



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

Ana Clara Alves Farias

Diversidade genética em mudas de palmiteiro (*Euterpe edulis* Martius) em viveiros de Santa Catarina

Florianópolis

2025

Ana Clara Alves Farias

Diversidade genética em mudas de palmiteiro (*Euterpe edulis* Martius) em viveiros de Santa Catarina

Trabalho de Conclusão de Curso submetido ao curso de Graduação em Agronomia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina como requisito parcial para a obtenção do título de Bacharela em Agronomia.

Orientador(a): Prof. Dr. Tiago Montagna

Florianópolis

2025

À minha avó Diva e ao meu avô Armando
por despertarem o meu olhar pela
natureza e inspirarem o meu caminho na
Agronomia.

Fomos nos alienando desse organismo de que somos parte, a terra, e passamos a pensar que ele é uma coisa e nós, outra: a terra e a humanidade.

(Ailton Krenak)

RESUMO

O bioma Mata Atlântica (MA) é considerado um *hotspot* devido ao alto grau de endemismo e intensa perda da cobertura vegetal durante a expansão agrícola e urbana. Assim, inúmeras iniciativas para a restauração da MA têm sido propostas, como o Pacto pela Restauração da Mata Atlântica. Para atender a demanda dos crescentes projetos de restauração é necessário a produção de mudas de qualidade, sendo a diversidade genética um fator de extrema importância para a garantia do sucesso da restauração a longo prazo. *Euterpe edulis* é uma espécie de palmeira nativa da MA considerada facilitadora do processo de restauração por desempenhar diversos serviços ecossistêmicos. Nesse sentido, o presente estudo tem o objetivo de relacionar as práticas de coleta de sementes de viveiros no estado de Santa Catarina com a diversidade genética de mudas de *E. edulis* produzidas. A análise da diversidade genética foi realizada através de marcadores moleculares microssatélites. Os índices de heterozigosidade esperada, bem como o número de alelos efetivos, foram altos para todas as populações analisadas, corroborando com o encontrado em fragmentos florestais. No entanto, os altos índices de fixação e elevada quantidade de homozigotos sugerem que as práticas de coleta de sementes são inadequadas ou que as sementes são provenientes de fragmentos com altos índices de endogamia, possivelmente decorrente da intensa fragmentação da Mata Atlântica. O índice F_{st} indicou uma baixa diferenciação entre as populações, indicando uma homogeneização genética entre a produção dos viveiros, o que restringe o *pool gênico*, e conseqüentemente, diminui o potencial adaptativo das populações restauradas. Uma possível solução para essa problemática é a definição de Áreas de Coleta de Sementes levando em consideração parâmetros genéticos, fenológicos e demográficos a fim de proporcionar a diversidade genética necessária para a resiliência das populações restauradas.

Palavras-chave: coleta de sementes; restauração ecológica; Mata Atlântica.

ABSTRACT

The Atlantic Forest biome is considered a biodiversity hotspot due to its high degree of endemism and the severe loss of native vegetation caused by agricultural and urban expansion. Consequently, numerous initiatives for its restoration have been proposed, such as the Atlantic Forest Restoration Pact. To meet the increasing demand from restoration projects, the production of high-quality seedlings is essential, with genetic diversity being a key factor to ensure long-term restoration success. *Euterpe edulis* is a native palm species from the Atlantic Forest recognized as a facilitator of the restoration process due to its multiple ecosystem services. In this context, the present study aimed to relate seed collection practices adopted by nurseries in the state of Santa Catarina to the genetic diversity of the *E. edulis* seedlings produced. Genetic diversity was analyzed using microsatellite molecular markers. The expected heterozygosity and the effective number of alleles were high across all analyzed populations, corroborating findings from forest fragment studies. However, the high fixation indices and increased proportion of homozygotes suggest inadequate seed collection practices or that seeds originate from fragments with high inbreeding levels, probably resulting from the intense fragmentation of the Atlantic Forest. The F_{st} index indicated low differentiation among populations, revealing genetic homogenization among nurseries, which restricts the gene pool and consequently reduces the adaptive potential of restored populations. A potential solution to this issue is the establishment of Seed Collection Areas, considering genetic, phenological, and demographic parameters to provide the genetic diversity necessary for the resilience of restored populations.

Keywords: seed collection; ecological restoration; Atlantic Forest.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Viveiros selecionados para a coleta de amostras foliares de *E. edulis*, mostrando o limite da Floresta Ombrófila Densa de acordo com Klein (1978)..... 17
- Figura 2. Gel de agarose 3% do marcador 52..... 19

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1. Índices de diversidade genética de *E. edulis* nos viveiros amostrados, em que \hat{A} = N° de alelos ; \hat{A}_e = N° efetivo de alelos ; \hat{H}_e = heterozigosidade esperada; \hat{H}_o = heterozigosidade observada; f = índice de fixação; AE = n° de alelos exclusivos; Matriz = n° de indivíduos utilizados para a coleta de sementes;..... 20
- Tabela 2. Correlação entre os índices de diversidade e o n° de matrizes coletadas. 21

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

| | |
|-------------|---|
| \hat{A} | Número médio de alelos por locus |
| AE | Alelos exclusivos |
| \hat{A}_e | Número efetivo de alelos por locus |
| ACS | Área de Coleta de Sementes |
| APS | Área de Produção de Sementes |
| BSA | Albumina do Soro Bovino |
| CIA | Clorofórmio-álcool-isoamílico |
| CTAB | Brometo de Cetiltrimetilamônio |
| DNA | Ácido Desoxirribonucleico |
| dNTP | Desoxinucleotídeos Trifosfato |
| f | Índice de fixação |
| FOD | Floresta Ombrófila Densa |
| Fst | Índice de diferenciação populacional |
| GenAIEx | Genetic Analysis in Excel |
| \hat{H}_e | Heterozigosidade esperada no Equilíbrio de Hardy-Weinberg |
| \hat{H}_o | Heterozigosidade observada |
| IFFSC | Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina |
| MA | Mata Atlântica |
| pb | Pares de base |
| PCR | Reação em Cadeia da Polimerase |
| PVP | Polivinilpirrolidona |
| RFNM | Recurso Florestal não Madeireiro |
| RNAse | Ribonuclease |
| SSR | Repetições de Sequência Única |
| TBE | Tampão Tris-borato-EDTA |

SUMÁRIO

| | |
|--|-----------|
| 1 INTRODUÇÃO | 11 |
| 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA | 12 |
| 2.1 Mata Atlântica | 12 |
| 2.2 Diversidade genética e restauração | 13 |
| 2.3 Euterpe edulis | 14 |
| 3 OBJETIVOS | 15 |
| 3.1 Objetivo geral | 15 |
| 3.2 Objetivo específico | 15 |
| 4 QUESTÃO DIRECIONADORA | 16 |
| 5 MATERIAL E MÉTODOS | 16 |
| 5.1 Mapeamento dos viveiros | 16 |
| 5.2 Extração de DNA e PCR | 17 |
| 5.3 Caracterização da diversidade genética | 19 |
| 6 RESULTADOS E DISCUSSÕES | 19 |
| 7 CONCLUSÕES | 23 |

1 INTRODUÇÃO

O intenso desmatamento provocado pela expansão agrícola e urbana reduziu a Mata Atlântica (MA) a aproximadamente 22,9% de sua cobertura original, sendo a maior parte dos remanescentes fragmentos menores do que 50 ha (Vancine *et al.*, 2024). A fragmentação é uma das principais causas da perda de biodiversidade, mudanças nos processos ecológicos (Haddad *et al.*, 2015) e alterações nos parâmetros genéticos das populações (Lino *et al.*, 2019). Somado a isso, a MA é o bioma com um dos maiores números de espécies botânicas conhecidas, apresentando 45% de endemismo para a flora arbórea (De Lima *et al.*, 2020).

Por ter perdido a maior parte de sua cobertura original e possuir alto grau de endemismo, a Mata Atlântica é considerada um *hotspot*, sendo uma área prioritária para a restauração ecológica (Mittermeier *et al.*, 2011; Myers *et al.*, 2000). Nesse contexto, surgem iniciativas como o Pacto pela Restauração da Mata Atlântica que pretende restaurar 15 milhões de hectares do bioma até 2050 (Rosa *et al.*, 2021). Para isso, é necessário a obtenção de propágulos de qualidade e em quantidade suficiente.

A diversidade genética é um fator de suma importância para a resiliência das populações restauradas, garantindo o potencial evolutivo e mantendo-as a longo prazo (Kardos *et al.*, 2021; Kettenring *et al.*, 2014). A baixa diversidade pode gerar fenômenos de erosão genética, fazendo com que as populações se tornem mais suscetíveis aos estresses ambientais (Bijlsma; Loeschcke, 2012). Assim, a coleta de sementes de espécies florestais para a produção de mudas deve seguir parâmetros, como distância mínima entre matrizes e número mínimo de matrizes, a fim de garantir a diversidade genética necessária para a manutenção das populações restauradas ao longo do tempo (Montagna *et al.*, 2018; Sebbenn, 2002).

No entanto, o alto grau de fragmentação da MA e consequente baixa diversidade genética desses remanescentes reduz o número de locais apropriados para a coleta de sementes (Jalonen *et al.*, 2018). Assim, a oferta de sementes nativas pode não ser suficiente para suprir a demanda dos crescentes projetos de restauração (Pedrini *et al.*, 2020). Portanto, faz-se necessário o estabelecimento de áreas apropriadas para a coleta de sementes (Zinnen *et al.*, 2021).

Euterpe edulis, conhecido popularmente como juçara, içara ou palmitreiro, é uma espécie de palmeira nativa da MA que apresenta grande frequência e

densidade nas formações secundárias da Floresta Ombrófila Densa (FOD) (Carvalho, 2003). Embora seja uma espécie abundante em áreas de floresta bem preservada, a exploração predatória do palmito tornou-a ameaçada de extinção (Martinelli, 2013), comprometendo a estrutura demográfica necessária para a regeneração natural da espécie (Dos Reis *et al.*, 2000). *E. edulis* é uma espécie facilitadora do processo de restauração ecológica por desempenhar diversos serviços ecossistêmicos. As inflorescências e os frutos da palmeira são um importante recurso para o ecossistema, atraindo a fauna polinizadora e dispersora, auxiliando, assim, no processo de restauração de florestas secundárias (Silva; Reis, 2019). Além disso, o fruto tem se estabelecido como um importante recurso florestal não madeireiro (RFNM) utilizado para a produção de uma polpa semelhante ao açaí amazônico, possuindo grande potencial como incremento de renda para agricultores familiares (Trevisan *et al.*, 2015).

Portanto, o presente estudo justifica-se pela necessidade de caracterizar a diversidade genética de mudas de *E. edulis* produzidas por viveiros no estado de Santa Catarina e associá-la às práticas de coleta de sementes.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Mata Atlântica

O território da Mata Atlântica abrange 17 estados brasileiros, além de parte do Paraguai e da Argentina, cobrindo, originalmente, 1,1 milhão de km² (IBGE, 2019). As fitofisionomias da MA compreendem as formações florestais e os ecossistemas associados a ela, sendo floresta ombrófila densa, floresta ombrófila mista, floresta estacional semidecidual, floresta estacional decidual, restinga, manguezal, campos de altitude, brejos interioranos e encaves florestais do nordeste (Brasil, 2006). O bioma é a floresta tropical com um dos maiores números de espécies botânicas conhecidas, apresentando 45% de endemismo para a flora arbórea (De Lima *et al.*, 2020).

O histórico de desmatamento da Mata Atlântica iniciou-se com a expansão agrícola e perdura até os dias atuais com a crescente expansão urbana (Joly; Metzger; Tabarelli, 2014). As maiores cidades brasileiras, como Rio de Janeiro, São Paulo e Belo Horizonte, estão inseridas no bioma que abriga cerca de 125 milhões de pessoas (Joly; Metzger; Tabarelli, 2014). Assim, a cobertura do bioma sofreu uma

redução significativa, restando apenas 22,9% que está distribuída em fragmentos menores do que 50 ha (Vancine *et al.*, 2024).

Por ser um *hotspot* de diversidade altamente fragmentado, é uma área prioritária para a restauração ecológica (Mittermeier *et al.*, 2011; Myers *et al.*, 2000). Para isso, é fundamental o conhecimento da extensão, estrutura e composição florística da Mata Atlântica, sendo Santa Catarina um dos estados que mais desenvolveu estudos sobre sua cobertura florestal (Vibrans *et al.*, 2010). A flora catarinense foi amplamente estudada na década de 1950 com o padre Raulino Reitz e, mais recentemente, com o Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina (IFFSC). O IFFSC consistiu no levantamento da estrutura e composição florística, na caracterização genética das populações ameaçadas e na criação de um sistema de informações florestais georreferenciadas (Vibrans *et al.*, 2010).

Além disso, nas últimas décadas o Brasil implementou importantes legislações ambientais, como a lei Nº 9.985/2000 que criou o Sistema Nacional de Unidades de Conservação e a lei Nº 12.651/2012 que estabeleceu o novo Código Florestal (Mohebalian *et al.*, 2022). Essas legislações contribuíram para a estabilização da cobertura vegetal da MA e o aumento do número de fragmentos após o ano de 2005 (Vancine *et al.*, 2024).

2.2 Diversidade genética e restauração

A restauração ecológica pode ser executada através de técnicas passivas ou ativas. A restauração passiva é a regeneração natural de áreas degradadas após a interrupção do uso econômico do solo sem que haja intervenção humana (Aronson; Durigan; Brancalion, 2011). Já a restauração ativa consiste na aplicação de técnicas como a introdução de propágulos, controle de espécies invasoras e adubação (Aronson; Durigan; Brancalion, 2011). A escolha da técnica mais eficiente depende de fatores relacionados à área a ser restaurada, como as condições abióticas do local, intensidade e tipo de distúrbio sofrido, interações bióticas e a matriz da paisagem (Prach *et al.*, 2020). Sendo assim, em locais com longo histórico de degradação a restauração ativa pode ser mais eficiente (Meli *et al.*, 2017).

Para isso, é importante conhecer a origem dos propágulos utilizados, uma vez que a diversidade genética é um aspecto determinante para a garantia do potencial evolutivo das populações, permitindo que se mantenham ao longo do tempo (Kardos *et al.*, 2021). Populações com baixa diversidade genética e elevada quantidade de

indivíduos aparentados podem sofrer com a depressão por endogamia que reduz a fertilidade, sobrevivência e reprodução da progênie (Hedrick; Garcia-Dorado, 2016). Além disso, pode ocorrer a deriva genética que ocasiona a perda e fixação de alelos e, também, o aumento da homozigose (Bijlsma; Loeschcke, 2012). No atual cenário de mudanças climáticas, esses fenômenos de erosão genética fazem com que as populações sejam mais suscetíveis aos estresses ambientais (Bijlsma; Loeschcke, 2012).

Dessa forma, a coleta de sementes de espécies nativas para a produção de mudas para a restauração de áreas degradadas deve assegurar diversidade genética nas populações a serem estabelecidas, para tanto deve-se levar em consideração fatores como a quantidade de matrizes e a distância entre elas (Montagna *et al.*, 2018; Sebbenn, 2002). No entanto, a elevada fragmentação da Mata Atlântica aliada a baixa diversidade genética desses pequenos fragmentos diminui a quantidade de áreas apropriadas para a coleta de sementes (Jalonen *et al.*, 2018). Como consequência, a quantidade de sementes nativas de qualidade não é suficiente para atender a necessidade das áreas que precisam ser restauradas (Pedrini *et al.*, 2020).

Uma solução para essa problemática é a definição de Áreas de coleta de sementes (ACS) e de Áreas de produção de sementes (APS) (Zinnen *et al.*, 2021). No Brasil, as APS e as ACS são regulamentadas pelo decreto Nº 10.586/2020 e podem ser definidas como uma área demarcada, isolada contra pólen externo e com matrizes selecionadas, devendo ser especificado o critério de seleção.

2.3 *Euterpe edulis*

O palmito-juçara (*Euterpe edulis* Martius) é uma espécie clímax da Mata Atlântica que apresenta grande frequência e densidade nas formações secundárias da Floresta Ombrófila Densa (Carvalho, 2003). A floração da espécie ocorre de outubro a março e a frutificação de março a dezembro, ficando disponível para a fauna durante 10 meses do ano (Silva; Reis, 2018). A polinização é realizada principalmente por insetos e a dispersão dos frutos e das sementes é autocórica e zoocórica, sendo dispersos por mamíferos, répteis e aves (Carvalho, 2003). A espécie está distribuída ao longo da costa brasileira, desde o Rio Grande do Norte até o Rio Grande do Sul, além de ocorrer na província de Misiones na Argentina e no Alto Paraná no Paraguai (Henderson, 2000).

Por possuir inflorescência protândrica, a reprodução de *E. edulis* é majoritariamente cruzada, caracterizando-a como uma espécie alógama (Dos Reis *et al.*, 2000). Estudos em fragmentos florestais da Mata Atlântica indicam que, apesar do alto grau de fragmentação do bioma, as populações naturais de *E. edulis* apresentam alta diversidade genética (*He*) (Conte *et al.*, 2008; Da Silva Carvalho *et al.*, 2015; Gaiotto, 2003a; Pereira *et al.*, 2022).

A espécie que um dia foi considerada abundante se tornou ameaçada de extinção devido a exploração predatória do palmito (Martinelli, 2013). O palmito está localizado no meristema apical e, como se trata de uma palmeira de estipe única, a extração ocasiona a morte dos indivíduos (Dos Reis *et al.*, 2000). Estimativas indicam que apenas uma indústria de Brusque/SC comercializou cerca de 1.135.523 kg de palmito em 1964 (Reitz, 1974). O intenso extrativismo pode ocasionar erosão genética em populações devido a grande diminuição do número de indivíduos, comprometendo a estrutura demográfica necessária para a regeneração natural da espécie (Dos Reis *et al.*, 2000), além de alterar a dinâmica de regeneração da MA, especialmente em florestas perturbadas (Muler *et al.*, 2014).

E. edulis desempenha funções ecológicas pela atração de dispersores e polinizadores, atuando como uma espécie facilitadora do processo de restauração de florestas secundárias (Silva; Reis, 2019). Os frutos e a inflorescências do palmito são importantes recursos para o ecossistema, ficando disponível para a fauna durante a maior parte do ano (Silva; Reis, 2018). Além disso, o fruto tem potencial para ser uma fonte de renda alternativa para pequenos agricultores, através da produção de uma polpa semelhante ao açaí amazônico (Trevisan *et al.*, 2015).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Relacionar as práticas de coleta de sementes de viveiros no estado de Santa Catarina com a diversidade genética de mudas de *E. edulis* produzidas.

3.2 Objetivo específico

- Caracterizar a diversidade genética de mudas de *E. edulis*.
- Quantificar o número de matrizes utilizadas para a produção de mudas de *E. edulis*.

4 QUESTÃO DIRECIONADORA

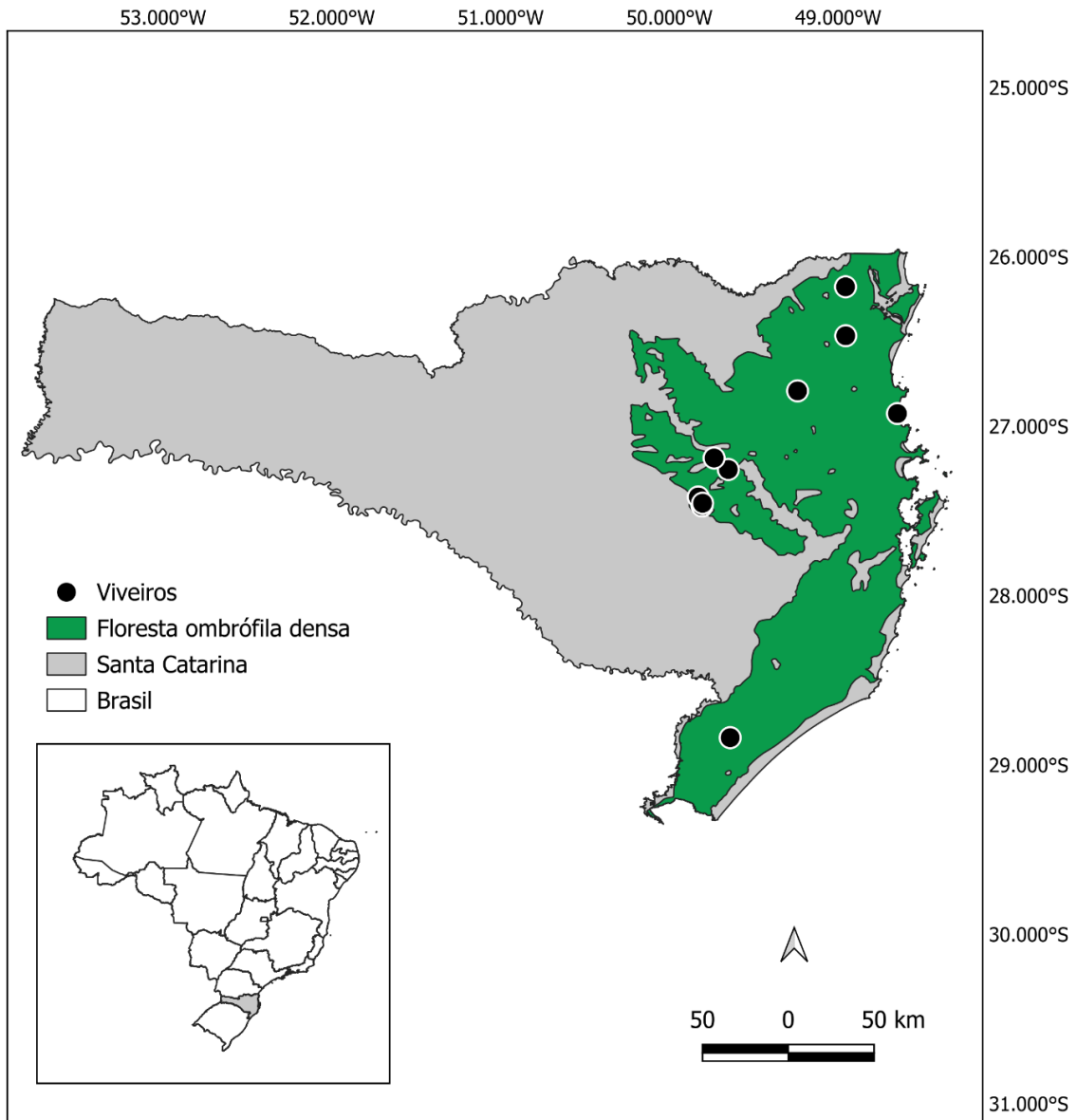
As práticas de coleta de sementes realizadas pelos viveiristas no estado de Santa Catarina são capazes de garantir a manutenção da diversidade genética das populações restauradas de *E. edulis*?

5 MATERIAL E MÉTODOS

5.1 Mapeamento dos viveiros

O mapeamento de viveiros de produção de mudas de *E. edulis* no estado de Santa Catarina foi realizado através do Registro Nacional de Sementes e Mudas (Renasem). Após a consulta aos dados, foram selecionados 10 viveiros (Figura 1) para a coleta de material vegetal para a caracterização da diversidade genética. Durante a visita, os viveiristas foram questionados a respeito do número de matrizes utilizadas na coleta de sementes para a produção das mudas de *E. edulis*. Os viveiros estão localizados nos municípios de Turvo, Itajaí, Guaramirim, Joinville, Timbó, Atalanta, Rio do Sul, Laurentino e Agrolândia.

Figura 1. Viveiros selecionados para a coleta de amostras foliares de *E. edulis*, mostrando o limite da Floresta Ombrófila Densa de acordo com Klein (1978).



5.2 Extração de DNA e PCR

Foram coletadas amostras foliares de 30 indivíduos de *E. edulis* em cada um dos 10 viveiros para a caracterização da diversidade genética. As amostras foram acondicionadas em Eppendorfs de 2 ml contendo solução aquosa PVP 1% e mantidas refrigeradas até o isolamento do DNA. O isolamento de DNA foi realizado utilizando o método CTAB 2% (Doyle; Doyle, 1990), com a realização de duas lavagens com clorofórmio-álcool-isoamílico (CIA) e adição de proteinase-K e RNase. Após o isolamento, o DNA foi eluído em 50 μ L de água ultrapura para posterior

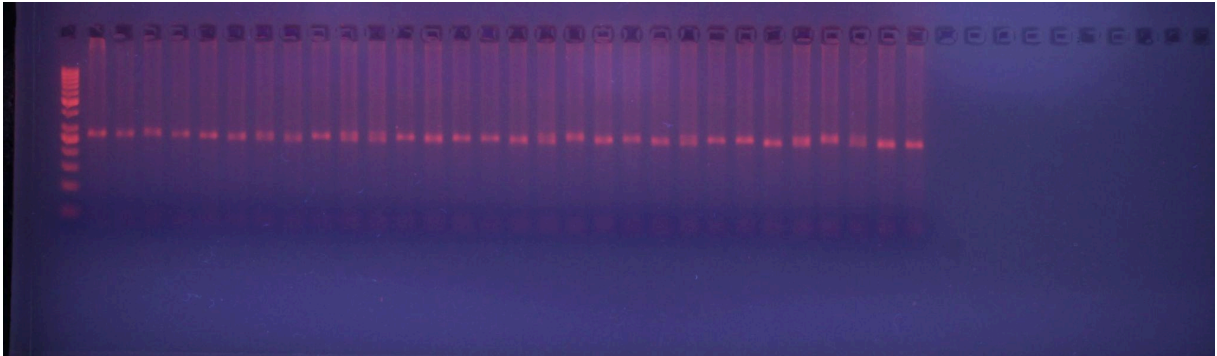
quantificação e aferição da qualidade em NanoDrop 1000® com base nas razões de absorbância 260/280 e 260/230.

Para a caracterização da diversidade genética foram utilizados sete marcadores moleculares microssatélites (SSR) desenvolvidos para *E. edulis* (Gaiotto; Brondani; Grattapaglia, 2001). O DNA utilizado para a PCR foi diluído para a concentração de 100 ug/ml. A PCR foi feita em placas de 0,2 mL com o volume total de 15 µL, sendo 12 µL de master mix de PCR e 3 µL de DNA. O master mix de PCR é composto por: 4,29 µL de água de injeção, 1,26 µL de albumina do soro bovino (BSA) na concentração de 2.5 µg/µL, 1,58 µL de solução tampão 10x, 0,80 µL de MgCl₂ 50 µmol, 0,95 µL de solução de dNTPs 2,5 µmol, 0,40 µL de primer forward 10 pmol, 1,26 µL de primer reverse 10 pmol, 1,26 µL de primer fluorescente M13 10 pmol e 0,20 µL de Taq-DNA-polimerase 2 uni/µL.

As etapas de desnaturação, anelamento e extensão da PCR foram feitas no termociclador com a seguinte programação: estágio inicial de desnaturação a 94°C por 5 minutos, estágio 2 composto de 32 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento dos primers a 56°C por 45 segundos e extensão a 72 °C por 45 segundos, estágio 3 com 8 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento a 53°C por 45 segundos e extensão a 72°C por 45 segundos e o estágio 4 de extensão a 72°C durante 10 minutos.

Os produtos das PCRs foram submetidos à eletroforese horizontal em cuba com solução tampão TBE 1X, com voltagem de 100 em gel de agarose 3% (Figura 2). Um ladder de 50 pb foi utilizado para posterior interpretação dos alelos utilizando o programa GelAnalyzer 23.1.1 (disponível em www.gelanalyzer.com) por Istvan Lazar Jr., PhD e Istvan Lazar Sr., PhD, CSc. Os dados obtidos foram verificados no programa Microchecker 2.2.3 (Van Oosterhout *et al.*, 2004) para a checagem de alelos nulos nos marcadores moleculares utilizados.

Figura 2. Gel de agarose 3% do marcador 52.



5.3 Caracterização da diversidade genética

A diversidade genética foi calculada por meio dos seguintes índices: número médio de alelos por locus (\hat{A}), número efetivo de alelos por locus (\hat{A}_e), heterozigosidade observada (\hat{H}_o), heterozigosidade esperada no Equilíbrio de Hardy-Weinberg (\hat{H}_e) e índice de fixação (f). Além disso, estimou-se a estatística F_{st} de Wright (Wright, 1951) e o número de alelos exclusivos (AE). Os índices foram calculados com o auxílio do programa GenAlEx 6.5 *software* (Peakall; Smouse, 2012). Para avaliar a relação entre os índices de diversidade genética e as práticas de coleta de sementes dos viveiros foi calculado o coeficiente de correlação de Pearson com o auxílio do *software* Microsoft Excel.

6 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os sete *loci* utilizados para a caracterização dos índices de diversidade genética apresentaram de 13 a 16 alelos por *locus* (\hat{A}), sendo a amostra 4 a com menor valor e a amostra 6 a com maior valor. Em relação ao número efetivo de alelos por *loci* (\hat{A}_e), o valor variou de 7 a 11 alelos. Os índices médios de heterozigosidade esperada e observada foram de 0,891 e 0,107, respectivamente. Para todas as amostras a heterozigosidade esperada (\hat{H}_e) foi maior que a heterozigosidade observada (\hat{H}_o), resultando em altos índices de fixação (f) que variaram de 0,727 a 0,962, com média de 0,881 (Tabela 1). Essa diferença também indica um excesso de homozigotos nas amostras analisadas .

Foram encontrados um total de 54 alelos exclusivos (AE), sendo a amostra 10 com a maior quantidade, apresentando 19 alelos exclusivos, e a amostra 9 com a menor quantidade, apresentando 2 alelos exclusivos (Tabela 1). O índice F_{st} foi de

0,037, indicando que há uma baixa diferenciação de 3,7% entre as amostras analisadas.

O número de matrizes utilizadas para a coleta de sementes variou de 5 até 50. O viveirista não soube informar de quantas matrizes eram coletadas as sementes para a produção de mudas de *E. edulis* que dão origem à amostra 9. Os viveiristas das amostras 4 e 7 relataram coletar sementes de 50 matrizes, enquanto os viveiristas das amostras 1, 2 e 10 relataram coletar de 5 matrizes, valor 10 vezes menor. A média do nº de matrizes utilizadas para a coleta de sementes foi de 21,1 (Tabela 1).

Tabela 1. Índices de diversidade genética de *E. edulis* nos viveiros amostrados, em que \hat{A} = N° de alelos ; $\hat{A}e$ = N° efetivo de alelos; $\hat{H}e$ = heterozigosidade esperada; $\hat{H}o$ = heterozigosidade observada; f = índice de fixação; AE = nº de alelos exclusivos; Matriz = nº de indivíduos utilizados para a coleta de sementes;

| Amostra | \hat{A} | $\hat{A}e$ | $\hat{H}e$ | $\hat{H}o$ | f | AE | Matriz |
|---------|-----------|------------|------------|------------|-------|----|--------|
| 1 | 15,000 | 10,374 | 0,898 | 0,095 | 0,897 | 4 | 5 |
| 2 | 14,714 | 10,867 | 0,895 | 0,033 | 0,962 | 4 | 5 |
| 3 | 16,000 | 10,375 | 0,889 | 0,248 | 0,727 | 7 | 10 |
| 4 | 13,286 | 7,944 | 0,865 | 0,081 | 0,908 | 4 | 50 |
| 5 | 15,857 | 11,213 | 0,888 | 0,148 | 0,837 | 3 | 30 |
| 6 | 16,429 | 11,587 | 0,911 | 0,114 | 0,873 | 4 | 20 |
| 7 | 13,429 | 9,111 | 0,886 | 0,143 | 0,841 | 4 | 50 |
| 8 | 14,143 | 9,755 | 0,895 | 0,052 | 0,941 | 3 | 15 |
| 9 | 14,429 | 9,353 | 0,886 | 0,090 | 0,897 | 2 | - |
| 10 | 15,143 | 10,758 | 0,901 | 0,067 | 0,927 | 19 | 5 |
| Média | 14,843 | 10,134 | 0,891 | 0,107 | 0,881 | 4 | 21,1 |

As correlações entre o número de matrizes coletadas e os índices de diversidade genética estão expostos na Tabela 2. De maneira geral, as correlações foram negativas, exceto para $\hat{H}o$ (Tabela 2).

Tabela 2. Correlação entre os índices de diversidade e o nº de matrizes coletadas.

| Índices de diversidade | Correlação de Pearson |
|------------------------|-----------------------|
| \hat{A} | -0,5663404958 |
| \hat{A}_e | -0,6686481018 |
| \hat{H}_e | -0,691028907 |
| \hat{H}_o | 0,1515913674 |
| f | -0,1644549774 |
| AE | -0,3718295403 |

O valor de \hat{H}_e encontrado em todas as amostras foi alto, com média de 0,891, o que corrobora com a alta diversidade genética encontrada em outros estudos com populações naturais de *E. edulis* (Conte *et al.*, 2008; Conte, 2006; Da Silva Carvalho *et al.*, 2015; Gaiotto, 2003b; Pereira *et al.*, 2022; Soares *et al.*, 2019). O alto número efetivo de alelos encontrado nas amostras também confirma o encontrado em fragmentos florestais da MA (Da Silva Carvalho *et al.*, 2015). Uma alta quantidade de alelos e alta diversidade genética garante que as populações de *E. edulis* consigam sobreviver a pressões de seleção ocasionadas por eventos extremos, principalmente no atual cenário de mudanças climáticas (Pauls *et al.*, 2013; Sampedro; Alía, 2023).

No entanto, a grande diferença entre o \hat{H}_e e o \hat{H}_o indica que há um excesso de homozigotos nas amostras analisadas, gerando altos índices de fixação (f). Índices de fixação elevados podem ocasionar a diminuição do poder adaptativo já que a seleção natural tende a favorecer indivíduos heterozigotos quando comparados a homozigotos (sobredominância) (Charlesworth; Willis, 2009). O elevado número de homozigotos pode estar relacionado à práticas de coleta de sementes inadequadas ou à endogamia, que é o cruzamento entre indivíduos aparentados (Charlesworth, 2003). Coeficientes de endogamia moderados têm sido encontrados em populações naturais de *E. edulis*, possivelmente em decorrência do alto grau de fragmentação da Mata Atlântica e curta distância de forrageio dos polinizadores (Da Silva Carvalho *et al.*, 2015). Esse fator pode acarretar depressão por endogamia em populações de *E. edulis*, diminuindo a fertilidade, sobrevivência e reprodução da progênie, o que, a longo prazo, pode culminar na extinção das populações afetadas (Charlesworth; Willis, 2009).

O índice F_{st} indicou que há uma baixa diferenciação de 3,7% entre as amostras analisadas, demonstrando uma homogeneização entre a produção dos viveiros. Essa situação pode estreitar o *pool gênico* das populações e comprometer o estabelecimento das áreas restauradas a longo prazo. Porém, a amostra 10 apresentou 19 alelos exclusivos (AE), valor consideravelmente superior ao encontrado nas outras amostras. Essa alta quantidade de AE pode ser explicada pela distância em que o viveiro da amostra 10 está dos outros viveiros, bem como os locais em que coletam as sementes. O viveiro da amostra 10 está localizado ao sul do estado, enquanto que a maioria dos demais estão localizados no Alto Vale do Itajaí. Como a Mata Atlântica se encontra altamente fragmentada, o fluxo gênico entre os fragmentos é reduzido, ocasionando em populações geneticamente diferentes (Da Silva Carvalho *et al.*, 2015). O estudo conduzido por Soares *et al.* (2019) em populações naturais indicou que há elevada estrutura genética entre as populações, sugerindo uma limitação do fluxo gênico decorrente da fragmentação e perda de habitat. Dessa forma, além da quantidade e distância mínima entre matrizes, a coleta de sementes em diferentes fragmentos tem sido recomendada para captura de um maior *pool gênico* (Zeng; Fischer, 2021).

A correlação de Pearson negativa para os índices \hat{A} , \hat{A}_e e \hat{H}_e indicam que há uma relação inversamente proporcional entre o número de matrizes e a diversidade genética. Ou seja, quanto menor o número de matrizes utilizadas para a coleta de sementes, maior a diversidade genética. Isso pode ter ocorrido por conta das respostas obtidas durante a entrevista, em que o viveirista da amostra 4, que apresentou os menores índices de diversidade genética entre as amostras, afirmou coletar de 50 matrizes diferentes, a quantidade mais alta entre os viveiros. Porém, esse resultado vai contra o encontrado em diversos estudos, em que um número maior de matrizes garante um tamanho efetivo populacional maior e, conseqüentemente, aumenta a diversidade genética e o potencial adaptativo das populações (Broadhurst *et al.*, 2008; Brown *et al.*, 1995; Costa *et al.*, 2021; Montagna *et al.*, 2019).

Além disso, a distância mínima entre matrizes pode não estar sendo levada em consideração na coleta de sementes. Coletar sementes de matrizes próximas entre si aumenta a chance de coleta de indivíduos aparentados, favorecendo a endogamia e reduzindo a diversidade genética da amostra (Baldauf *et al.*, 2014; Moraes *et al.*, 2018). Diversos estudos com populações naturais de *E. edulis*

demonstram que a dispersão de sementes ocorre predominantemente a curtas distâncias, formando um agregado de indivíduos aparentados ao redor da planta-mãe (Baggio; Giehl; Cândido-Júnior, 2023; Matos; Watkinson, 1998). Por isso, recomendações de distância de coletas de matrizes têm sido realizadas, a depender do padrão de dispersão de pólen e sementes da espécie (Baldauf *et al.*, 2014; Moraes *et al.*, 2018).

Vale destacar, que foi identificada a presença de alelos nulos em todos os marcadores moleculares analisados. A presença de alelos nulos resulta numa superestimação dos índices de fixação, porque indivíduos heterozigotos podem estar sendo classificados como homozigotos, aumentando a diferença entre a heterozigosidade esperada e a observada (Sebbenn *et al.*, 2011). Assim, os índices apresentados neste trabalho podem estar subestimados (\hat{H}_o) ou superestimados (f).

Uma alternativa para a garantia de alta diversidade genética nas mudas produzidas pelos viveiros é a definição de Áreas de Coleta de Sementes (ACS) em fragmentos florestais. As ACS podem ser definidas a partir de parâmetros demográficos e genéticos (Montagna *et al.*, 2019; Pimenta *et al.*, 2023; Silva *et al.*, 2022), com marcação de matrizes levando em consideração a distância e quantidade de matrizes suficientes para assegurar a manutenção da diversidade genética das populações restauradas.

7 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente estudo evidenciam uma alta diversidade genética (H_e) nas mudas de *E. edulis* produzidas por viveiros no estado de Santa Catarina, além de um alto número efetivo de alelos (\hat{A}_e). Esse cenário garante que as populações restauradas consigam sobreviver às pressões de seleção ocasionadas por eventos extremos ao proporcionar maior poder adaptativo. No entanto, os elevados índices de fixação (f) e a grande quantidade de homozigotos sugerem que as práticas de coleta de sementes são inadequadas ou que as sementes são provenientes de fragmentos com altos coeficientes de endogamia, possivelmente decorrente da intensa fragmentação da Mata Atlântica.

O índice F_{st} indicou que a diversidade genética da produção dos viveiros é homogênea, o que restringe o *pool gênico* e, conseqüentemente, diminui o potencial adaptativo das populações restauradas. Porém, a amostra 10 apresentou uma alta quantidade de alelos exclusivos (AE), provavelmente associada à distância

geográfica dos locais em que coletam as sementes em relação aos outros viveiros que estão concentrados ao norte do estado e na região do Alto Vale do Itajaí. Esse fator demonstra a importância da coleta de sementes em diferentes fragmentos florestais devido a limitação do fluxo gênico.

Diante dessa situação, recomenda-se a implementação de Áreas de Coleta de Sementes (ACS) em fragmentos florestais com base em critérios genéticos e demográficos. A marcação de matrizes levando em consideração a distância entre elas é essencial para a manutenção da diversidade genética das populações restauradas, possibilitando que se mantenham a longo prazo.

REFERÊNCIAS

ARONSON, James; DURIGAN, Giselda; BRANCALION, Pedro Henrique Santin. Conceitos e definições correlatos à ciência e à prática da restauração ecológica. **IF Série Registros**, [s. l.], v. 44, p. 1–38, 2011.

BAGGIO, Karoline A.; GIEHL, Eduardo L.H.; CÂNDIDO-JÚNIOR, José F. Population structure, aggregation, and dispersal of *Euterpe edulis* Mart. at two sites of interior atlantic forest. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, [s. l.], v. 95, n. 3, p. e20220695, 2023.

BALDAUF, Cristina *et al.* Genetic diversity, spatial genetic structure and realised seed and pollen dispersal of *Himatanthus drasticus* (Apocynaceae) in the Brazilian savanna. **Conservation Genetics**, [s. l.], v. 15, n. 5, p. 1073–1083, 2014.

BIJLSMA, R.; LOESCHCKE, Volker. Genetic erosion impedes adaptive responses to stressful environments. **Evolutionary Applications**, [s. l.], v. 5, n. 2, p. 117–129, 2012.

BRASIL. **Lei da Mata Atlântica**. 22 dez. 2006.

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

BROWN, Anthony *et al.* A basic sampling strategy: theory and practice. *In*: [S. l.]: [s. d.], 1995. p. 75–91.

CARVALHO, Paulo Ernani Ramalho. **Espécies arbóreas brasileiras**. 1a eded. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2003.

CHARLESWORTH, Deborah. Effects of inbreeding on the genetic diversity of populations. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences**, [s. l.], v. 358, n. 1434, p. 1051–1070, 2003.

CHARLESWORTH, Deborah; WILLIS, John H. The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics**, [s. l.], v. 10, n. 11, p. 783–796, 2009.

CONTE, Rudimar. Effects of management on the genetic structure of *Euterpe edulis* Mart. populations based on microsatellites. **Scientia Forestalis**, [s. l.], n. 72, 2006.

CONTE, R. *et al.* Genetic Structure and Mating System of *Euterpe edulis* Mart. Populations: A Comparative Analysis Using Microsatellite and Allozyme Markers. **Journal of Heredity**, [s. l.], v. 99, n. 5, p. 476–482, 2008.

COSTA, Newton Clóvis Freitas Da *et al.* Spatiotemporal variation in mating system and genetic diversity of *Araucaria angustifolia*: Implications for conservation and seed collection. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 481, p. 118716, 2021.

DA SILVA CARVALHO, C *et al.* Contemporary and historic factors influence differently genetic differentiation and diversity in a tropical palm. **Heredity**, [s. l.], v. 115, n. 3, p. 216–224, 2015.

DE LIMA, Renato A. Ferreira *et al.* Defining endemism levels for biodiversity conservation: Tree species in the Atlantic Forest hotspot. **Biological Conservation**, [s. l.], v. 252, p. 108825, 2020.

DOS REIS, Maurício Sedrez *et al.* Management and Conservation of Natural Populations in Atlantic Rain Forest: The Case Study of Palm Heart (*Euterpe edulis* Martius)¹. **Biotropica**, [s. l.], v. 32, n. 4b, p. 894–902, 2000.

DOYLE, Jeff J.; DOYLE, Jane L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, [s. l.], v. 12, p. 13–15, 1990.

GAIOTTO, F. A. Genetic Structure, Mating System, and Long-Distance Gene Flow in Heart of Palm (*Euterpe edulis* Mart.). **Journal of Heredity**, [s. l.], v. 94, n. 5, p. 399–406, 2003a.

GAIOTTO, F. A. Genetic Structure, Mating System, and Long-Distance Gene Flow in Heart of Palm (*Euterpe edulis* Mart.). **Journal of Heredity**, [s. l.], v. 94, n. 5, p. 399–406, 2003b.

GAIOTTO, F. A.; BRONDANI, R. P. V.; GRATTAPAGLIA, D. Microsatellite markers for heart of palm – *Euterpe edulis* and *E. oleracea* Mart. (Arecaceae). **Molecular Ecology Notes**, [s. l.], v. 1, n. 1–2, p. 86–88, 2001.

HADDAD, Nick M. *et al.* Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science Advances**, [s. l.], v. 1, n. 2, p. e1500052, 2015.

HEDRICK, Philip W.; GARCIA-DORADO, Aurora. Understanding Inbreeding Depression, Purging, and Genetic Rescue. **Trends in Ecology & Evolution**, [s. l.], v. 31, n. 12, p. 940–952, 2016.

HENDERSON, Andrew. The Genus *Euterpe* in Brazil. *In*: SELLOWIA. Itajaí: [s. d.], 2000. p. 1–22.

IBGE. **Biomass e sistema costeiro-marinho do Brasil: compatível com a escala 1:250 000**. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2019.

JAKOVAC, Catarina C. *et al.* The role of land-use history in driving successional pathways and its implications for the restoration of tropical forests. **Biological Reviews**, [s. l.], v. 96, n. 4, p. 1114–1134, 2021.

JALONEN, Riina *et al.* Forest and landscape restoration severely constrained by a lack of attention to the quantity and quality of tree seed: Insights from a global survey. **Conservation Letters**, [s. l.], v. 11, n. 4, p. e12424, 2018.

JOLY, Carlos A.; METZGER, Jean Paul; TABARELLI, Marcelo. Experiences from the Brazilian Atlantic Forest: ecological findings and conservation initiatives. **New Phytologist**, [s. l.], v. 204, n. 3, p. 459–473, 2014.

KARDOS, Marty *et al.* **The crucial role of genome-wide genetic variation in conservation.** [S. l.]: Evolutionary Biology, 2021. Disponível em: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.07.05.451163>. Acesso em: 20 out. 2025.

KETTENRING, Karin M. *et al.* Application of genetic diversity–ecosystem function research to ecological restoration. **Journal of Applied Ecology**, [s. l.], v. 51, n. 2, p. 339–348, 2014.

LINO, Ana *et al.* A meta-analysis of the effects of habitat loss and fragmentation on genetic diversity in mammals. **Mammalian Biology**, [s. l.], v. 94, p. 69–76, 2019.

MARTINELLI, Gustavo. **Livro vermelho da flora do Brasil.** [S. l.]: Andrea Jakobsson Estudio Editorial Ltda, 2013.

MATOS, D. M. Silva; WATKINSON, A. R. The Fecundity, Seed, and Seedling Ecology of the Edible Palm *Euterpe edulis* in Southeastern Brazil¹. **Biotropica**, [s. l.], v. 30, n. 4, p. 595–603, 1998.

MELI, Paula *et al.* A global review of past land use, climate, and active vs. passive restoration effects on forest recovery. **PLOS ONE**, [s. l.], v. 12, n. 2, p. e0171368, 2017.

MITTERMEIER, Russell A. *et al.* Global Biodiversity Conservation: The Critical Role of Hotspots. *In*: ZACHOS, Frank E.; HABEL, Jan Christian (org.). **Biodiversity Hotspots**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2011. p. 3–22. Disponível em: https://link.springer.com/10.1007/978-3-642-20992-5_1. Acesso em: 30 out. 2025.

MOHEBALIAN, Phillip M. *et al.* Deforestation in South America's tri-national Paraná Atlantic Forest: Trends and associational factors. **Forest Policy and Economics**, [s. l.], v. 137, p. 102697, 2022.

MONTAGNA, Tiago *et al.* Guidelines for seed collection of *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze: A genetic, demographic and geographic approach. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 438, p. 10–17, 2019.

MONTAGNA, T. *et al.* Reproductive ecology of *Ocotea catharinensis*, an endangered tree species. **Plant Biology**, [s. l.], v. 20, n. 5, p. 926–935, 2018.

MORAES, Marcela A. *et al.* Long-distance pollen and seed dispersal and inbreeding depression in *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae: Caesalpinioideae) in the Brazilian savannah. **Ecology and Evolution**, [s. l.], v. 8, n. 16, p. 7800–7816, 2018.

MULER, Ana Elena *et al.* Can overharvesting of a non-timber-forest-product change the regeneration dynamics of a tropical rainforest? The case study of *Euterpe edulis*. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 324, p. 117–125, 2014.

MYERS, Norman *et al.* Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, [s. l.], v. 403, n. 6772, p. 853–858, 2000.

PAULS, Steffen U. *et al.* The impact of global climate change on genetic diversity within populations and species. **Molecular Ecology**, [s. l.], v. 22, n. 4, p. 925–946, 2013.

PEAKALL, Rod; SMOUSE, Peter E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. **Bioinformatics**, [s. l.], v. 28, n. 19, p. 2537–2539, 2012.

PEDRINI, Simone *et al.* Collection and production of native seeds for ecological restoration. **Restoration Ecology**, [s. l.], v. 28, n. S3, 2020. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/rec.13190>. Acesso em: 16 jun. 2025.

PEREIRA, Aléxia Gonçalves *et al.* Patterns of genetic diversity and structure of a threatened palm species (*Euterpe edulis* Arecaceae) from the Brazilian Atlantic Forest. **Heredity**, [s. l.], v. 129, n. 3, p. 161–168, 2022.

PIMENTA, Jéssica Maia Alves *et al.* SELECTION OF *Handroanthus impetiginosus* MOTHER TREES TO SUPPORT SEED COLLECTION AREAS. **Revista Árvore**, [s. l.], v. 47, p. e4706, 2023.

PRACH, Karel *et al.* Possibilities and limitations of passive restoration of heavily disturbed sites. **Landscape Research**, [s. l.], v. 45, n. 2, p. 247–253, 2020.

REITZ, Raulino. Palmeiras. *In*: FLORA ILUSTRADA CATARINENSE. Itajaí: Herbário Barbosa Rodrigues, 1974. p. 189.

ROSA, Marcos R. *et al.* Hidden destruction of older forests threatens Brazil's Atlantic Forest and challenges restoration programs. **Science Advances**, [s. l.], v. 7, n. 4, p. eabc4547, 2021.

SAMPEDRO, Luis; ALÍA, Ricardo. A claim for a 'next generation' of multisite range-wide forest genetic trials built on the legacy of ecological genetics to anticipate responses to climate. **Global Change Biology**, [s. l.], v. 29, n. 17, p. 4700–4702, 2023.

SEBBENN, A M *et al.* Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, [s. l.], v. 106, n. 1, p. 134–145, 2011.

SEBBENN, Alexandre Magno. NÚMERO DE ÁRVORES MATRIZES E CONCEITOS GENÉTICOS NA COLETA DE SEMENTES PARA REFLORESTAMENTOS COM

ESPÉCIES NATIVAS. **Revista do Instituto Florestal**, [s. l.], v. 14, n. 2, p. 115–132, 2002.

SILVA, Dandára Yasmim Bonfim De Oliveira *et al.* GENETIC VARIABILITY OF *Parkia platycephala* POPULATIONS: SUPPORT FOR DEFINING SEED COLLECTION AREAS. **Revista Caatinga**, [s. l.], v. 35, n. 4, p. 905–914, 2022.

SILVA, Juliano Z. Da; REIS, Maurício S. Dos. Consumption of *Euterpe edulis* fruit by wildlife: implications for conservation and management of the Southern Brazilian Atlantic Forest. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, [s. l.], v. 91, n. 1, p. e20180537, 2019.

SILVA, Juliano Zago Da; REIS, Maurício Sedrez Dos. FENOLOGIA REPRODUTIVA E PRODUÇÃO DE FRUTOS EM *Euterpe edulis* (Martius). **Ciência Florestal**, [s. l.], v. 28, n. 1, p. 295–309, 2018.

SOARES, Leiza Aparecida Souza Serafim *et al.* Anthropogenic Disturbances Eroding the Genetic Diversity of a Threatened Palm Tree: A Multiscale Approach. **Frontiers in Genetics**, [s. l.], v. 10, p. 1090, 2019.

TREVISAN, Adriana Carla Dias *et al.* Market for Amazonian Açaí (*Euterpe oleraceae*) Stimulates Pulp Production from Atlantic Forest Juçara Berries (*Euterpe edulis*). **Agroecology and Sustainable Food Systems**, [s. l.], v. 39, n. 7, p. 762–781, 2015.

VAN OOSTERHOUT, Cock *et al.* MICRO - CHECKER : software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Molecular Ecology Notes**, [s. l.], v. 4, n. 3, p. 535–538, 2004.

VANCINE, Maurício Humberto *et al.* The Atlantic Forest of South America: Spatiotemporal dynamics of the vegetation and implications for conservation. **Biological Conservation**, [s. l.], v. 291, p. 110499, 2024.

VIBRANS, Alexander Christian *et al.* Inventário florístico florestal de Santa Catarina (IFFSC): aspectos metodológicos e operacionais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, [s. l.], v. 30, n. 64, p. 291–291, 2010.

WRIGHT, Sewall. THE GENETICAL STRUCTURE OF POPULATIONS. **Annals of Eugenics**, [s. l.], v. 15, n. 1, p. 323–354, 1951.

ZENG, Xueqin; FISCHER, Gunter A. Using multiple seedlots in restoration planting enhances genetic diversity compared to natural regeneration in fragmented tropical forests. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 482, p. 118819, 2021.

ZINNEN, Jack *et al.* Seed production areas are crucial to conservation outcomes: benefits and risks of an emerging restoration tool. **Biodiversity and Conservation**, [s. l.], v. 30, n. 5, p. 1233–1256, 2021.