

Cenários de corte seletivo de árvores na diversidade genética e área basal de populações de *Araucaria angustifolia* com base em modelagem EcogeneScenarios of selective logging on genetic diversity and basal area of *Araucaria angustifolia* populations, with base in Ecogene modelingEdjair Augusto Dal Bem<sup>1</sup>, Juliana Vitoria Messias Bittencourt<sup>2</sup>,  
Mario Luiz Teixeira de Moraes<sup>3</sup> e Alexandre Magno Sebbenn<sup>4</sup>

---

**Resumo**

O modelo Ecogene foi utilizado para investigar como o corte seletivo de árvores de *Araucaria angustifolia* afeta no longo prazo a área basal (AB) e a diversidade genética de populações e quais são os cenários de corte seletivo que garantam a sustentabilidade na produção de madeira. O estudo foi conduzido com dados de locos microssatélites, demográficos e ecológicos de uma população fragmentada da espécie. Foram estudados cenários de corte seletivo, formados por combinações de diferentes diâmetros mínimo de corte (DMC), intensidades de explorações (IE) e ciclos de corte (CC). Para DMC de 50 cm e IE de 20, 40 e 90%, a AB recuperou a original AB em 54, 74 e 84 anos, respectivamente. Para o DMC de 75 cm a recuperação da AB ocorreu com 31, 44 e 56 anos, respectivamente. Para DMC de 100 cm, o tempo de recuperação foi de no máximo 22 anos. A estimativa da distância genética entre a população na idade inicial e final das simulações indicou que os cenários com maiores alterações nas frequências alélicas foram os baseados no DMC de 50 cm. Este é um claro exemplo dos impactos do corte seletivo de árvores sobre a diversidade genética de populações exploradas e mostra que a legislação brasileira vigente não leva a produção sustentada de madeira em *A. angustifolia*. Os resultados das simulações mostram que menores impactos do corte seletivo sobre a demografia, AB e parâmetros genéticos ocorrem com a adoção de maiores DMC e menores IE.

**Palavras-chave:** Coníferas, manejo florestal sustentável, espécies de árvores sub-tropicais, extração seletiva de madeira, modelos de simulações.

**Abstract**

The Ecogene model was used to investigate how selective logging of *Araucaria angustifolia* trees affects the long-term basal area (BA) and genetic diversity of populations and what are the scenarios of selective logging to ensure sustainability in timber production. The study was conducted with data from microsatellite loci, demographic, ecological in a fragmented population of the species. Selective logging scenarios, representing different combinations of minimum cutting diameter (MCD), intensity of exploitation (IE) and cutting cycle (CC) were studied. For MCD of 50 cm and IE 20, 40 and 90% the AB recovered the original situation after 54, 74 and 84 years, respectively. For MCD 75 cm AB recovery occurred at 31, 44 and 56 years, respectively, and for MCD 100 cm, the recovery time was at most 22 years. The estimated genetic distance between the population in the initial and final age of simulation indicated that the scenarios with larger changes in allele frequencies were based on MCD 50 cm. This is a clear example of the impacts of selective logging on the genetic diversity of exploited populations, and that Brazilian law does not lead to sustained timber production in *A. angustifolia*. The simulation results show that smaller impacts of selective logging on demography, AB and genetic parameters occur with the adoption of larger MCD and lower IE.

**Keywords:** Conifers, sustainable forest management, species of sub-tropical trees, selective logging, simulation models.

---

<sup>1</sup>Doutor em Agronomia. UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" / FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. CEP: 15385-000 - Ilha Solteira, SP. E-mail: [edjairflorestal@hotmail.com](mailto:edjairflorestal@hotmail.com).

<sup>2</sup>Professora Doutora. Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Ponta Grossa. Av Monteiro Lobato s/n km 4 Santa Mônica - CEP: 84016210 - Ponta Grossa, PR. E-mail: [juvitoria@gmail.com](mailto:juvitoria@gmail.com).

<sup>3</sup>Professor do Departamento de Fitotecnia Tecnologia de Alimentos e Socio-Economia. UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" / FEIS - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. CEP: 15385-000 - Ilha Solteira, SP. E-mail: [teixeira@agr.feis.unesp.br](mailto:teixeira@agr.feis.unesp.br).

<sup>4</sup>Pesquisador Doutor. IF - Instituto Florestal de São Paulo. Caixa Postal: 1322 - CEP: 01059-970 - São Paulo, SP. E-mail: [alexandresebbenn@yahoo.com.br](mailto:alexandresebbenn@yahoo.com.br).

## INTRODUÇÃO

A exploração de árvores, seja plantada ou nativa deve ser realizada em conformidade com a legislação brasileira vigente, onde áreas de florestas nativas só podem ser exploradas mediante aos planos de manejo florestal sustentável, que visa por meio do corte seletivo a colheita de árvores acima de um determinado diâmetro mínimo de corte. O corte seletivo de árvores tem três principais efeitos sobre as populações de espécies arbóreas: (a) redução no número total de indivíduos; (b) aumento na distancia espacial entre remanescentes após a exploração e; (c) isolamento espacial das populações remanescentes, em uma matriz intercalando fragmentos e usos de terras para fins não florestais. Estes efeitos demográficos decorrentes da exploração florestal podem ter efeitos negativos sobre a genética de populações das espécies arbóreas exploradas por corte seletivo, como a perda de alelos, redução na heterozigosidade, aumento da divergência genética entre populações, aumento da taxa de autofecundação, ruptura no fluxo de genes via pólen e sementes entre populações (MURAWSKI et al., 1994; SEBBENN et al., 2001), alteração da vizinhança genética reprodutiva e do sistema de reprodução e, conseqüentemente, causando o aumento da endogamia, coancestria e reduzindo o tamanho efetivo populacional das gerações subseqüentes (LACERDA et al., 2008; SEBBENN et al., 2008; SILVA et al., 2008).

As conseqüências genéticas do corte seletivo de árvores sobre a diversidade genética e o sistema reprodutivo de espécies de árvores da floresta já foram documentados em estudos empíricos e baseados em modelagem e simulações (MURAWSKI et al., 1994; SEBBENN et al., 2001; MOSSELER et al., 2003; RAJORA; PLUHAR, 2003; SEBBENN et al., 2008; WERNSDÖRFER et al., 2010; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014). Os efeitos do corte seletivo de árvores sobre a diversidade genética de uma espécie podem ser cumulativos ao longo da geração. Considerando o fato de que em geral árvores tem vida longa e pode viver mais de 100 anos, os efeitos no longo prazo do corte seletivo de árvores sobre a diversidade genética e demografia de suas populações só podem ser acessados utilizando modelos de simulação, como o modelo EcoGene (DEGEN et al., 1996). Este modelo foi desenvolvido para estudar os efeitos no curto e longo prazo do corte seletivo de árvores sobre

a diversidade genética e demografia de espécies de árvores (DEGEN et al., 1996). O modelo Ecogene combina elementos de genética de populações, o crescimento da árvore dinâmica demográfica e manejo florestal. Este modelo tem sido utilizado para estudar os efeitos do corte da seletivo, fragmentação florestal e poluição do ar sobre a diversidade genética de espécies de árvores (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014).

*Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze (Pinheiro do Paraná) é uma árvore conífera, dióica, polinizada pelo vento e economicamente importante na região sudeste e Sul do Brasil (SEBBENN et al., 2003). Esta espécie produz uma madeira valiosa para construções, sendo também uma fonte de matéria-prima para indústria de celulose e papel. A distribuição natural da espécie no Brasil varia de 19° 15' S (estado de Minas Gerais) a 31° 30' S (estado do Rio Grande do Sul). A espécie cresce naturalmente na Floresta Tropical Úmida Mista (Floresta com Araucária) e Floresta Aluvial de galeria, em altitudes geralmente entre 500 a 2.300 m (CARVALHO, 2003). Originalmente a espécie ocupava aproximadamente 37% da área do estado do Paraná, 60% de Santa Catarina, 17% do Rio Grande do Sul e 2% de São Paulo, além de ocorrer no Rio de Janeiro e Minas Gerais. No entanto, no século passado a espécie foi intensamente explorada pelo regime de corte raso, sendo que hoje permanecem menos de 3% da floresta original de Araucária. Assim, medidas urgentes são necessárias para a sua conservação (CARVALHO, 2003; SOUSA et al., 2005). Contudo, recentemente, levantou-se a hipótese de se voltar a explorar as florestas remanescentes de *A. angustifolia*, utilizando-se o corte seletivo, com base em planos de manejo de baixo impacto, conhecido como RIL (reduces impact logging). Contudo, é necessário determinar quais são as regras em termos de diâmetro mínimo de corte, intencidade de corte e comprimento dos ciclos de corte que garantam a sustentabilidade na produção de madeira e mantenham a diversidade genética das populações após a exploração. Ressalta-se que a recuperação da área basal de populações naturais exploradas pelo corte seletivo depende da regeneração, o que depende da existência de indivíduos reprodutivos nas populações.

O objetivo do presente estudo é entender como o processo de exploração florestal a partir do corte seletivo de árvores de *A. angustifolia* afeta no longo prazo a diversidade genética e demografia das populações da espécie. Também

se pretende determinar quais são os cenários de corte seletivo, como diferentes comprimentos de ciclos de corte (CC), diâmetro mínimo de corte (DMC) e intensidade de corte (IE) que garantam a sustentabilidade na produção de madeira e não afete a diversidade genética das populações exploradas.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Local de estudo

O estudo foi conduzido em uma população fragmentada de 5,4 ha de *A. angustifolia* (25° 57' S, 52° 11' W), localizada no Município de Mangueirinha – PR. O clima é de transição entre subtropical (Cfa) para temperado (Cfb), segundo a classificação de Köppen. A precipitação média anual varia de 1.800 a 2.100 mm. A temperatura média anual varia de 16 a 20° C, a altitude é de aproximadamente 450 m e a umidade relativa varia entre 70 a 80%. A vegetação natural da região foi floresta de *A. angustifolia* com oustras espécies arbóreas folhosas associadas.

A escolha desta área se deve ao fato de que esta já foi objeto de prévios estudos da diversidade genética, endogamia, estrutura genética espacial intrapopulacional, sistema de reprodução e dispersão efetiva e realizada de pólen e sementes (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; 2008). Estas informações são básicas para a calibração do modelo de simulação Ecogene (SEBBENN et al., 2008). O fragmento florestal em estudo é cercado por intensa atividade agrícola e não tem qualquer outra floresta de araucária próxima (distância > 4 km). No entanto, é possível observar árvores isoladas de *A. angustifolia* ou pequenos grupos de árvores na paisagem (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007). Devido a isto, este fragmento é um bom modelo para o estudo dos efeitos do corte seletivo de árvores devido ao alto grau de isolamento genético da população de *A. angustifolia*. Regeneração pode ser encontrada neste fragmento, as árvores adultas tem diferentes idades e é possível supor que todos os indivíduos juvenis foram produzidos após a fragmentação (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007). Antes de 1990, este fragmento também foi explorado por corte seletivo de árvores. A fragmentação florestal desta região ocorreu entre 1920 e 1980 e a paisagem atual compreende um mosaico de manchas de terras agrícolas, pastagens, estepes remanescentes, áreas urbanas e áreas florestais (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007; 2008).

### Coleta de amostras para a análise de DNA

Todas as plântulas e juvenis árvores adultas amostradas foram mapeadas, medido o diâmetro a altura do peito (DAP) e a altura total tiveram tecidos foliares amostrados genotipadas para oito locos microssatélites. Os adultos foram também sexados por observação direta dos cones masculinos e femininos. Também foram coletados sementes de polinização aberta de 11 árvores matrizes (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007). No fragmento existem 124 árvores masculinas e 104 femininas de *A. angustifolia*, o que resulta em densidades de 42,22 árvores/ha. O DAP dos adultos variou de 14 a 129,9 cm, a altura de de 7 a 27 m e a idade varia provavelmente de 46 a 250 anos. Foram amostrados aleatoriamente 66 plântulas e 92 juvenis na população. O DNA genômico total foi extraído utilizando o método de Mazza e Bittencourt (2000). O procedimento de amplificação e de detecção de oito marcadores microssatélites são descritos em Salgueiro et al. (2005). Os oito locos utilizados foram CR-CAc2, AG23, Ag62, Ag45, CRCAc1, AG20, AG56 e AG94 (BITTENCOURT; SEBBENN, 2007). Os principais resultados observados foi que a Área basal da população era de 0,4068 (m<sup>2</sup>.ha<sup>-1</sup>), o número total de alelos era de 77 a heterozigosidade observada de 0,507, a esperada de 0,541, o índice de fixação de 0,069 e o número de genótipos unilocos de 189,3 (Tabela 1).

**Tabela 1.** Parâmetros demográficos e genéticos da população inicial para a população de *Araucaria angustifolia*.

**Table 1.** Demographic and genetic parameters of the initial population for the *Araucaria angustifolia* population.

Parâmetros	Estimativas
Tamanho da população: <i>N</i>	335
Área Basal (m <sup>2</sup> .ha <sup>-1</sup> ): <i>AB</i>	4,068
Número total de alelos: <i>k</i>	77
Heterozigosidade observada: <i>H<sub>o</sub></i>	0,507
Heterozigosidade esperada: <i>H<sub>e</sub></i>	0,541
Índice de fixação: <i>F</i>	0,069
Número de genótipos unilocos: <i>NG</i>	189,3

### Modelagem e simulações Ecogene

A modelagem e as simulações foram realizadas utilizando o modelo de simulação EcoGene (DEGEN, 2004). O modelo foi inicializado pela leitura dos dados de entrada dos genótipos de oito locos microssatélites e pela definição dos parâmetros demográficos, ecológicos e reprodutivos descritos na Tabela 2. Cada ano simulado inclui passos de crescimento, reprodução

e mortalidade das árvores. A reprodução sexual simulada incluiu parâmetros que controlam a fenologia de floração, as diferenças na fertilidade de machos e fêmeas, bem como a dispersão de pólen e sementes. Observações sobre fenologia de floração mostraram que a espécie floresce anualmente (Tabela 2). A proporção de floração de plantas na população varia entre as idades (percentagem mínima e máxima de floração nos adultos, Tabela 2) e é necessário que as árvores tenham um determinado DAP para estarem férteis (diâmetro mínimo de florescência das árvores). Todos estes parâmetros definem a sobreposição de floração do sexo feminino e masculino entre indivíduos da população. Como *A. angustifolia* é uma espécie dioica, para simular o sexo masculino e feminino dos indivíduos adultos, regenerantes e juvenis, um loco que controla o sexo foi adicionado. No caso dos regenerantes e juvenis que não foram sexados devido a ausência de frutos e flores, adicionou-se o genótipo sexual aleatoriamente a estes indivíduos, assumindo uma proporção sexual de 1:1. Assumiu-se o genótipo 11 para os machos e 12 para as fêmeas. Logo o cruzamento entre estes só gera descendentes masculinos ou femininos.

Nas simulações do processo de reprodução, somente as árvores que estavam o mesmo período de floração podiam se cruzar. A produção de sementes foi simulada, considerando a variação na fertilidade masculina e feminina entre árvores. Árvores com maior fertilidade feminina ou masculina (maior número de óvulos ou grãos de pólen produzido) tinham probabilidade maior de contribuir com óvulos ou pólen para as sementes produzidas. Para cada árvore florescendo foi atribuído um valor relativo para os seus óvulos e produção de pólen, proporcional a seu DAP, valor este retirado de uma distribuição normal (proporção de pólen disperso pelo vento; proporção de dispersão de sementes por gravidade e pequenas aves, Tabela 2). A dispersão de sementes foi simulada como sendo 50% por gravitação e 50% por animais, no caso pássaros grandes seguindo uma função exponencial negativa. A dispersão de sementes foi simulada por uma distribuição aleatória com uma pré-definida faixa de 100 m ao redor das árvores matrizes, conforme estudo de Bittencourt e Sebbenn (2007).

As informações sobre o número e frequência de árvores por hectare e classe de DAP (N/ha) foram medidos no fragmento. A distribuição

**Tabela 2.** Parâmetros utilizados nos cenários de simulações da população de *Araucaria angustifolia*.

**Table 2.** Parameters used in the simulation scenarios of *Araucaria angustifolia* populations.

No	Parâmetros	Valores
<b>Crescimento</b>		
P1	Taxa média de crescimento (cm/anos)	0,50
P2	Desvio padrão da taxa de crescimento (cm/ano)	0,25
P3	Correlação temporal de crescimento	0,50
P4	Máximo diâmetro de crescimento a um percentil de 95% (cm)	150
<b>Demografia</b>		
P5	Densidade para a classe de diâmetro 0-10 (N/ha)	14,00
P6	Densidade para a classe de diâmetro 10-20 (N/ha)	10,00
P7	Densidade para a classe de diâmetro 20-30 (N/ha)	6,20
P8	Densidade para a classe de diâmetro 30-40 (N/ha)	5,00
P9	Densidade para a classe de diâmetro 40-50 (N/ha)	4,50
P10	Densidade para a classe de diâmetro 50-60 (N/ha)	3,90
P11	Densidade para a classe de diâmetro 60-70 (N/ha)	3,40
P12	Densidade para a classe de diâmetro 70-100 (N/ha)	1,86
P13	Densidade para a classe de diâmetro 100-150 (N/ha)	0,65
<b>Fenologia</b>		
P14	Porcentagem de adultos florescendo – Mínimo	80
P15	Porcentagem de adultos florescendo – Máximo	95
P16	Mínimo diâmetro para florescimento de uma árvore (cm)	18
P17	Ritmo de florescimento (florescimento/ano)	1/1
<b>Polinização</b>		
P18	Distância de polinização aleatória (m)	200
<b>Dispersão de sementes</b>		
P19	Proporção de dispersão por gravidade (%)	50
P20	Proporção de dispersão por pequenos pássaros (%)	50
P21	Distância de dispersão aleatória (m)	100

de frequência de DAP foi considerada como o "alvo" absoluto. Se houver reprodução e regeneração suficiente na população, esta volta a esta distribuição diâmetrica. O modelo de cálculo da probabilidade de mortalidade foi determinado a partir da relação das densidades real e a densidades alvo das classes. A mortalidade dependente da densidade sendo aplicada à área da população total (Tabela 3).

### Cenários de corte seletivo e controle

Foram simulados três cenários sem corte seletivo e 27 cenários com corte seletivo, representando combinações de três diâmetros mínimos de corte (DMC de 50, 75 e 100 cm), três ciclos de corte (CC de 30, 60 e 90 anos) e três intensidades de corte (IE de 90, 40 e 20%), acima do DMC (Tabela 3). Todos os cenários foram simulados para taxa média de crescimento anual de 0,5 cm (desvio padrão = 0,25 cm). Essa taxa de crescimento foi inferida a partir do observado em teste de procedências de *A. angustifolia* 0,62 cm/ano, medida a 18 anos, (SEBBENN et al., 2004) e 0,49 cm/ano, medida aos 21 anos (SEBBENN et al., 2003), em Itapeva, estado de São Paulo. Foi utilizado o valor mínimo de incremento média anual (IMA), devido as árvores tenderam a reduzir esta taxa de IMA com o aumento da idade e como a espécie é de vida longa e pode viver mais de 200 anos (CARVALHO, 2003), esta taxa deve ser ainda menor no final da vida dos indivíduos.

Outro conjunto de parâmetros caracterizou a mortalidade pós corte seletivo. Para três diferentes classes de diâmetro foram considerados limites específicos de diâmetros e mortalidades (Tabela 2). Ainda, como o modelo de simula-

ção Ecogene tem vários elementos estocásticos, as simulações de cada cenário foram repetidas 100 vezes e os resultados representam a média destas 100 simulações, com o respectivo intervalo de confiança a 95% de probabilidade.

Os parâmetros estimados foram o número de indivíduos (N), área basal em m<sup>2</sup> (AB), o número total de alelos ( $k$ ), heterozigosidade média esperada ( $H_e$ ), heterozigosidade média observada ( $H_o$ ), índice de fixação ( $F$ ), a distância genética de Gregorius ( $D_{Gregorius}$ ) entre a população inicial (um ano) e a população final das simulações (122, 242 e 362 anos) e o número de genótipos unilocos ( $NG$ ) na população final das simulações. Finalmente, para analisar o efeito do tamanho da população sobre os parâmetros genéticos de diversidade foi estimado o coeficiente de correlação de Spearman ( $r$ ) entre o tamanho final população (N) em 122, 242 e 362 anos e os índices de diversidade genética:  $k$ ,  $H_o$ ,  $H_e$ ,  $F$ ,  $D_{Gregorius}$  e  $NG$ .

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### Comprimentos dos ciclos de corte (CC)

A população controle, sem exploração manteve seu tamanho estável em relação à população inicial durante todo o período de simulação (Figura 1). Para os cenários de corte seletivo após um único corte, o DMC de 50 cm e IE de 20, 40 e 90%, a recuperação da AB ocorreu com 54, 74 e 84 anos, respectivamente (Figura 1). Para o DMC de 75 cm, a recuperação da AB ocorreu com menor tempo, 31, 44 e 56 anos, respectivamente e para o DMC de 100 cm a recuperação ocorreu no máximo em 22 anos. Verificou-se para os três DMC simulados, que em todos os casos a AB se

**Tabela 3.** Configurações de parâmetros para três cenários controles sem corte seletivo de árvores (C1, C2 e C3) e para nove cenários (1 a 9) de corte com diferentes diâmetros mínimo de cortes (DMC), ciclos de corte (CC) e intensidades de exploração (IE) utilizados nas simulações.

**Table 3.** Configuration of parameters for three scenarios controls without selective logging (C1, C2 and C3) and nine scenarios (1 to 9) with different cutting diameters minimal cuts (DMC), cutting cycles (CC) and logging intensities (IE) used in the simulations.

Cenários	Primeiro ano de corte	Ano final	DMC (cm)	CC (anos)	IE (%)
C1	-	122	-	-	-
1	2	122	50	30	20, 40, 90
2	2	122	75	30	20, 40, 90
3	2	122	100	30	20, 40, 90
C2	1	242	-	-	-
4	2	242	50	60	20, 40, 90
5	2	242	75	60	20, 40, 90
6	2	242	100	60	20, 40, 90
C3	-	362	-	-	-
7	2	362	50	90	20, 40, 90
8	2	362	75	90	20, 40, 90
9	2	362	100	90	20, 40, 90

recuperou mais rápido para a menor IE (20%), seguida da IE de 40% e finalmente para a de 90%. Isso era esperado, visto que quanto menor a IE, maior o número de indivíduos remanescente após o corte, e mais rápido a população recobre a AB. De acordo com a legislação vigente no Brasil sobre planos de manejos e exploração sustentável das florestas naturais (Resolução n° 406, de 02 de Fevereiro de 2009, MDC= 50 cm, IE= 90% e CC variando de 25 a 35 anos), seriam necessários para a espécie pelo menos 84 anos. Se por sua vez, a IE fosse reduzida para 20%, seria necessário 54 anos para a população recuperar a AB inicial. Considerando a dificuldade de se estabelecer longos ciclos de corte em um país tropical como o Brasil, devido a cultura imediatista dominante, uma alternativa é aumentar o DMC para reduzir o CC. Por exemplo, para DMC de 75 cm e IE de 20%, o manejo florestal sustentável em termos de AB poderia ser atingido em aproximadamente 30 anos (31 anos). Se for adotado o DMC de 100 cm e a IE de 90%, o manejo florestal sustentado pode ser realizado em CC de 22 anos. É importante ressaltar que o manejo florestal em áreas naturais depende da regeneração, e que para esta ocorrer é necessário a existência de indivíduos reprodutivos na área, o que em *A. angustifolia*, significa indivíduos com mais de 20 anos de idade (SANT'ANNA et al., 2013). Em florestas naturais de *A. angustifolia*, a regeneração é baixa devido ao fato que o as copas das árvores reduzem a entrada de luz na floresta, o que impede a regeneração (SANT'ANNA et al., 2013). Contudo, o corte seletivo pode favorecer a regeneração.

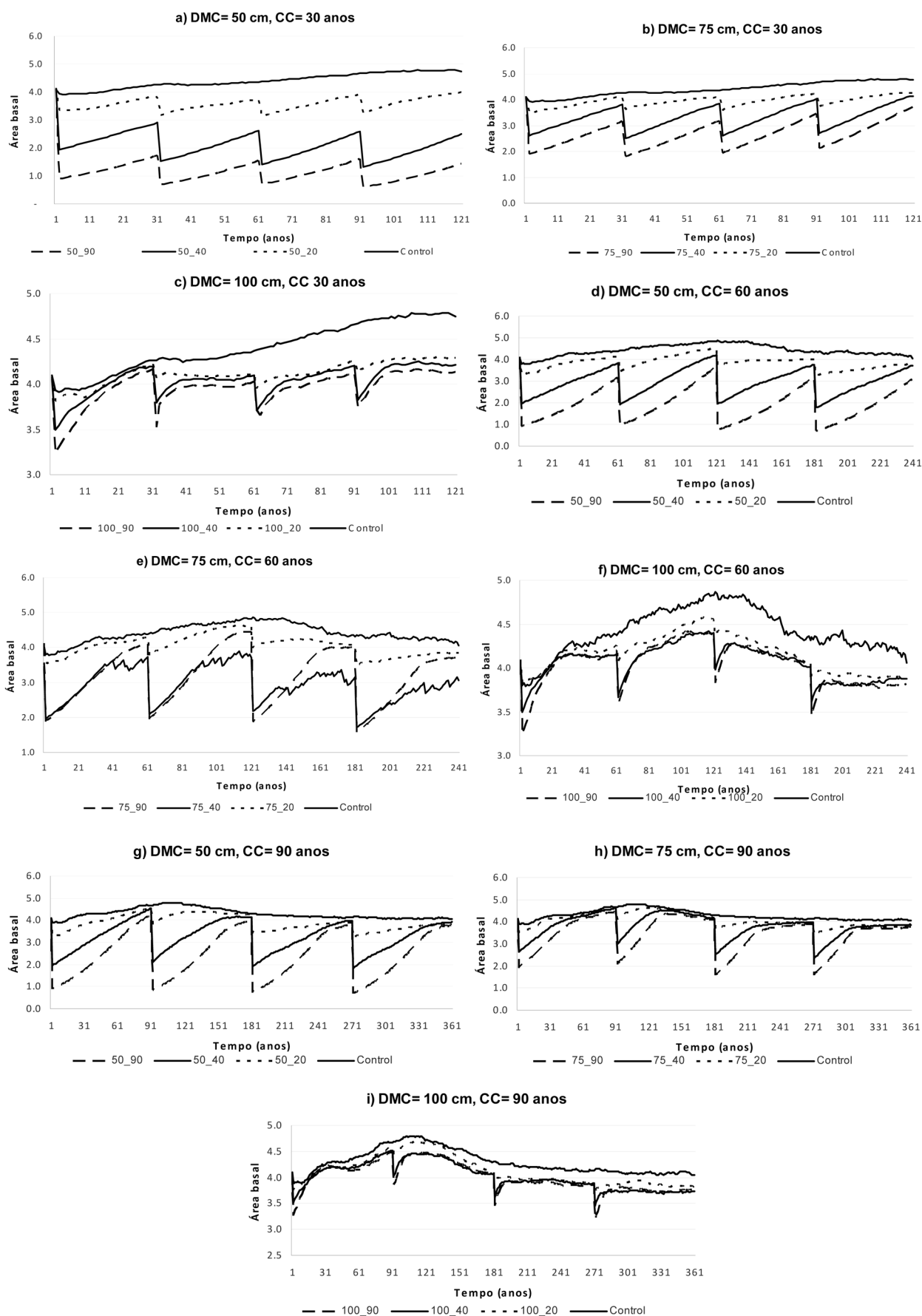
Outro ponto importante é a necessidade de manter árvores matrizes, bem como árvores masculinas na área que apresentem vigor de crescimento, boa forma do fuste e ausência de doenças para serem os pais da próxima geração, o que poderia ser considerado como um método de melhoramento florestal. Assim, as novas gerações poderão ser ainda melhores em termos de sanidade, forma do fuste e vigor de crescimento do que as populações atuais.

#### **Parâmetros demográficos para o ciclo de corte de 30 anos**

O número médio de indivíduos (N) para o cenário controle após 122 anos foi de 515 e nos cenários de exploração com DMC de 50 cm e IE de 20, 40 e 90%, o N foi reduzido em relação ao controle de -19,5, -14,4 e -7,7%, respectivamente

(Tabela 4). Logo, menores IE, resultam obviamente em menor número de indivíduos sendo explorados e menor diferença em relação a uma situação sem corte seletivo. Para o DMC de 75 e IE de 20, 40 e 90%, o N foi reduzido em -8,1%, -9,0% e -10,4%, respectivamente e para o DMC de 100 cm o N médio foi reduzido entre 5,1 a 5,8%. Fica assim evidente que quanto menor o DMC e maior a IE, maior e a redução em N. O mesmo padrão foi encontrado em outros estudos baseados em modelagem e simulações Ecogene (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014).

No cenário controle, a AB manteve-se estável até o período de 122 anos (Figura 1A, B e C), indicando estabilidade demográfica. Em geral, os cenários com maior DMC e menores IE tiveram menores impactos sobre AB, sendo o oposto também verdadeiro. A AB sofreu redução que variou de -8,8 a -89,7% quando equiparado ao cenário controle, enquanto o N diminuiu na ordem de -3,8 a -19,5%. Isso mostra claramente que o corte seletivo resultou em maior impacto na AB do que em número de indivíduos e ocorre devido ao fato de que muitas plantas regenerantes após a exploração tem baixo DAP. As maiores reduções na AB foram observados para o DMC de 50 cm e IE de 90% (Tabela 4). Dos nove cenários de corte seletivo analisados, em quatro a AB foi significativamente diferente do controle (Tabela 4). Os cenários que apresentaram diferenças significativas em relação ao controle foram os de DMC de 50 e 75 cm e IE de 40 e 90%, indicando que estes cenários não são sustentáveis para a exploração de *A. angustifolia*. Os resultados mostram claramente que o corte seletivo praticado e legalizado conforme a legislação vigente no Brasil (Resolução n° 406, de 02 de Fevereiro de 2009, MDC= 50 cm, IE= 90% e ciclos de corte (CC) variando de 25 a 35 anos) causam severas reduções na AB das populações exploradas e não é sustentável para a espécie. Estas regras também foram consideradas inadequadas para a produção de madeira em outros estudos com espécies arbóreas da Amazônia brasileira (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014), sendo observado nos respectivos trabalhos que cada espécie tem um tempo próprio para a recuperação da AB. Em suma, o manejo florestal, como é praticado atualmente no Brasil não oferece segurança alguma para a continuidade da atividade de exploração florestal a médio e longo prazo.



**Figura 1.** Cenários de exploração para os diâmetros mínimos de corte (DMC) de 50, 75 e 100 cm, intensidade de exploração (IE) de 90, 40 e 20% e ciclos de corte (CC) de 30, 60 e 90 anos.

**Figure 1.** Logging scenarios for minimum cutting diameter (MDC) of 50, 75 and 100 cm, logging intensity (IE) of 90, 40 and 20% and cutting cycles (CC) of 30, 60 and 90 years.

**Tabela 4.** Média e intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC a 95%) para parâmetros demográficos. Número de indivíduos (N) e área basal (AB) para os cenários controles e corte seletivo com diferentes diâmetros mínimo de cortes (DMC), ciclos de corte (CC) e intensidades de exploração (IE).

**Table 4.** Mean and 95% confidence interval (95% CI) for demographic parameters. Number of individuals (N) and basal area (BA) for control and selective cutting sceneries with different minimum cutting diameter (DMC), cutting cycles (CC) and logging intensities (IE).

Cenários	DMC (cm)	IE (%)	N (IC a 95%)	% de mudança	AB (IC a 95%) (m <sup>2</sup> ha <sup>-1</sup> )	% de mudança
<b>Ciclo de Corte de 30 anos</b>						
Controle	--	--	515 (484 a 549)		4,755 (4,066 a 5,401)	
Exploração	50	90	415 (349 a 454)	-19,5	0,490 (0,328 a 0,692)*	-89,7
Exploração	50	40	441 (411 a 465)	-14,4	1,243 (0,858 a 1,703)*	-73,9
Exploração	50	20	476 (444 a 506)	-7,7	3,287 (2,663 a 4,075)	-30,9
Exploração	75	90	462 (426 a 496)	-10,4	1,891 (1,468 a 2,351)*	-60,2
Exploração	75	40	469 (438 a 500)	-9,0	2,604 (2,069 a 3,158)*	-45,2
Exploração	75	20	484 (453 a 514)	-6,1	3,684 (2,995 a 4,353)	-22,5
Exploração	100	90	486 (454 a 516)	-5,8	3,689 (2,994 a 4,517)	-22,4
Exploração	100	40	489 (455 a 515)	-5,1	3,844 (3,09 a 4,415)	-19,2
Exploração	100	20	491 (464 a 523)	-4,8	4,154 (3,55 a 4,906)	-12,6
<b>Ciclo de Corte de 60 anos</b>						
Controle	--	--	506 (479 a 528)		4,061 (3,423 a 4,804)	
Exploração	50	90	422 (394 a 456)	-16,6	0,642 (0,368 a 0,952)*	-84,2
Exploração	50	40	443 (416 a 477)	-12,4	1,717 (1,143 a 2,370)*	-57,7
Exploração	50	20	473 (443 a 504)	-6,6	3,127 (2,426 a 3,776)	-23,0
Exploração	75	90	456 (421 a 496)	-9,8	1,522 (1,137 a 1,928)*	-62,5
Exploração	75	40	465 (436 a 495)	-8,2	2,347 (1,763 a 2,801)*	-42,2
Exploração	75	20	480 (446 a 511)	-5,1	3,345 (2,535 a 3,995)	-17,6
Exploração	100	90	487 (448 a 518)	-3,8	3,254 (2,638 a 3,896)	-19,9
Exploração	100	40	485 (449 a 515)	-4,0	3,455 (2,685 a 4,013)	-14,9
Exploração	100	20	486 (457 a 519)	-3,9	3,702 (2,943 a 4,532)	-8,8
<b>Ciclo de Corte de 90 anos</b>						
Controle	--	--	510 (474 a 550)		4,053 (3,390 a 4,844)	
Exploração	50	90	424 (384 a 462)	-16,9	0,715 (0,436 a 1,015)*	-82,4
Exploração	50	40	446 (413 a 474)	-12,7	1,841 (1,285 a 2,588)*	-54,6
Exploração	50	20	470 (434 a 502)	-7,8	3,129 (2,484 a 3,813)	-22,8
Exploração	75	90	454 (421 a 484)	-11,1	1,547 (1,035 a 1,991)*	-61,8
Exploração	75	40	464 (434 a 498)	-9,1	2,349 (1,728 a 2,961)*	-42,1
Exploração	75	20	481 (448 a 513)	-5,7	3,280 (2,636 a 4,011)	-19,1
Exploração	100	90	484 (444 a 517)	-5,2	3,111 (2,393 a 3,897)	-23,2
Exploração	100	40	481 (446 a 510)	-5,7	3,277 (2,505 a 4,021)	-19,1
Exploração	100	20	488 (458 a 526)	-4,3	3,689 (2,886 a 4,496)	-9,0

### Parâmetros demográficos para o ciclo de corte de 60 anos

O número de indivíduos (N) observado nas simulações para o cenário controle foi de 506 e nos cenários de exploração para o DMC de 50 cm e IE de 20, 40 e 90%, o N foi reduzido em -6,6%, -12,4% e -16,6%, respectivamente (Tabela 4). Para o DMC de 75 cm e IE de 20, 40 e 90%, o N foi reduzido em -4,0%, -8,2% e -9,8%, respectivamente. Para o DMC 100 cm verificou-se pouca redução em N em relação ao controle nas três IE, entre -4,0% a -3,8%.

O cenário controle apresentou AB média de 4,061 m<sup>2</sup> ha<sup>-1</sup> (Tabela 4). No cenário de exploração de DMC de 50 cm e IE de 90%, a AB foi significativamente menor do que a do cenário controle (Tabela 4), resultando na diminuição de

-84,2%. Para a IE de 40% a redução na AB foi de -57,7%, sendo esta AB estatisticamente menor do que a do controle. Nos anos que houve cortes (Figura 1D) é observado redução de AB em todos os ciclos, ficando por volta dos 2 m<sup>2</sup> ha<sup>-1</sup>. No segundo corte, embora haja redução, a AB final é próxima dos valores inicial. A IE de 20% apresentou a menor redução na AB (-23,0%). Com o decorrer dos ciclos de corte (Figura 1D), a AB reduziu, mas os valores ficaram próximos a AB do controle.

Para o DMC de 75 cm também houve grande redução da AB, principalmente nos cenários com as IE de 90 e 40%, sendo estes significativamente diferentes do cenário controle (Tabela 4).



Para a IE de 90%, a redução na AB foi de -62,5%. O comportamento da AB dentro deste cenário de exploração (Figura 1E) mostra que mesmo havendo redução considerável no momento do corte, a AB tende a se recuperar e no segundo corte a AB chega até mesmo recobrir a inicial. Mas nos cortes seguintes novamente acontece a redução da AB média. Para o DMC de 100 cm, mesmo não apresentando significância estatística, a IE de exploração se fez um fator considerável para a redução da AB após a exploração. Para a IE de 90, 40 e 20% a redução foi -19,9, -14,9% e -8,8%, respectivamente. Para o DMC de 100 cm e IE de 20, 40 e 90% é possível verificar que o comportamento das AB nos três cenários são bastante similares (Figura 1D, E e F), havendo maiores reduções na AB quando os cenários de cortes são mais intensos.

### **Parâmetros demográficos para o ciclo de corte de 90 anos**

Para o cenário controle de CC de 90 anos (362 anos), o N foi de 510 indivíduos (Tabela 4). Para o DMC de 50 cm e IE de 20, 40 e 90%, o N médio foi de 470 (-7,8%), 446 (-12,7%) e 424 (-16,9%), respectivamente. Para o DMC de 75 cm a redução em N variou entre as IE de -5,7 a -11,1% e para o DMC de 100 cm entre -4,3 a -5,7%. Logo, quanto maior o DMC e menor a IE menor a redução no N.

A AB foi significativamente menor do que a do controle em quatro dos nove cenários analisados para o CC de 90 anos. Diferenças significativas na AB após o corte em relação ao controle foram observados para o DMC de 50 e 75 cm e IE de 90 e 40% (Tabela 4). Para o cenário de DMC de 50 cm e IE variando de 20 a 90%, a AB reduziu de -22,8 a -82,4%; para o DMC de 75 cm reduziu entre -19,1 a -61,8% e para o DMC de 100 cm, reduziu de -9,0 a -23,2% (Tabela 4 e Figura 1G, H e I). Novamente fica evidente que o cenário de corte seletivo que causa maior redução em N é o de DMC de 50 cm e IE de 90% (Tabela 4). As menores reduções foram encontrados nos cenários com o maior DMC (100 cm) e menor IE (20%). Sebbenn et al. (2008), Lacerda et al. (2013) e Vinson et al. (2014), observaram o mesmo padrão. O corte seletivo como é praticado no Brasil causa severas reduções no número de indivíduos da população explorada. Embora a maior IE possa favorecer a regeneração e estabelecimento de novos indivíduos, pois o corte seletivo abre o dossel da floresta, outras espécies podem acabar se estabelecendo e não a

objeto da exploração, o que vai afetar a produção de madeira da espécie explorada.

Nas simulações deste estudo, a área basal sofreu forte impacto com o corte seletivo, e como é amparado pela legislação vigente, onde intensidade de corte é de 90% dos indivíduos acima do DMC de 50 cm, comprimento de ciclo de 30 anos e o volume a ser extraído de até 30 m<sup>3</sup>ha<sup>-1</sup> (Resolução n° 406, de 02 de Fevereiro de 2009), vai totalmente na contra mão dos resultados obtidos neste e em outros estudos de modelagem (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014). Como já comentado, cada espécie tem um tempo específico para recuperar AB após o corte. Logo o manejo como praticado atualmente no Brasil não é sustentável para a produção contínua de madeira. Em concordância aos resultados deste estudo, Longhi (2011) observou a redução da AB de populações de *A. angustifolia* após o corte seletivo e que quanto mais intenso é a IE, maior é também a redução da AB.

### **Diversidade genética**

Todos os cenários de corte seletivo quando comparado ao controle (Tabela 5) mostraram perda de alelos ( $k$ ), sendo esta perda maior nos cenários com menores DMC e com a maior IE (90%). Contudo, de acordo com o intervalo de confiança, nenhum dos cenários de corte foi estatisticamente diferente do controle. A perda de alelos devido ao corte seletivo de árvores foi observada em outros estudos baseados em simulações Ecogene (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014) e Selva (WERNSDÖRFER et al., 2010), bem como em estudos empíricos, comparando populações antes e após o corte seletivo de árvores (SEBBENN et al., 2001; LACERDA et al., 2008; SILVA et al., 2008). Por exemplo, utilizando modelagem Ecogene, Sebbenn et al. (2008) observaram perdas do número médio de alelos para *Bagassa guianensis*, *Hymenaea courbaril*, *Manilkara huberi* e *Symphonia globulifera* quando submetido ao corte seletivo intenso. Lacerda et al. (2013) também constatou perdas de alelos em população de *Hymenaea courbaril* quando submetido ao corte seletivo.

As heterozigosidade esperada ( $H_e$ ) e observada ( $H_o$ ) e o índice de fixação ( $F$ ) estimadas para todos os cenários de exploração também não foram significativamente diferentes do estimado para o cenário controle, logo o manejo não afetou estes parâmetros.

**Tabela 5.** Média e intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC a 95%) para parâmetros genéticos medidos nos cenários controle e de corte seletivo para diferentes diâmetros mínimo de corte (DMC), intensidades de exploração (IE) e ciclos de corte (CC).  
**Table 5.** Mean and confidence interval at 95% probability (95% CI) of genetic parameters measured in control and selective cutting scenarios for different minimum cutting diameters (DMC), logging intensities (IE) and cutting cycles (CC).

Cenários	DMC (cm)	IE (%)	$k$ (IC a 95%)	$H_e$ (IC a 95%)	$H_o$ (IC a 95%)	$F$ (IC a 95%)
<b>Ciclo de exploração de 30 anos</b>						
Controle	--	--	59 (53 a 63)	0,534 (0,503 a 0,558)	0,511 (0,484 a 0,536)	0,040 (0,009 a 0,072)
Exploração	50	90	49 (43 a 55)	0,514 (0,459 a 0,574)	0,493 (0,426 a 0,560)	0,040 (-0,053 a 0,138)
Exploração	50	40	52 (45 a 58)	0,527 (0,476 a 0,575)	0,499 (0,429 a 0,547)	0,050 (-0,010 a 0,150)
Exploração	50	20	56 (52 a 61)	0,531 (0,493 a 0,571)	0,509 (0,466 a 0,548)	0,038 (-0,017 a 0,085)
Exploração	75	90	55 (51 a 60)	0,531 (0,494 a 0,562)	0,510 (0,473 a 0,552)	0,040 (-0,013 a 0,102)
Exploração	75	40	56 (51 a 61)	0,533 (0,500 a 0,571)	0,511 (0,472 a 0,557)	0,040 (-0,024 a 0,091)
Exploração	75	20	57 (53 a 62)	0,531 (0,499 a 0,560)	0,510 (0,474 a 0,543)	0,038 (-0,001 a 0,090)
Exploração	100	90	59 (54 a 62)	0,531 (0,508 a 0,568)	0,510 (0,486 a 0,543)	0,041 (-0,008 a 0,107)
Exploração	100	40	57 (52 a 63)	0,534 (0,510 a 0,558)	0,510 (0,477 a 0,539)	0,044 (0,000 a 0,097)
Exploração	100	20	58 (53 a 62)	0,534 (0,510 a 0,560)	0,513 (0,480 a 0,539)	0,100 (0,098 a 0,110)
<b>Ciclo de exploração de 60 anos</b>						
Controle	--	--	53 (46 a 57)	0,524 (0,495 a 0,564)	0,488 (0,455 a 0,519)	0,067 (0,019 a 0,120)
Exploração	50	90	44 (39 a 51)	0,485 (0,391 a 0,572)	0,442 (0,335 a 0,531)	0,086 (0,009 a 0,196)
Exploração	50	40	48 (43 a 55)	0,513 (0,429 a 0,572)	0,468 (0,396 a 0,548)	0,085 (-0,008 a 0,173)
Exploração	50	20	51 (45 a 59)	0,518 (0,468 a 0,568)	0,480 (0,396 a 0,529)	0,069 (0,009 a 0,142)
Exploração	75	90	49 (44 a 54)	0,515 (0,459 a 0,568)	0,477 (0,405 a 0,529)	0,071 (0,012 a 0,150)
Exploração	75	40	51 (45 a 56)	0,520 (0,452 a 0,575)	0,478 (0,417 a 0,532)	0,075 (0,006 a 0,132)
Exploração	75	20	52 (46 a 57)	0,525 (0,461 a 0,572)	0,487 (0,433 a 0,533)	0,068 (0,011 a 0,135)
Exploração	100	90	52 (47 a 57)	0,527 (0,478 a 0,570)	0,485 (0,437 a 0,533)	0,073 (0,018 a 0,146)
Exploração	100	40	52 (47 a 58)	0,522 (0,466 a 0,564)	0,485 (0,422 a 0,527)	0,069 (0,004 a 0,151)
Exploração	100	20	52 (48 a 58)	0,528 (0,483 a 0,570)	0,489 (0,438 a 0,552)	0,069 (0,010 a 0,150)
<b>Ciclo de exploração de 90 anos</b>						
Controle	--	--	49 (43 a 53)	0,515 (0,453 a 0,565)	0,464 (0,404 a 0,518)	0,092 (0,041 a 0,177)
Exploração	50	90	40 (34 a 46)	0,466 (0,357 a 0,555)	0,405 (0,300 a 0,489)	0,124 (0,018 a 0,256)
Exploração	50	40	44 (39 a 50)	0,494 (0,393 a 0,566)	0,441 (0,347 a 0,520)	0,103 (0,015 a 0,224)
Exploração	50	20	47 (42 a 53)	0,511 (0,429 a 0,563)	0,463 (0,376 a 0,520)	0,090 (0,023 a 0,156)
Exploração	75	90	46 (41 a 51)	0,497 (0,431 a 0,556)	0,451 (0,377 a 0,513)	0,088 (0,010 a 0,182)
Exploração	75	40	47 (42 a 52)	0,505 (0,446 a 0,558)	0,454 (0,387 a 0,518)	0,097 (0,025 a 0,172)
Exploração	75	20	47 (41 a 54)	0,513 (0,451 a 0,567)	0,462 (0,414 a 0,524)	0,092 (0,025 a 0,187)
Exploração	100	90	48 (43 a 54)	0,512 (0,452 a 0,568)	0,463 (0,391 a 0,514)	0,091 (0,022 a 0,165)
Exploração	100	40	48 (43 a 54)	0,513 (0,441 a 0,562)	0,465 (0,405 a 0,534)	0,091 (0,030 a 0,189)
Exploração	100	20	48 (43 a 53)	0,512 (0,454 a 0,572)	0,465 (0,409 a 0,540)	0,087 (0,022 a 0,178)

$k$  é o número total de alelos nos locos;  $H_e$  e  $H_o$  são as heterozigosidades esperada e observada, respectivamente;  $F$  é o índice de fixação.

A estimativa de distancia genética de Gregorius ( $D_{Gregorius}$ ) entre as populações na idade 1, antes do corte seletivo e na idade final das simulações mostra o efeito do corte seletivo sobre a as frequência dos alelos da população em estudo (Tabela 6). No cenário de CC de 30 anos, a  $D_{Gregorius}$  para o cenário controle foi de 0,073 e para o DMC de 50 cm e IE de 90% foi maior (0,143), sendo estes valores significativamente diferentes, indicando mudanças nas frequências alélicas entre a população original e a explorada. Para as IE de 40 e 20%, a  $D_{Gregorius}$  foi 23,5 e 69,0% maior do que a observada no controle e para os DMC de 75 e 100 cm, a  $D_{Gregorius}$  aumentou menos, no máximo 26,9% paras as diferentes IE. Nas simulações para os CC de 60 e 90 anos, a  $D_{Gregorius}$  aumentou pouco, indicando

que quanto maior o DMC e a IE, menores são as alterações nas frequências alélicas entre a população original e a explorada. Logo, conclui-se, que quanto menor o CC e o DMC e maior a IE, maiores são as diferenças nas frequências alélicas entre a população original antes do corte e após o corte. Isso mostra os impactos do corte seletivo de árvores sobre a diversidade genética de populações exploradas. Isso também foi constatado por Sebbenn et al. (2008) para *Bagassa guianensis*, *Hymenaea courbaril*, *Manilkara huberi* e *Symphonia globulifera*, Lacerda et al. (2013) em *Hymenaea courbaril* e Vinson et al. (2014) para *Dipteryx odorata* e *Jacaranda copaia*. Contudo, o comprimento do ciclo de corte também teve impacto sobre a magnitude da distância genética entre a população antes e

após os ciclos de corte. Wernsdörfer et al. (2010) quando avaliaram as relações entre demografia e a importância do fluxo gênico para a conservação das populações de *Dicorynia guianensis* sob regimes corte seletivo, também observaram aumento na  $D_{Gregorius}$  para maiores comprimento do ciclo de corte. Isto é fácil de entender, visto que com maiores ciclos de corte e tempo de vida da população, muito mais eventos estocásticos como deriva genética podem ocorrer em relação a situações de populações consideradas com menor tempo de vida.

Para o CC de 30 anos, o cenário controle apresentou número de genótipos unilocos (NG) de 173 (Tabela 6). Para o DMC de 50 cm e IE de 20, 40 e 90%, a redução o NG foi de -5,7%,

-16,4% e -24,4%, respectivamente. Para o MDC de 75 cm, a redução foi menor em todas as três IE (variando de -3,8 a -7,2%) e para o MDC de 100 cm, a redução foi menor ainda (variando de -2,9 a -3,3%). Para o CC de 60 anos (Tabela 6), DMC de 50 cm e IE de 90 e 40%, a redução foi de -26,9% e -13,9% e para o DMC de 75 e IE de 90% a redução foi de -10,3%. Já as menores reduções no NG foram encontradas nos cenários com DMC de 100 cm para todas as três IE (máximo de -1,5%). Para o CC de 90 anos as três maiores reduções no NG foram observadas também nos cenário com DMC de 50 cm e IE de 90 (-29,8%) e 40% (-16,8%) e DMC de 75 cm com IE de 90% (-11%) e as menores para o DMC de 100 cm nas três IE (máximo de -4,5%). A redução no

**Tabela 6.** Médias e intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC a 95%) para parâmetros genéticos medidos nos cenários controle e de corte seletivo para diferentes diâmetro mínimo de corte (DMC), intensidades de exploração (IE) e ciclos de corte (CC).

**Table 6.** Mean and confidence interval at 95% probability (95% CI) for genetic parameters measured in control and selective cutting scenarios for different minimum cutting diameter (MCD), logging intensities (IE) and cutting cycles (CC).

Cenários	DMC (cm)	IE (%)	$D_{Gregorius}$ (IC a 95%)	% de mudança	NG (IC a 95%)	% de mudança
<b>Ciclo de Corte de 30 anos</b>						
Controle	--	--	0,073 (0,053 a 0,104)	--	173 (154 a 190)	
Exploração	50	90	0,143 (0,106 a 0,195)*	+95,5	131 (107 a 157)	-24,4
Exploração	50	40	0,123 (0,085 a 0,183)	+69,0	145 (115 a 172)	-16,4
Exploração	50	20	0,090 (0,064 a 0,128)	+23,5	163 (141 a 183)	-5,7
Exploração	75	90	0,093 (0,069 a 0,127)	+26,9	161 (143 a 179)	-7,2
Exploração	75	40	0,087 (0,067 a 0,109)	+19,1	161 (139 a 187)	-6,6
Exploração	75	20	0,081 (0,055 a 0,117)	+11,2	166 (148 a 184)	-3,8
Exploração	100	90	0,078 (0,056 a 0,100)	+7,3	167 (149 a 185)	-3,3
Exploração	100	40	0,077 (0,053 a 0,097)	+5,8	168 (145 a 190)	-2,9
Exploração	100	20	0,079 (0,060 a 0,117)	+8,4	167 (146 a 187)	-3,3
<b>Ciclo de corte de 60 anos</b>						
Controle	--	--	0,106 (0,088 a 0,137)	--	150 (132 a 164)	
Exploração	50	90	0,198 (0,137 a 0,306)	+87,2	110 (83 a 148)	-26,7
Exploração	50	40	0,152 (0,106 a 0,233)	+43,5	129 (99 a 154)	-13,9
Exploração	50	20	0,124 (0,084 a 0,184)	+16,8	143 (117 a 177)	-4,5
Exploração	75	90	0,138 (0,096 a 0,190)	+29,8	134 (109 a 154)	-10,3
Exploração	75	40	0,121 (0,084 a 0,176)	+14,1	143 (124 a 165)	-4,4
Exploração	75	20	0,116 (0,085 a 0,158)	+9,7	147 (124 a 173)	-1,8
Exploração	100	90	0,110 (0,073 a 0,148)	+3,3	149 (128 a 174)	-0,4
Exploração	100	40	0,111 (0,074 a 0,172)	+4,8	148 (120 a 178)	-1,5
Exploração	100	20	0,113 (0,075 a 0,150)	+7,0	148 (129 a 178)	-1,2
<b>Ciclo de corte de 90 anos</b>						
Controle	--	--	0,138 (0,094 a 0,184)	--	135 (106 a 162)	
Exploração	50	90	0,225 (0,154 a 0,364)	+63,1	95 (69 a 125)	-29,8
Exploração	50	40	0,181 (0,134 a 0,244)	+31,4	113 (86 a 139)	-16,8
Exploração	50	20	0,151 (0,109 a 0,236)	+9,7	129 (98 a 158)	-5,4
Exploração	75	90	0,169 (0,114 a 0,261)	+22,4	121 (100 a 144)	-11,0
Exploração	75	40	0,155 (0,106 a 0,239)	+12,1	125 (98 a 153)	-8,0
Exploração	75	20	0,144 (0,100 a 0,220)	+4,4	130 (108 a 155)	-4,4
Exploração	100	90	0,143 (0,100 a 0,220)	+3,8	131 (106 a 156)	-3,4
Exploração	100	40	0,147 (0,097 a 0,221)	+6,2	130 (105 a 154)	-4,5
Exploração	100	20	0,141 (0,099 a 0,192)	+1,9	132 (108 a 156)	-2,6

$D_{Gregorius}$  é a distância genética de Gregorius; NG é o número de genótipos unilocos. Percentual relativo em relação ao cenário controle correspondente; \* P < 0,05.

$NG$  se dá devido a retirada de indivíduos pelo corte seletivo e com isso, há redução no número de alelos, devido ao efeito gargalo genético. Com a redução no número de alelos, menor número de combinações genotípicas podem ser formadas, resultando em menor  $NG$ .

A atividade de exploração florestal, mesmo baseada no regime de manejo florestal de baixo impacto, que é executada de acordo com as normativas que regulamenta esta atividade causam impactos nas florestas, tanto na diversidade de espécies e genética dentro de espécies, demografia, AB e sistema de reprodução, como foi observado no presente e em outros estudos. A redução em  $NG$ , devido ao corte seletivo também foi observado em outros estudos dos impactos do corte seletivo na diversidade de espécies arbóreas tropicais (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014). De acordo com Jennings et al. (2001) o corte seletivo de árvores pode resultar diretamente na perda da diversidade genética com a perda de alelos em especial os de frequência baixa (<0,05), causando o afinilamento da base genética das populações sob exploração por corte seletivo de árvore. Fato este detectado em muitos outros estudos baseados em modelagem e em dados empíricos (SEBBENN et al., 2001; LACERDA et al., 2008; SEBBENN et al., 2008; SILVA et al., 2008; WERNSDÖRFER et al., 2010; LACERDA et al., 2013; VINSON et al., 2014).

### Correlação de Spearman

A estimativa da correlação ordinal de Spearman entre o número de indivíduos (N) e o número de alelos (k) para os três CC, DMC e IE foi positiva, alta e significativamente diferente de zero (mínimo de 0,91, Tabela 7), o que indica que quanto maior o número de indivíduos remanescentes nos cenários após o corte e no controle, maior é o número de alelos retidos na população. Logo, maior a diversidade genética e maior a possibilidade de serem geradas novas combinações genéticas nas novas gerações. Isso pode ser interpretado como

maior potencial evolutivo. Este resultado indica que quanto menor a o DMC e maior a IE, maior é a perda de alelos na população remanescente após os três ciclos de corte simulados. Igualmente, a correlação de Spearman entre o N e os parâmetros  $H_o$ ,  $H_e$  e  $NG$  também foi positiva, alta e significativa (mínimo de 0,75), indicando que quanto menor é o DMC e maior a IE, menor são os níveis de diversidade genética nas populações após os sucessivos cortes seletivos. Por sua vez, a correlação entre N e a estimativa da  $D_{Gregorius}$  entre o primeiro e último ano de simulação e o número de indivíduos remanescentes após os ciclos de corte simulados, foi negativa, alta e significativa. Isso demonstra que o corte seletivo muda as frequências alélicas em relação a população original, antes do corte, sendo esta mudança mais intensa para menores DMC e maiores IE. Em suma, os resultados das correlações demonstram claramente um efeito negativo da adoção de baixos DMC e altas IE sobre a diversidade genética das populações remanescentes de *A. angustifolia*. Este mesmo padrão foi também observado em estudos similares ao presente, para as espécies da Amazônia brasileira *Bagassa guianensis*, *Hymenaea courbaril*, *Manilkara huberi* e *Symphonia globulifera* (SEBBENN et al., 2008; LACERDA et al., 2013), o que reforça a conclusão de que a utilização de baixos DMC e altas IE, reduzem a diversidade genética das populações remanescentes.

### CONCLUSÕES

De acordo com as simulações realizadas para a população de *Araucaria angustifolia*, para as regras de manejo utilizadas no Brasil, seria necessário 84 anos para recuperar a área basal inicial.

O cenário que mais causou interferência nos parâmetros demográficos e genéticos analisados foi o DMC de 50 cm, IE de 90% e ciclo de corte de 30 anos, o mesmo que é exercido nos manejos florestais legalizado pela legislação florestal, não apresentando sustentabilidade em AB e genética.

**Tabela 7.** Estimativas do coeficiente de correlação de Spearman ( $\rho$ ) entre o tamanho da população remanescente (N) e parâmetros de diversidade genética após simulação de 122, 242 e 362 anos.

**Table 7.** Estimates of the Spearman correlation coefficient ( $\rho$ ) between the size of the remaining population (N) and parameters of genetic diversity after 122, 242 and 362 simulated years.

Parâmetros	$\rho$ (30 anos)	$\rho$ (60 anos)	$\rho$ (90 anos)
Total número de alelos: k	0,94 **	0,96 **	0,91 **
Heterozigosidade observada: $H_o$	0,75 *	0,92 **	0,86 **
Heterozigosidade esperada: $H_e$	0,75 *	0,88 **	0,90 **
Distância genética de Gregorius: $D_{Gregorius}$	-0,91 **	-0,94 **	-0,91 **
Número genótipo unilocos: $NG$	0,90 **	0,97 **	0,93 **

\* P < 0,05; \*\* P < 0,01.

Nesta pesquisa o cenário mais indicado para atingir o manejo sustentado é o de DMC de 100 cm, IE de 90%, com ciclo de corte de no mínimo 22 anos.

Finalmente, é importante ressaltar que existem diferenças no crescimento das árvores entre as regiões de ocorrência natural da espécie e estudos mostram que populações de ocorrência na região mais sul de distribuição da espécie, como o Rio Grande do Sul e Santa Catarina apresentam crescimento mais lento, logo vão requerer ciclos mais longos do que 22 anos para o DMC de 100 cm e IE de 90%.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Patterns of pollen and seed dispersal in a small, fragmented population of the wind-pollinated tree *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. *Heredity*, Edinburgh, v. 99, n. 6, p. 580-591, 2007.
- BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Pollen movement and spatial genetic structure in a continuous forest of wind-pollinated *Araucaria angustifolia*, inferred from paternity and TWOGENER analysis. *Conservation Genetics*, Amsterdam, v. 9, n. 4, p. 855-868, 2008.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas. 2003. v. 1, 1039 p.
- DEGEN, B.; GREGORIUS, H. R.; SCHOLTZ, F. ECOGENE, a model for simulation studies on the spatial and temporal dynamics of genetic structures of tree populations. *Silvae Genetica*, Frankfurt, v. 45, n. 5-6, p. 323-329, 1996.
- DEGEN, B.; WATSON, L. **User's manual for Ecogene**. Version 4.1. 2004. 630 p.
- JENNINGS, S. B.; BROWN, N. D.; BOSHIER, D. H.; WHITMORE, T. C.; LOPES, J. C. A. Ecology provides a pragmatic solution to the maintenance of genetic diversity in sustainably managed tropical rain forests. *Forest Ecology and Management* Amsterdam, v. 154, n. 1-2, p. 1-10, 2001.
- LACERDA, A. E. B.; KANASHIRO, M.; SEBBENN, A. M. Long-pollen movement and deviation of random mating in a low-density continuous population of a tropical tree *Hymenaea courbaril* in the Brazilian Amazon. *Biotropica*, Lawrence, v. 40, n. 4, p. 462-470, 2008.
- LACERDA, A. E. B.; NIMMO, E. R.; SEBBENN, A. M. Modelling the long-term impacts of logging on genetic diversity and demography of *Hymenaea courbaril*. *Forest Science*, Bethesda, v. 59, n. 1, p. 15-26, 2013.
- LONGHI, R. V. **Manejo experimental de uma floresta ombrófila mista secundária no Rio Grande do Sul**. 2011. 83 p. Dissertação (Mestrado em Manejo Florestal). Universidade Federal de Santa Maria, 2011.
- MAZZA, M. C. M.; BITTENCOURT, J. V. Extração de DNA de tecido de *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae). *Boletim de Pesquisa Florestal*, Colombo, v. 41, p. 12-17, 2000.
- MOSSELER, A.; MAJOR, J. E.; RAJORA, O. P. Old-growth red spruce forests as reservoirs of genetic diversity and reproductive fitness. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 106, n. 5, p. 931-937, 2003.
- MURAWSKI, D. A.; GUNATILLEKE, I. A. U. N.; BAWAS, K. S. The effects of selective logging on inbreeding in *Shorea megistophylla* (Dipterocarpaceae) from Sri Lanka. *Conservation Biology*, Washington, v. 8, n. 4, p. 997-1002, 1994.
- RAJORA, O. P.; PLUHAR, S. A. Genetic diversity impacts of forest fire, forest harvesting, and alternative reforestation practices in black spruce (*Picea mariana*). *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 106, n. 7, p. 1203-1212, 2003.
- SALGUEIRO, F.; CARON, H.; SOUSA, M. I. F.; KREMER, A.; MARGIS, R. Characterization of nuclear microsatellite loci in South American Araucariaceae species. *Molecular Ecology Notes*, Oxford, v. 5, n. 2, p. 256-258, 2005.
- SANT'ANNA, C. S.; SEBBENN, A. M.; KLABUNDE, G. H. F.; BITTENCOURT, R.; NODARI, R. O.; MANTOVANI, A.; REIS, M. S. Realized pollen and seed dispersal within a continuous population of the dioecious coniferous Brazilian pine [*Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze]. *Conservation Genetic*, Arlington, v. 14, n. 3, p. 601-613, 2013.
- SEBBENN, A. M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, M. B.; LACERDA, A. E. B.; CIAMPI, A. Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F. S.; THOMPSON, I.; LOVELESS, M. D. Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest. *Forest Ecology and Management*, Amsterdam, v. 254, n. 2, p. 335-349, 2008.

- SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. A. S.; FREITAS, S. A.; FREITAS, J. A. Variação genética procedências de cinco *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n. 2, p. 91-99, 2004.
- SEBBENN, A. M.; PONTINHA, A. A. S.; GIANOTTI, E.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética entre e dentro de procedências e progênies de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. no sul do Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, n. 2, p. 109-124, 2003.
- SEBBENN, A. M.; SEOANE, C. E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; LACERDA, C. M. B. Estrutura genética de populações de *Tabebuia cassinoides*: Implicações para o manejo florestal e a conservação genética. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 13, n. 2, p. 93-113, 2001.
- SILVA, M. B.; KANASHIRO, M.; CIAMPI, A. Y.; THOMPSON, I.; SEBBENN, A. M. Genetic effects of selective logging and pollen gene flow in a low-density population of the dioecious tropical tree *Bagassa guianensis* in the Brazilian Amazon. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 255, n. 5-6, p. 1548-1558, 2008.
- SOUSA, V. A.; SEBBENN, A. M.; HATTEMER, H. H.; ZIEHE, M. Correlated mating in populations of a dioecious Brazilian conifer, *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 12, n. 2, p. 107-119, 2005.
- VINSON, C. C.; KANASHIRO, M.; SEBBENN, A. M.; WILLIAMS, T. C. R.; HARRIS, S. A.; BOSHIER, D. H. Long-term impacts of selective logging on two Amazonian tree species with contrasting ecological and reproductive characteristics: inferences from Ecogene model simulations. **Heredity**, Edinburg, [s.i.], p. 1-10, 2014.
- WERNSDÖRFER, H.; CARON, H.; GERBER, S.; CORNU, G.; ROSSI, V.; MORTIER, F.; GOURLET-FLEURY, S. Relationships between demography and gene flow and their importance for the conservation of tree populations in tropical forests under selective felling regimes. **Conservation Genetics**, Arlington, v. 12, n. 1, p. 15-29, 2010.

Recebido em 29/05/2014  
Aceito para publicação em 12/02/2015