiro e 54 em Urupema.

Já existem recomendações gerais para número de matrizes a serem coletadas, baseadas no tamanho efetivo. Sebbenn (2002) recomenda que para reter tamanho efetivo de referência de 100, em populações com índice de fixação 1,8, que sejam coletadas sementes de 57,2 árvores, valor próximo aos recomendados neste trabalho. Sobierajski (2006) encontrou o valor de 0,247 para o tamanho efetivo de variância, resultando no tamanho amostral de 40 matrizes, para reter os tamanhos efetivos de referência de 100 para bracatinga.

Trabalhos realizados com *M. scabrella* quanto a caracterização de seu sistema reprodutivo, não enfatizaram o contexto de estabelecimento de ACS ou coleta de sementes. Portanto, é reiterado a importância do tamanho efetivo populacional para evitar o aumento do nível de endogamia ou deriva genética da população que será fundada.

Ou seja, mesmo com diversidade não tão elevada, pode-se garantir a maximização da mesma a partir da definição do número de matrizes empregada por lote de sementes, e garantia de que há disponibilidade de matrizes necessárias nas áreas, considerando uma distância de 50 m entre árvores.

Para caracterização adequada do sistema reprodutivo, existe a necessidade da amostragem de um alto número de matrizes dentro de uma população, e da genotipagem de no mínimo 20 plantas de uma só matriz. A interpretação dos zimogramas das progênies foi custosa para alguns sistemas enzimáticos, impossibilitando a genotipagem do número total de loci/plântulas. Contudo, os valores obtidos não são discrepantes do que existe na literatura para a espécie.

7.3 Fenologia Reprodutiva

A fim de determinar ACS adequadas para bracatinga e identificar períodos ótimos para coleta de sementes, bem como a extensão/ sincronismo de floração, buscou-se uma perspectiva comparativa entre as duas populações estudadas. Foi dado ênfase para discussão da floração e maturação de frutos, já que estas fenofases são as mais influentes na diversidade genética, sistema reprodutivo e coleta das sementes.

Poucos trabalhos foram realizados estudando a fenologia da bracatinga. Carpanezi (1988) relatou que o florescimento da espécie ocorre de julho a setembro em Santa Catarina, enquanto a maturação dos frutos acontece de novembro a março. Rotta e Mendes (1990) realizaram sua pesquisa nas regiões metropolitana de Curitiba e no sudeste do Paraná, verificando a floração entre agosto e setembro, e maturação dos frutos entre dezembro e fevereiro. Saibert (2021) realizou as avaliações na região centro-sul do Paraná, observando que o período entre a formação dos botões florais e o final da floração foi de abril a setembro, “período de deciduidade/semideciduidade” em outubro, e formação e maturação dos frutos entre novembro e março.

Os resultados encontrados na literatura indicam grande variação de período de ocorrência das fenofases da bracatinga, principalmente na floração. Neste estudo, no caso de Bom Retiro, a floração foi condizente com o período encontrado em outros trabalhos. Já para Urupema, foi observada floração tardia, provavelmente devido às temperaturas baixas ou, outra hipótese, relacionado a variações genéticas.

Carpanezi (1988) descreve que no Paraná, a variedade argentina da bracatinga (*Mimosa scabrella* var. *aspericarpa*) floresce entre novembro e dezembro, e o momento ideal para a coleta das sementes ocorre entre de março e maio, correspondendo aos períodos observados para a população de Urupema. Beltrami et

al. (2007) descrevem como um dos fatores para diferenciação entre as duas variedades, o momento de floração, que na variedade *aspericarpa* se dá a partir de outubro. Essa diferença da época de floração pode ser considerada uma barreira temporal para o cruzamento, o que impossibilita o fluxo gênico entre populações e causa um isolamento genético destas, podendo gerar maiores divergências genéticas entre populações.

A maior sincronismo entre indivíduos observada na mesma fenofase, foi em botões florais, que teve seu pico entre meados de julho até meados de setembro e atingiu 91,6% de sincronia entre indivíduos no final de agosto. Para a floração, a atividade de indivíduos na mesma fenofase não ultrapassou 65% (final de setembro, em Bom Retiro) e 52,5% (final de outubro em Urupema). Estes resultados são dissonantes com a hipótese trêz deste trabalho, de que a floração seria sincrônica entre os indivíduos de cada população, favorecendo a reprodução via fecundação cruzada. Esta sincronia mais baixa do que o esperado dentro de populações gera empecilhos no fluxo gênico, que impedem a panmixia completa e podem gerar perda de variabilidade genética no decorrer das gerações. Os resultados referentes ao sistema reprodutivo indicaram uma participação de 3 a 4 doadores de pólen, em média, por progênie, corroborando com a sincronicidade parcial observada.

Para a atividade de fenologia, vale a pena ressaltar que pode ser encontrado, dentro de uma mesma árvore, trêz fenofases reprodutivas distintas no mesmo momento, como está ilustrado na figura 6.3. Outra característica que pode ser observada na figura abaixo, é o período longo de permanência dos frutos em deiscência nas copas, evidenciando que ciclos fenológicos distintos são apresentados ao mesmo tempo numa mesma árvore. Apesar do longo tempo de permanência dos craspédios, sementes não são mais encontradas nestes, já que as vagens secam e se abrem, expulsando o conteúdo interno rapidamente após maturação, sendo por isso classificados como frutos autocóricos.

Quanto à correlação de Spearman, foi possível relacionar a florada da bracatinga no ano de 2021 com as baixas temperaturas, o que reforça a importância da espécie em projetos de restauração, em função da promoção de recursos tróficos para insetos em períodos escassos destes.

Figura 7.3. Fenofases reprodutivas da bracatinga presentes simultaneamente em uma mesma árvore, no mês de julho de 2022, em Bom Retiro.



Com o passar das fenofases, as plantas atingiram notas inferiores em cada avaliação de intensidade, isso porque as estruturas reprodutivas ocupavam menor porcentagem da copa, e alguns indivíduos, apesar de terem florescido, não apresentaram frutos. Na localidade de Bom Retiro, verificou-se que a taxa de botões florais atingiu uma porcentagem significativamente mais elevada em comparação com a localidade de Urupema. No entanto, a formação de frutos foi menos intensa em Bom Retiro quando comparada com Urupema. É possível que a maior intensidade de botões florais em Bom Retiro tenha aumentado a probabilidade de cruzamentos entre indivíduos geneticamente diferentes, o que pode ter reduzido a endogamia nas progênes dessa população. Já em Urupema, a menor intensidade de botões florais pode ter reduzido a probabilidade de cruzamentos entre indivíduos geneticamente diferentes, aumentando a endogamia nas progênes.

De acordo com Rotta & Mendes (1990), a taxa de formação de frutos é de 10% para as flores de bracatinga. Dado a complexidade quanto aos estudos sobre a reprodução, e a escassez deste tipo de trabalho, não é possível ter certeza sobre as causas desta ausência de frutos. No entanto, razões provavelmente relacionadas são a alta relação de flores masculinas e hermafroditas (1:1) (ROTTA & MENDES, 1990), além das possibilidades de falha na polinização das flores; má formação de frutos (devido depressão por endogamia); ou aborto de embrião por incompatibilidade genética entre pólen e óvulo (NASCIMENTO, 2010). Estes últimos aspectos são coerentes com a existência de cruzamento misto, existência efetiva de cruzamento entre aparentados e presença de irmãos completos nas progênes (ver item 6.2.).

A fim de possibilitar máxima eficiência para coleta de sementes, pode-se afirmar que o momento ideal para coleta de sementes de bracatinga situa-se entre março e abril em Bom Retiro, e em Urupema entre abril e maio, momento onde maior número de árvores matrizes apresentaram frutos maduros (Figura 6.3.1), considerando a necessidade de um número representativo de matrizes, como já discutido.

Os resultados da correlação de Spearman (Tabela 6.3.4) foram semelhantes entre as populações de Bom Retiro e Urupema, e vão de acordo com resultados encontrados na literatura (CARPANEZZI, 1988; ROTTA & MENDES, 1990; SAIBERT, 2021) sobre a fenologia reprodutiva da bracatinga. Os autores mencionados relatam floração no inverno e frutificação no verão, apesar de nestes trabalhos não ter sido realizada correlação dos dados climáticos com as fenofases apresentadas. Ademais, apesar de fortes correlações encontradas, devido a avaliação fenológica ter sido realizada pelo período de um evento fenológico apenas, inferências para outros locais devem ser cautelosas.

A escassez de trabalhos que estudam os períodos fenológicos das plantas se deve ao tempo mínimo de um ano de avaliações para garantir resultados confiáveis, sendo ideal acompanhamento da fenologia por dois ou mais ciclos. Outras dificuldades são logísticas, como manter uma periodicidade regular das avaliações, já que muitas vezes são locais isolados com custos e esforços dispendiosos para deslocamento.

7.4 Estrutura populacional

Apesar das duas áreas estudadas possuírem históricos de uso diferentes, a densidade de bracatinga encontrada para adultos em Bom Retiro (146,4 ind/ha) e Urupema (157,1 ind/ha) foi semelhante, e reduzido quando comparado a avaliações demográficas em bracatingais e em florestas secundárias, realizadas por Steenbock et al. (2009). Os autores registraram 1.784 indivíduos adultos/ha em bracatingais e 325 indivíduos adultos/ha em floresta secundária na região de Floresta Ombrófila Mista. Em estudo realizado em bracatingais entre 4,5 a 18 anos, Carpanezi et al. (1988) identificaram de 2.636 a 509 plantas de bracatinga por hectare. Estes dados

evidenciam as discrepâncias de densidades de bracatinga entre formações florestais e bracatingais, caracterizando as áreas de estudo como florestas secundárias.

Apesar de densidades inferiores quando comparados com outros trabalhos, as populações estudadas têm densidade de indivíduos adultos suficiente para serem utilizadas como ACS. Esta afirmação é embasada no critério de coleta de utilizar espaçamento de 50 m entre matrizes, onde cada árvore ocupa uma área com raio mínimo de 25 m (1963 m² por matriz), totalizando 5 matrizes por hectare. Portanto, de acordo com estas estimativas podem ser encontradas 60 matrizes em Bom Retiro, onde a área com bracatingas é de 12 ha, enquanto em Urupema, onde a área é de 13 ha, espera-se encontrar 65 matrizes em potencial.

A distribuição diamétrica encontrada em ambos locais, se assemelha à uma distribuição normal, com assimetria para a direita. Este comportamento, comum em espécies pioneiras, sugere que a sucessão florestal da área está avançando. Isto ocorre porque a bracatinga é uma espécie heliófita, portanto, o sombreamento reduz a taxa de recrutamento da espécie. De acordo com Steenbock (2009), a alta taxa de mortalidade nos primeiros anos de vida, com significativa redução demográfica ao longo do tempo, é um comportamento esperado para populações de *M. scabrella* em fragmentos florestais. Em ambas populações avaliadas foram observados resquícios de supressão da vegetação, bem como da presença de bovinos, fatores que reduzem os índices de regeneração. Já a redução drástica da população após DAPs de 30 cm, corrobora com dados de que a mortalidade natural da bracatinga, que não atinge mais de 30 anos, chegando no máximo até 40 cm de DAP (CARPANEZZI, et al. 1988).

8. Conclusões

Critérios para seleção de ACS e coleta de sementes de bracatinga

O conhecimento de índices de diversidade juntamente ao conhecimento do sistema reprodutivo da bracatinga, permite afirmar que as populações de Bom Retiro e Urupema possuem parâmetros adequados para serem utilizados como ACS, principalmente dentro do contexto do projeto “Mais Araucárias”, cujas áreas que serão restauradas estão próximas das populações estudadas, aumentando as chances de adaptação dos genótipos na nova população. Estas áreas possuem 50 matrizes marcadas e com diversidade genética suficiente, desde que respeitados os valores de número de matrizes recomendado neste trabalho, de 60 para Bom Retiro e 54 para Urupema.

Outra informação relevante para estabelecimento de ACS, é a densidade de plantas adultas por hectare, que podem ser utilizadas como matrizes. Para as áreas estudadas, foram observadas densidades de adultos de 157 em Bom Retiro e 146 em Urupema em áreas com presença da espécie, indicando potencial de alta produção de sementes. Ou seja, considerando uma distância de 50 m entre matrizes, em Bom Retiro, onde a área com bracatingas é de 12 ha, podem ser utilizadas 60 matrizes, enquanto em Urupema, onde a área é de 13 ha, espera-se encontrar 65 matrizes em potencial.

Mesmo as populações estudadas sendo próximas, os ciclos fenológicos diferiram em cerca de um mês, sendo a população de Urupema tardia em relação à Bom Retiro. A maturação dos frutos, ocorreu entre dezembro e abril em ambas áreas, com maior frequência observada entre janeiro e fevereiro para Bom Retiro e março a abril para Urupema, sendo estes os períodos ideais para a coleta de sementes nesses locais.

9. Referências

ALMEIDA, F. V.; LOPES, M. T. G.; VALENTE, M. S. F.; BENTES, J. L.S. Diversidade genética entre e dentro de populações de *Cenostigma tocantinum* Ducke. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 43, n. 108, p. 753-762, 2015.

ATLÂNTICA, SOS Mata et al. Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica. Relatório Técnico, 2019.

BARÔNIO, G.J. et al. Plantas, polinizadores e algumas articulações da biologia da polinização com a teoria ecológica. **Rodriguésia**, v. 67, n. 2, p. 275-293, 2016.

BELTRAMI, LC de C. et al. Diferenciação morfológica das variedades botânicas de *Mimosa scabrella* Benth. 2007.

BRAMMER, S.P. Marcadores moleculares: princípios básicos e usos em programas de melhoramento genético vegetal. Passo Fundo: **Embrapa Trigo**, 2000.

BRASIL. Lei nº 10.711, de 5 de agosto de 2003. Institui o Sistema Nacional de Sementes e Mudanças e estabelece as normas para a produção, controle, certificação, fiscalização e comercialização de sementes e mudas de plantas. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 6 ago. 2003. Seção 1, p. 1.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. **Legislação brasileira sobre sementes e mudas**: Lei nº 10.711, de 05 de agosto de 2003 e Decreto nº 5.153, de 23 de julho de 2004. Brasília, DF, 2004. 121 p.

BROOKS, T. M., R. A. MITTERMEIER, C. G. MITTERMEIER, G. A. B. da FONSECA, A. B. RYLANDS, W. R. KONSTANT, P. FLICK, J. PILGRIM, S. OLDFIELD, G. MAGIN & C. HILTON-TAYLOR. 2002. Habitat loss and extinction in the hotspots of biodiversity. **Conservation Biology** 16(4): 909-923.

BROADHURST, Linda M. et al. Seed supply for broadscale restoration: maximizing evolutionary potential. **Evolutionary Applications**, v. 1, n. 4, p. 587-597, 2008.

CABALLERO, A.; RODRÍGUEZ-RAMILO, S. T.; ÁVILA, V.; FERNÁNDEZ, J. Management of genetic diversity on subdivided populations in conservation programmes. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 11, p. 409- 419, 2010.

CALVIN, G.P.; PIÑA-RODRIGUES, F.C.M. Fenologia e produção de sementes de *Euterpe edulis* Mart. em trecho de floresta de altitude o município de Miguel Pereira - RJ. **Revista da Universidade Rural**, v.25, n.1, p.22-40, 2005.

CARPANEZZI, A. A.; LAURENT, J.-ME. Manual técnico da bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth). **Embrapa Florestas-Documentos (INFOTECA-E)**, 1988.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo: EMBRAPA-CNPQ; Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994. 640p.

CARVALHO, P. E. R. **Bracatinga**. Circular Técnica, 59. Colombo, Paraná: Embrapa, 2002.

CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília: Embrapa, 2003. 1039p.

CASTELLA, P. R., BRITZ, R. M. **A floresta com araucária no Paraná: conservação e diagnóstico dos remanescentes florestais**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 2004.

CATHARINO, E. L. M.; CRESTANA, C. S. M. & KAGEYAMA, P. Y. Biologia floral da bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth). In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSTANCIAS NATIVAS, Campos do Jordão. **Silvicultura** em São Paulo, /6A: 525-31, 1982.

CDB, 2010. **Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity**. Decision X/2. The strategic plan for biodiversity 2011-2020 and the Aichi biodiversity targets.

CHAKRABORTY, R.; FUERST, P.A.; NEI, M. Statistical studies on protein polymorphism in natural populations: gene differentiation between populations. **Genetics** 88: 367-390. 1978

COATES, D. J.; SAMPSON, J. F.; YATES, C. J. Plant mating systems and assessing population persistence in fragmented landscapes. **Australian Journal of Botany**, v. 55, n. 3, p. 239-249, 2007.

COCKERHAM, C.C., 1969. Variance of gene frequencies. **Evolution** 23: 72-84.

COLE, C. T. 2003. Genetic variation in rare and common plants. *Annual Review of Ecology, Systematics and Evolution* 34: 213-237.

DALMASO, Cilmar Antonio et al. Estrutura florestal e serapilheira acumulada predizem a velocidade da dinâmica demográfica em florestas secundárias da Mata Atlântica. **Revista Ecologia e Nutrição Florestal-ENFLO**, v. 7, p. e09-e09, 2019.

DAVID, P. et al. Reliable selfing rate estimates from imperfect population genetic data. **Molecular ecology**, v. 16, n. 12, p. 2474-2487, 2007.

DE ARRUDA, G. O. S. F. et al. Genetic diversity of *Mimosa scabrella* Benth. in two populations located at landscapes with different historical. **Scientia Forestalis**, n. 124, p. 744-753, 2019.

DE ARRUDA, G. O. S. F. et al. Reproductive System *Mimosa Scabrella* In Consecutive Reproductive Events In The Catarinense Mountain Plateau. **Floresta**, v. 50, n. 2, p. 1259-1266, 2020.

DE FINA, A.L.; RAVELO, A.C. Fenologia. In: De Fina, A.L. e Ravelo, A.C. *Climatologia y Fenologia Agrícolas*, Buenos Aires, EUDEBA, p.201-209, 1973.

DEAN, W. A ferro e fogo: a história e a devastação da Mata Atlântica brasileira. In: **A ferro e fogo: a história e a devastação da Mata Atlântica brasileira**. 1996. p. 484-484.

FABROWSKI, F. J.; BOLZON DE MUÑIZ, G. I.; MAZZA, Maria Cristina M. Anatomia comparativa da madeira das variedades populares da bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth). **Embrapa Florestas**-Artigo em periódico indexado (ALICE), 2005.

FERREIRA, P. I. *Mimosa scabrella* Benth. (FABACEAE): **Fundamentos para o manejo e conservação**. 2015. 140f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Lages, SC.

FOURNIER, L.A. 1974. Un método cuantitativo para la medición de características fenológicas en árboles. **Turrialba**. 24: 422-423.

FOURNIER, L.A. 1976. Observaciones fenológicas en el bosque húmedo pré-montano de San Pedro de Montes Oca, Costa Rica. **Turrialba** 26:54-9.

FRANKEL, Otto Herzberg; FRANKEL, Otto; SOULÉ, Michael E. **Conservation and evolution**. CUP Archive, 1981.

FRANKHAM, Richard; BRADSHAW, Corey JA; BROOK, Barry W. Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. **Biological Conservation**, v. 170, p. 56-63, 2014.

FUTUYMA, D. J. 1998. **Evolutionary Biology**. 3 ed. New York: State University of New York. 763p.

GAIAD, S.; CARPANEZZI, A. A. Estudos sobre a associação simbiótica de Bracatinga (*Mimosa scabrella*) com bactérias fixadoras de nitrogênio (*Rhizobium* spp.). **Embrapa Florestas-Séries anteriores (INFOTECA-E)**, 1983.

GANDARA, F. B. Diversidade genética, taxa de cruzamento e estrutura espacial dos genótipos em uma população de *Cedrella fissilis* Vell.(Meliaceae). 1996. 69 p.

Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas.

GERBER, D. et al. **Utilização De Técnicas Nucleadoras E Avaliação No Desenvolvimento De Espécies Nativas Para Recuperação De Nascente Em Área Degradada Aplicando A Modelagem Matemática.** 2014.

GOODWILLIE, Carol; KALISZ, Susan; ECKERT, Christopher G. The evolutionary enigma of mixed mating systems in plants: occurrence, theoretical explanations, and empirical evidence. **Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.**, v. 36, p. 47-79, 2005.

HARTER-MARQUES, B.; ENGELS, W. A produção de sementes de *Mimosa scabrella* (MIMOSACEAE) no planalto das araucárias, RS, Brasil, depende da polinização por abelhas sem ferrão. Porto Alegre, **Biociências**, v. 11, n. 1, p. 9-16, 2003.

HIGA, A. R. & SILVA. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas.** Capítulo 1. FUPEF, 2006.

HIROTA, M. M. Monitoring the Brazilian Atlantic Forest cover. In Galindo-Leal C. & I. G. Câmara (eds.). **The Atlantic Forest of South America: biodiversity status, threats, and outlook.** p. 60-65. Center for Applied Biodiversity Science and Island Press. Washington, D.C, 2003.

IWAZAKI, Maísa de Carvalho. Frutos, sementes e plântulas de três espécies de *Mimosa* Linnaeus (Fabaceae: Mimosoideae): aspectos morfoanatômicos e considerações ecológico-filogenéticas. 2008.

JAMIESON, Ian G.; ALLENDORF, Fred W. How does the 50/500 rule apply to MVPs?. **Trends in ecology & evolution**, v. 27, n. 10, p. 578-584, 2012.

KAGEYAMA, Paulo Y.; GANDARA, Flávio Bertin; SOUZA, LMI de. Conseqüências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série técnica IPEF**, v. 12, n. 32, p. 65-70, 1998.

KEARNS & INOUE “Pollinators flowering plants and conservation biology”. **Bioscience** 47: 297-307, 1997.

KLEIN, R.M. Flora ilustrada catarinense: **Mapa fitogeográfico do Estado de Santa Catarina**. Itajaí, Herbário Barbosa Rodrigues. 1978.

KLEIN, R.M. Aspectos fitossociológicos da bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.), 1981. In: SEMINÁRIO SOBRE ATUALIDADES E PERSPECTIVAS FLORESTAIS, “Bracatinga uma opção para reflorestamento”. Curitiba, 1981. **Anais... Colombo**: EMBRAPA CNPF, p.145-148. 1981.

KRUSCHE, D.; GEBUREK, T. Conservation of forest gene resources as related to sample size. *Forest ecology and management*, v. 40, n. 1-2, p. 145-150, 1991.

LAURANCE, W.F.; LOVEJOY, T.E.; VASCONCELOS, H.L.; BRUNA, E.M.; DIRHAM, R.K.; STOUFFER, P.C.; GASCON, C.; BIERREGAARD, R.O.; LAURANCE, S.G. & SAMPAIO, E. Ecosystem decay of Amazonian forest fragments: a 22- years investigation. *Conservation Biology*, 6(3): 605-618. 2002.

LAUTERJUNG, Miguel Busarello et al. Genética de paisagens de espécies arbóreas no estado de Santa Catarina: implicações para a conservação. 2021.

LEIGHT, E.G. *Tropical forest ecology*. New York: Oxford University, 1999. 245p.

LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v.15, p. 65-95, 1984.

LUNA-NIEVES A.L.; MEAVE J.A; MORELLATO L.P.C.; IBARRA-MANRÍQUEZ G. Reproductive phenology of useful Seasonally Dry Tropical Forest trees: Guiding patterns for seed collection and plant propagation in nurseries. **For Ecol Manage** 393:52–62, 2017.

MANTOVANI, M. et al. Fenologia reprodutiva de espécies arbóreas em uma formação secundária da floresta atlântica. **Revista Árvore**, v. 27, n. 4, p. 451-458, 2003.

MARTINS, Paulo Sodero. Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação in situ. *IPEF*, v. 35, p. 71-78, 1987.

MARTINS, M. **Interação entre Tachardiella sp.(Homoptera) e Mimosa scabrella Benth.(Leguminosae) e a produção de mel de melato por Apis mellifera L.(Hymenoptera).** 2005.

MARTINS, L. & CAVARARO, R. **Manual técnico da vegetação brasileira: sistema fitogeográfico, inventário das formações florestais e campestres, técnicas e manejo de coleções botânicas, procedimentos para mapeamentos.** 2. ed. Rio de Janeiro: IBGE, 2012.

MAZUCHOWSKI, J. Z.; RECH, T. D.; TORESAN, L. Bracatinga, Mimosa scabrella Bentham: cultivo, manejo e usos da espécie. **Florianópolis: Epagri,** 2014.

MITTERMEIER, R. A. Robles-Gil P, Hoffmann M, Pilgrim J, Brooks T, Mittermeier CG, Lamoreux J, Fonseca GAB. 2004. **Hotspots revisited.** Mexico: CEMEX.

MITTERMEIER, Russell A. et al. Global biodiversity conservation: the critical role of hotspots. **Biodiversity hotspots: distribution and protection of conservation priority areas,** p. 3-22, 2011.

MEDEIROS, AC de S.; NOGUEIRA, A. C. Planejamento da coleta de sementes florestais nativas. **Embrapa Florestas-Circular Técnica (INFOTECA-E),** 2006.

MELLO, A. A. et al. Individual Biomass and Carbon Equations for Mimosa scabrella Benth. (Bracatinga) in Southern Brazil. **Silva Fennica,** Vantaa, v. 46, n. 3, p. 333- 343, 2012.

MOREIRA, P. A. et al. Genetic diversity and mating system of bracatinga (Mimosa scabrella) in a re-emergent agroforestry system in southern Brazil. **Agroforest Systems,** v. 83, p. 245-256, 2011.

MORELLATO, L. P. C.; LEITÃO-FILHO, H. F. Estratégias fenológicas de espécies arbóreas em floresta mesófila na Serra do Japi. **Revista Brasileira de Biologia,** v. 50, p. 163-173, 1990.

MORELLATO, L. P. C. As estações do ano na floresta. In: LEITÃO FILHO, H.F. E MORELLATO, L.P.C. (Orgs.). **Ecologia e preservação de uma floresta tropical urbana:** Reserva de Santa Genebra. Campinas: UNICAMP, 1995. p.187-192.

MORI, E. S. Genética de populações arbóreas: orientações básicas para seleção e marcação de matrizes. IF Série Registros. São Paulo: **Instituto Florestal**, n. 25, p. 35-44, 2003.

MYERS N., MITTERMEIER R.A., MITTERMEIER, C. G, da FONSECA, G.A.B., KENT, J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature** 403: 853–858.

NASCIMENTO, Aline Galdino do. Parâmetros genéticos obtidos por modelos mistos em progênies e procedências da *Mimosa scabrella* Bentham (bracatinga). 2010. **Tese de Doutorado**. Universidade de São Paulo.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America**, v.70, p.3321-3323, 1973.

NEI, Masatoshi; MARUYAMA, Takeo; CHAKRABORTY, Ranajit. The bottleneck effect and genetic variability in populations. **Evolution**, p. 1-10, 1975.

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

NOGUEIRA NETO, P. P. et al. Avaliação da estrutura diamétrica como critério para definição do estágio sucessional em lotes de assentamento rural no município de Anapu. 2016.

PASCUAL, J. O. **Cuatro décadas en la simbiosis *Rhizobium leguminosa*. Discurso leído en el acto de su recepción como académico numerario**. Academia de Ciencias Matemáticas, Físico-Químicas y Naturales de Granada, 2003.

PEDRONI, FERNANDO; SANCHEZ, MARYLAND; SANTOS, FLAVIO AM. Fenologia da copaíba (*Copaifera langsdorffii* Desf.--Leguminosae, Caesalpinioideae) em uma floresta semidecídua no sudeste do Brasil. **Brazilian Journal of Botany**, v. 25, p. 183-194, 2002.

POGGIANI, F. ZAMBERLAN, E.; MONTEIRO JUNIOR et al. Quantificação da deposição de folheto em talhões experimentais de Pinus taeda, Eucalyptus viminalis e Mimosa scabrella plantados numa área degradada pela mineração de xisto betuminoso. **IPEF**, Piracicaba, n. 37, p 21-29, 1987.

POPINIGIS, Flavio. **Fisiologia da semente**. Brasília: Agiplan, v. 2, 1985.

PRIMACK, R. B. A primer of conservation biology. Sunderland: Sinauer associates, 2004.

PULFORD, I.D. & WATSON, C. Phytoremediation of heavy metalcontaminated land by trees—a review. **Environment International**, v. 29, p. 529–540, 2003.

PANDOLFO, C.; BRAGA, H.J.; SILVA JÚNIOR, V.P.; MASSIGNAN, A.M.; PEREIRA, E.S.; THOMÉ, V.M.R; VALCI, F.V. Atlas climatológico do Estado de Santa Catarina. Florianópolis: Epagri, 2002. CD-ROM.

REGENSBURGER, B. **Recuperação de áreas degradadas pela mineração de argila através da regularização topográfica, da adição de insumos e serrapilheira, e de atratores da fauna**. 2004. 99p. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2004.

REGENSBURGER, B.; COMIN, J. J.; AUMOND, J. J. Integração de técnicas de solo, plantas e animais para recuperar áreas degradadas. **Ciência Rural**, v.38, n.6, p.1773-1776, 2008.

REIS, A.; KAGEYAMA, P. Y. Restauração de áreas degradadas utilizando interações interespecíficas. In: KAGEYAMA, P. Y.; OLIVEIRA, R. E.; MORAES, L. F. D.; ENGEL, V. L.; GANDARA, F. B. (Org.). Restauração ecológica de ecossistemas naturais. Botucatu: **Fundação de Estudos e Pesquisas Agrícolas e Florestais**, p. 91-110. 2003.

RIBEIRO, M. C., J. P. METZGER, A. C. MARTENSEN, F. J. PONZONI, and M. M. HIROTA. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining

forest distributed? Implications for conservation. **Biological Conservation** 142(6):1141–1153. 2009.

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using n independent loci. **Heredity**, v. 47, n. 1, p. 32–52, 1981.

RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using independent loci. **Heredity** 72:86–94 2002.

PLÁCIDO, Alexandra Consuelo et al. A distribuição diamétrica para bracatingais em diferentes idades, sítios e densidades na região metropolitana de Curitiba. **Floresta**, v. 34, n. 3, 2004.

ROTTA, E., & de OLIVEIRA, Y. M. M. **Área de distribuição natural da bracatinga (Mimosa scabrella)**. In *Embrapa Florestas-Artigo em anais de congresso (ALICE)*. In: SEMINÁRIO SOBRE ATUALIDADES E PERSPECTIVAS FLORESTAIS, 4., 1981, Curitiba. Bracatinga uma alternativa para reflorestamento: anais. Curitiba: EMBRAPA-URPFCS, 1981. p. 1-23.

ROTTA, E. & MENDES, E.M. **Fenologia da floração e frutificação da bracatinga**. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6., Campos do Jordão, 1990. **Anais**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1990. v.3, p.83. Silvicultura, n.42, 1990.

SAIBERT, Elenice Becker. Taxonomia, herborização e análise fenológica de espécies lenhosas em um fragmento de floresta ombrófila mista aluvial em Guarapuava-Pr. 2021.

SANTOS, I. A. DOS et al. Quando um visitante floral é um polinizador? **Rodriguésia**, v. 67, n. 2, p. 295-307, 2016.

SANTOS, Leandro Duarte et al. DINÂMICA DO DESMATAMENTO DA MATA ATLÂNTICA: CAUSAS E CONSEQUÊNCIAS. **Revista Gestão & Sustentabilidade Ambiental**, v. 9, n. 3, p. 378-402, 2020.

SATO, A. J. et al. Fenologia e demanda térmica das videiras Isabel e Rubea sobre diferentes porta-enxertos na região norte do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 29, n. 2, p. 283-292, 2008.

SEBBENN, Alexandre Magno et al. Sistema de cruzamento em populações de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze.: implicações para a conservação e o melhoramento genético. **Scientia Forestalis, Piracicaba**, v. 58, p. 25-40, 2000.

SEBBENN A. M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Rev do Inst Florest** 14:115–132, 2002.

SEBBENN, A.M.; SEOANE, C.E.S. Estimativa de tamanho efetivo de endogamia usando marcadores genéticos. **Revista Árvore**, Viçosa, v.29, p.1-17, 2005.

SEBBENN, A. M. Sistemas de Reprodução em Espécies Tropicais e suas Implicações para a Seleção de Árvores Matrizes para Reflorestamentos Ambientais In: HIGA, A. R. & SILVA. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Capítulo 5. FUPEF, 2006.

SHAFFER, Mark L. Minimum population sizes for species conservation. **BioScience**, v. 31, n. 2, p. 131-134, 1981.

SILVA, E. P. da et al. **Caracterização de bactérias associativas da bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.) e potencial aplicação em áreas de mineração de carvão em recuperação**. 2020.

SHIMIZU, J. Y., JAEGER, P., & SOPCQHAKI, S. A. Variabilidade genética em uma população remanescente de araucária no Parque Nacional do Iguazu, Brasil. **Embrapa Florestas**-Artigo em periódico indexado (ALICE). 2000.

SOBIERAJSKI, G. da R.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em nove populações de *Mimosa scabrella* Bentham (Leguminosaceae). **Revista Scientia Forestalis**, v. 71, p. 37-49, 2006.

STEENBOCK, Walter et al. Ocorrência da bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.) em bracatingais manejados e em florestas secundárias na região do planalto catarinense. **Revista Árvore**, v. 35, n. 4, p. 845-857, 2011.

STEPHENSON, A. G. Flower and fruit abortion: proximate causes and ultimate functions. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 12, p. 253-279, 1981.

STOFFEL, S. et al. Eficiência de nodulação e fixação de nitrogênio por rizóbios em leguminosas arbóreas de interesse para revegetação de áreas degradadas pela atividade de mineração de carvão em Criciúma, SC. **Congresso Brasileiro de Ciência do Solo**, 2013.

THOMAS, W. W., A. M. V. CARVALHO, A. M. A. AMORIM, J. GARRISON & A. L. Arbeláez. Plant endemism in two forests in southern Bahia, Brazil. **Biodiversity and Conservation** 7: 311-322. 1998.

TORGLER, M. G. F. **Variabilidade Genética em Plantas**. Série monografias. n.1. Isoenzimas. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 1995.

TURCHETTO, Caroline et al. **Marcadores genéticos baseados em DNA. Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Cap. 1, p. 12-20, 2017.

VIBRANS, Alexander Christian et al. MonitoraSC: um novo mapa de cobertura florestal e uso da terra de Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**, v. 34, n. 2, p. 42-48, 2021.

VIBRANS et al. **Extensão original e remanescentes da Floresta Ombrófila Mista em Santa Catarina**. In: Vibrans, A.C.; Sevegnani, L.; Gasper, A.L. de; Lingner, D.V. (eds.). Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina, Vol. III, Floresta Ombrófila Mista. Blumenau. Edifurb. 2013.

VIEIRA, Everton et al. Delimitação geográfica da IG do mel de melato de bracatinga do Planalto Sul Brasileiro. *Research, Society and Development*, v. 10, n. 16, p. e471101623971-e471101623971, 2021.

WALDVOGEL, Ann-Marie et al. Evolutionary genomics can improve prediction of species' responses to climate change. *Evolution Letters*, v. 4, n. 1, p. 4-18, 2020.

WEIR, Bruce S. et al. *Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data*. Sinauer Associates, **Inc. Publishers**, 1990.

WRIGHT, S. 1943. Isolation by distance. **Genetics** (28): 114-138.

WRIGHT, S. 1946. Isolation by distance under diverse systems of mating. **Genetics** (31): 39-59.

ZUCCHI, M. I. **Análise da estrutura genética de *Eugenia dysenterica* DC utilizando marcadores RAPD e SSR**. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo. 2002.