

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E ENGENHARIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

ALÉXIA GONÇALVES PEREIRA

**DISTRIBUIÇÃO DE *Euterpe edulis* Martius NA MATA ATLÂNTICA
REVELA DIFERENTES NÍVEIS DE VARIABILIDADE GENÉTICA:
IMPLICAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO**

ALEGRE – ES

2019

ALÉXIA GONÇALVES PEREIRA

**DISTRIBUIÇÃO DE *Euterpe edulis* Martius NA MATA ATLÂNTICA
REVELA DIFERENTES NÍVEIS DE VARIABILIDADE GENÉTICA:
IMPLICAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo.

Orientador: Prof.^a Dr.^a Marcia Flores da Silva Ferreira.

Coorientador: Prof^o. Dr. Adésio Ferreira.

ALEGRE – ES

2019

ALÉXIA GONÇALVES PEREIRA

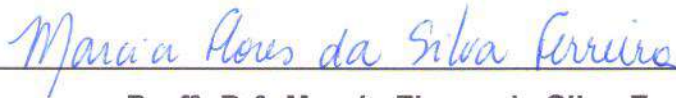
**DISTRIBUIÇÃO DE *Euterpe edulis* Martius NA MATA
ATLÂNTICA REVELA DIFERENTES NÍVEIS DE VARIABILIDADE
GENÉTICA:**

IMPLICAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Espírito Santo como requisito do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento.

Aprovado em 28 de fevereiro de 2019.

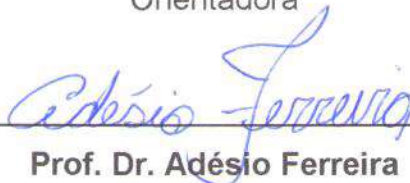
COMISSÃO EXAMINADORA



Prof^a. Dr^a. Marcia Flores da Silva Ferreira

Universidade Federal do Espírito Santo

Orientadora



Prof. Dr. Adésio Ferreira

Coorientador



Dr^a. Amélia Carlos Tuler

Escola Nacional Botânica Tropical

Jardim Botânico do Rio de Janeiro



Dr. Pedro Henrique Dias dos Santos

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

Ficha catalográfica disponibilizada pelo Sistema Integrado de Bibliotecas - SIBI/UFES e elaborada pelo autor

G635d Gonçalves Pereira, Aléxia, 1994-
Distribuição de *Euterpe edulis* Martius na Mata Atlântica revela diferentes níveis de variabilidade genética : Implicações para a conservação / Aléxia Gonçalves Pereira. - 1029. 78 f.

Orientadora: Marcia Flores da Silva Ferreira.

Coorientador: Adésio Ferreira.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramentos) - Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Engenharias.

1. Genética de Populações. 2. Recursos naturais - Conservação. 3. Melhoramento Genético. 4. Genética Molecular. I. Flores da Silva Ferreira, Marcia. II. Ferreira, Adésio. III. Universidade Federal do Espírito Santo. Centro de Ciências Agrárias e Engenharias. IV. Título.

CDU: 631.523

“Life's not about how hard of a hit you can give...
it's about how many you can take,
and still keep moving forward.”
— Sylvester Stallone, Rocky Balboa

AGRADECIMENTOS

“Ponha Deus no início e ele cuidará do fim”

Agradeço a Deus por me dar as oportunidades de ser forte, paciente e resiliente, ajudando a me reinventar todos os dias;

Sou muito grata a toda a minha família, principalmente ao meu pai, minha mãe e meu irmão, que me apoiaram e participaram ativamente dessa pesquisa, seja me levando para as coletas, ajudando a raspar meu material para extrair DNA ou me cedendo um colo nos momentos mais difíceis. Obrigada também a todas as orações, foram muitos rosários até chegarmos aqui;

Ao meu namorado por toda a paciência e carinho todos os dias, mas principalmente durante todas as crises de ansiedade e noites viradas. Sua ajuda na reta final foi essencial;

A todos os meus amigos do laboratório de genética e da Biometria pela excelente convivência nesses dois anos. Me aguentar não é fácil, mas vocês estão de parabéns. Aos amigos do laboratório BqMol, agradeço pela amizade de longa data e por todo o apoio;

Aos amigos José Henrique, Guilherme e Ramon que ajudaram ativamente nesse projeto coletando as amostras analisadas. Vocês embarcaram em uma viagem longa, cansativa, com chuva, com calor, com perrengue, com muitas horas de caminhada mata a dentro, com carro quebrado, horas de avião e noites mal dormidas. Minhas palavras nunca conseguiram transmitir o tamanho da minha gratidão;

Às minhas parceiras de Fit Dance, de laboratório e da vida Luziane e Luara, vocês fizeram desse Alegre um lugar mais feliz. Já estou com saudades;

À todas as pessoas que contribuíram com a parte de bancada do laboratório, principalmente a Luziane (não é à toa que tem Luz no nome) e a Francine. Sem a ajuda de vocês eu não teria conseguido. Nós sobrevivemos à todas as extrações de DNA e aos inúmeros géis;

Aos técnicos Ramon e Sônia pelo cuidado com as minhas amostras, pelas inúmeras placas de PCR lavadas e por todo carinho e amizade. Vocês são INCRÍVEIS;

À Sandra por não me deixar enlouquecer e me mostrar outras perspectivas de uma mesma situação;

Agradecimentos especiais a professora Fernanda Gaiotto e sua equipe Daniela, Horlei e Vanessa da Universidade Estadual de Santa Cruz (Ilhéus- BA) pela parceria e auxílio nas análises;

À minha orientadora Marcia Flores e meu coorientador Adésio Ferreira pela confiança depositada em mim para a realização desse trabalho e por todo conhecimento transmitido;

À minha banca examinadora Amélia Tuler e Pedro Henrique Dias pela colaboração e ricas contribuições para melhoria deste trabalho.

À Universidade Federal do Espírito Santo, ao Centro de Ciências Agrárias e Engenharias e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade concedida para realização do mestrado e a todos os professores pelo conhecimento transmitido.

À todas as unidades de conservação pela autorização para a realização da pesquisa e apoio logístico;

À VALE e a FAPES pelo financiamento da pesquisa, a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudo e ao CNPq pela concessão de bolsa de pesquisa.

À todos vocês minha gratidão. Peço que Deus os abençoe e que Maria os protejam.

BIOGRAFIA

Aléxia Gonçalves Pereira, filha de Cláudia Cabral Gonçalves e Alexandre Gonçalves Pereira, natural de Cachoeiro de Itapemirim - ES, nascida em 11 de março de 1994.

Em março de 2012, ingressou como aluna de graduação no curso de Bacharel em Ciências Biológicas, na Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), campus de Alegre - ES. Concluiu o curso em junho de 2016, colando grau em agosto de 2016 onde obteve o título de Bacharela em Ciências Biológicas. Em março de 2017, iniciou o curso de mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), em Alegre - ES, na linha de pesquisa Biotecnologia, sob orientação da professora Marcia Flores. Atuou em atividades de pesquisa com ênfase em diversidade genética e genética molecular de espécies vegetais, submetendo-se à defesa de dissertação em fevereiro de 2019.

PEREIRA, Aléxia Gonçalves. Distribuição de *Euterpe edulis* Martius na Mata Atlântica Revela Diferentes Níveis de Variabilidade Genética: Implicações para a Conservação. 2019. Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento). Universidade Federal do Espírito Santo. Orientadora: Dr^a. Marcia Flores da Silva Ferreira. Coorientador: Dr. Adésio Ferreira.

RESUMO

A *Euterpe edulis*, conhecida como palmeira Juçara, é uma espécie chave de ampla distribuição na Mata Atlântica, com ocorrência registrada em diferentes fitofisionomias. É categorizada como vulnerável a extinção devido à perda de habitat, fragmentação e exploração do palmito, de grande interesse gastronômico. Mesmo nessa situação, estudos com marcadores moleculares mostram alta diversidade, baixos índices de endogamia e de estruturação genética. Em busca de respostas sobre a distribuição da diversidade genética e da estruturação dessa espécie na Mata Atlântica, analisou-se 26 populações e 527 indivíduos ao longo do bioma. As amostras foram obtidas de importantes Unidades de Conservação nacionais e estaduais, RPPNs e fragmentos que contivessem um mínimo de 15 indivíduos adultos. Oito marcadores moleculares SSR foram utilizados para acessar a diversidade genética inter e intrapopulacional e avaliar a estruturação da espécie. Considerando todos os indivíduos analisados, encontrou-se perda de diversidade genética ($H_e=0,87$ e $H_o=0,49$) e endogamia alta ($F=0,43$). O Sudeste e o Centro-Oeste apresentaram as maiores H_o e o Nordeste a menor, sendo a região mais endogâmica. Os estados de Minas Gerais, Distrito Federal e Rio de Janeiro apresentaram as maiores frequências de H_o , com Espírito Santo, Bahia e Paraná os detentores das maiores taxas de endogamia. Para as populações, a H_e variou de 0,48 a 0,79, a H_o de 0,30 a 0,63. Os maiores índices de fixação (F) pertenceram a Reserva Natural da VALE - ES (0,60), ao Parque Nacional do Iguaçu - PR (0,46), a Serra da Jiboia – BA (0,46) e ao Parna da Serra da Bocaina - RJ (0,44) sendo os maiores valores já relatados na literatura. Esse resultado é uma consequência da recuperação natural da espécie após processo de exploração, associado ao comportamento de forrageamento dos polinizadores e ausência grandes dispersores de sementes. A proteção exercida pelas unidades de conservação, possibilitou o tempo de resposta necessário para que a espécie imprimisse geneticamente às pressões a que está submetida. A estruturação genética entre populações por F_{ST} e AMOVA foi baixa, porém análises por STRUCURE e PCoA demonstraram um processo de diferenciação inicial para a espécie dentro das regiões geográficas. Também foi possível detectar populações com composição genética únicas como Parque Nacional da Serra Talhada e a Estação ecológica de Murici em Alagoas; a RPPN Estação de VERACEL e a Serra da Jiboia – Reserva Jequitibá na Bahia; a Reserva Ecológica do IBGE em Brasília, o Parque Estadual do Itapeva e a Reserva Biológica da Mata Paludosa no Rio Grande do Sul. Essas populações podem maximizar variabilidade para programas de conservação e pré-melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: Palmito Juçara; Estruturação Genética; Unidades de Conservação; Fitofisionomias.

PEREIRA, Aléxia Gonçalves. Distribution of *Euterpe edulis* in the Atlantic Forest reveals different levels of genetic variability: implications for conservation. 2019. Masters dissertation (Master in Genetics and Breeding). Federal University of Espírito Santo. Advisor: Dr. Marcia Flores da Silva Ferreira. Coordination: Dr. Adésio Ferreira.

ABSTRACT

Euterpe edulis, known as the heart palm, is a key species of the Atlantic Forest, recorded in different phytophysiological forms. It is categorized as vulnerable to extinction due to loss of habitat, fragmentation and exploitation of the heart palm, which is of great gastronomic interest. Even considering this situation, studies with molecular markers has shown high diversity, low index for endogamy and genetic structuring. In search of answers about the distribution of the genetic diversity and the structure of this species in the Atlantic Forest, this study analyzed 26 variables and 527 individuals along the biome. The samples were collected from important national and international Conservation Units, RPPNs and fragments containing a minimum of 15 adult individuals. Eight SSR molecular markers were used to verify the existence of an inter and intrapopulation and evaluate the species structuring. Considering all the individuals analyzed, the study found out a loss of genetic diversity ($H_e = 0.87$ and $H_o = 0.49$) and high inbreeding ($F = 0.43$). The Southeast and the Midwest presented the largest H_o while the Northeast presented the smaller, thus being the most inbred region. The states of Minas Gerais, Federal District and Rio de Janeiro presented the highest frequencies in H_o , with Espírito Santo, Bahia and Paraná, with the highest rates of inbreeding. Analyzing by populations, H_e ranged from 0.48 to 0.79, H_o ranged from 0.30 to 0.63. The highest indexes of fixation (F) belong to VALE - ES Natural Reserve (0.60), Iguaçu National Park - PR (0,46), Serra da Jibóia - BA (0,46) and Parna da Serra da Bocaina - RJ (0.44), these being the highest values reported in the literature. This result represents a natural recovery process after the exploitation process, associated with the foraging behavior of pollinators and the absence of large seed dispersers. The maintenance process carried out by conservation units allowed the necessary response time for a species to genetically imprints the pressures it undergoes. Genetic variation between plants by F_{ST} and AMOVA was low, although analyzes by STRUCTURE and PCoA demonstrated an initial deforestation process for a species within geographic regions. It was also possible to identify populations with unique genetic compositions, such as in the Serra Talhada National Park and the Murici Ecological Station in Alagoas; the RPPN VERACEL Station and the Serra da Jibóia - Jequitibá Reserve in Bahia; IBGE Ecological Reserve in Brasília, Itapeva State Park and Mata Paludosa Biological Reserve in Rio Grande do Sul. These populations may increase the variation for conservation and pre-improvement programs.

KEY WORDS: Heart Palm; Genetic Structuring; Conservation units; Phytophysiological forms.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Mapa dos Domínios da Mata Atlântica, Fitofisionomias. Adaptado do IBGE, 1993.....	19
Figura 2. Áreas protegidas em hectares (em verde) e o número de Unidades de Conservação (UCs) em cada bioma brasileiro (em azul escuro). Adaptado do ICMBio, 2018.....	21
Figura 3. Estrutura populacional de <i>Euterpe edulis</i> na Mata Atlântica. (A) considerando as populações, (B) plotagem dos 4 grupos utilizados no trabalho com suas localizações geográficas, (C) considerados os indivíduos. Adaptado de CARVALHO, 2017.....	28
Figura 4. Imagens da distribuição de <i>Euterpe edulis</i> no Brasil. (A) Mapeamento dos pontos de ocorrência da espécie e locais estudados para diversidade e estruturação genética. (B) Mapas consenso de adequação climática média entre os dez modelos de nicho ecológico, cinco Modelos de circulação geral atmosfera-oceano e três períodos de tempo, evidenciando a retração da condição favorável e desenvolvimento da palmeira juçara. Adaptado de Carvalho et al. (2017).	29
Figura 5 - Mapa do Brasil evidenciando as áreas de amostragem de <i>Euterpe edulis</i> nos estados brasileiros no contexto do bioma da Mata Atlântica representado pela cor verde.	35
Figura 6 - Mapa do Brasil evidenciando as áreas de amostragem de <i>Euterpe edulis</i> nos estados brasileiros no contexto das fitofisionomias brasileiras (B).....	36
Figura 7 - Gráfico dos índices de diversidade genética das 26 populações de <i>Euterpe edulis</i> amostradas na Mata Atlântica	44
Figura 8 - Dendogramas das populações de <i>Euterpe edulis</i> por estados. (A) Alagoas, com diferenciação das populações, (B) Bahia, indicando processo de diferenciação genética de algumas populações.....	49
Figura 9 - Estruturação genética dos 527 indivíduos de <i>Euterpe edulis</i> provenientes de 10 estados brasileiros, baseada na análise de coordenadas principais (PCoA).	52
Figura 10 - Estruturação genética dos 507 indivíduos, excluindo a população do Distrito Federal, baseada na análise de coordenadas principais (PCoA).....	53
Figura 11. Análise de estrutura genética por inferência bayesiana das 26	

populações de *Euterpe edulis* com K=2 grupos representados pelas cores vermelha, verde..... 54

Figura 12. Análise de estrutura genética por inferência bayesiana das 26 populações de *Euterpe edulis* com K=3 grupos representados pelas cores vermelha, verde e azul escuro. 55

Figura 13. Análise de estrutura genética por inferência bayesiana das 26 populações de *Euterpe edulis* com K=4 grupos representados pelas cores vermelha, verde, azul escuro e amarelo. 56

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Áreas de amostragem, altitudes, número de amostras coletadas por área, órgão de concessão da autorização de coleta com finalidade científica, município, estado, região brasileira e fitofisionomias	32
Tabela 2 - Marcadores microssatélites utilizados e suas respectivas marcações de fluorescência de Matriz DS-33 e Dye set G5.....	38
Tabela 3 - Marcadores microssatélites utilizados para as análises de diversidade genética em <i>Euterpe edulis</i>	40
Tabela 4 - Parâmetros genéticos das 26 populações de <i>Euterpe edulis</i> amostradas na Mata Atlântica.....	41
Tabela 5 – Parâmetros genéticos dos estados e regiões brasileiras amostradas neste trabalho com <i>Euterpe edulis</i>	45
Tabela 6 - Análise de variância molecular (AMOVA) realizadas a partir de dados de marcadores microssatélites, para três níveis hierárquicos em 527 indivíduos, 26 populações de 10 estados brasileiros	46
Tabela 7 - Índices de diferenciação genética populacional para os estados e as regiões brasileiras	47

ÍNDICE

Epígrafe	v
Agradecimentos	vi
Biografia	viii
Resumo	ix
<i>Abstract</i>	x
Lista de Figuras	xi
Lista de Tabelas	xiii
1 INTRODUÇÃO.....	16
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	18
2.1 Mata Atlântica	18
2.2 <i>Euterpe edulis</i> Martius.....	22
2.3 Estado da arte da diversidade genética de <i>Euterpe edulis</i>	25
3 OBJETIVOS.....	30
3.1 Objetivo geral	30
3.2 Objetivos específicos	30
4 MATERIAL E MÉTODOS	31
4.1 Áreas de Estudo.....	31
4.2 Coleta do Material Botânico	37
4.3 Extração de DNA total.....	37
4.4 Marcadores Microssatélites.....	37
4.5 Análise de Dados de Marcadores Microssatélites.....	38
5 RESULTADOS	40
5.1 Caracterização dos marcadores microssatélites	40
5.2 Análises intrapopulacionais.....	41
5.3 Análises interpopulacionais.....	46
6 DISCUSSÃO.....	57
6.1 Diversidade genética intrapopulacional.....	57
6.2 Diversidade genética interpopulacional e estruturação genética	58
6.3 Áreas prioritárias para pré-melhoramento e conservação.....	61
7 CONCLUSÃO	62
8 REFERÊNCIAS	63
9 APÊNDICE	70
Apêndice 2 –.....	71
Apêndice 3.....	72

Apêndice 4.....	73
Apêndice 5.....	74
Apêndice 5.....	75
Apêndice 6.....	76
Apêndice 6.....	77

1 INTRODUÇÃO

A Mata Atlântica é um bioma costeiro, tropical e composto de diferentes tipos de vegetação que ocorrem em regiões determinadas e são influenciadas pelo tipo de clima, período de chuvas, pela proximidade do oceano e pelo relevo (OLIVEIRA-FILHO, FONTES 2000; RIO DE JANEIRO, 2012). Nesses ecossistemas, fitofisionomias, as condições bióticas e abióticas possibilitam a formação de nichos ecológicos e habitats distintos e específicos, favorecendo o aparecimento de espécies animais e vegetais endêmicas, as de distribuição restrita. Devido a exploração histórica desse bioma, a biodiversidade e os centros de endemismo estão ameaçados por diversos fatores e suas consequências, dos quais os principais são a derrubada da vegetação, a fragmentação dos habitats e a poluição. Por esses motivos, a Mata Atlântica foi incluída na lista dos *hotspots* mundiais prioritários para conservação (MYERS, 2000).

Para a preservação da biodiversidade e dos serviços ecológicos prestados ao meio ambiente e a humanidade, tem-se investido na delimitação de unidades de conservação da Mata Atlântica. Essas áreas são delimitadas baseadas em várias informações, inclusive em informações de diversidade genética de espécies com elevada importância ecológica (BRASIL, 2011). *Euterpe edulis*, popularmente conhecida como juçara, é uma espécie de palmeira típica e amplamente distribuída na Mata Atlântica. É considerada uma espécie chave, pois produz grande quantidade de frutos (GALVI, PIÑA – RODRIGUES, 2005; LORENZI et al., 2010), estando presente na base da alimentação de aves e roedores. Além dos frutos, essa palmeira produz o palmito, uma parte comestível e saborosa, muito apreciada na culinária. Para suprir a demanda de palmito do mercado, essa palmeira foi alvo de corte intensivo por vários anos, sendo esse processo responsável pela morte dos indivíduos explorados e pela categorização da espécie como vulnerável a extinção (MARTINELLI, MORAES, 2013).

Essa espécie tem despertado a preocupação e a curiosidade de pesquisadores. Buscando entender se os eventos de exploração, fragmentação e isolamento das populações naturais afetavam a diversidade genética da palmeira juçara, muitos trabalhos foram realizados em diferentes pontos da distribuição da espécie (GAIOTTO et al., 2003; SEOANE, 2005; CARVALHO et al., 2015; SANTOS et al., 2015, KONZEN et al., 2017, CARVALHO et al., 2018; LAUTERJUNG et al., 2019).

Os resultados encontrados indicam que esses processos ainda não imprimiram seus efeitos nas populações remanescentes, de forma que ainda é detectado alta diversidade genética, endogamia e estruturação baixa.

Acredita-se que essa alta diversidade ainda seja o reflexo do tamanho populacional histórico e da influência da região biogeográfica em que a espécie está situada. A estruturação genética da espécie é baixa, não existindo padrões espaciais relatados, mas trabalhos mostram que a retração de habitats adequados desde o Holoceno Médio até os tempos atuais e a perda de dispersores de grande porte influenciam a distribuição da diversidade genética (CARVALHO et al, 2015; CARVALHO et al, 2016; CARVALHO et al, 2017).

De maneira geral os estudos sobre a diversidade e estruturação de *E. edulis* envolviam populações dentro de um local ou poucos estados. Carvalho et al. (2017) foi o trabalho com maior cobertura do bioma, com a realização de uma revisão bibliográfica dos dados de diversidade genética com finalidade de modelagem de adaptabilidade de habitat da espécie. Dessa forma, surgiram alguns questionamentos:

1. Como ocorre a distribuição da diversidade genética de *E. edulis* na Mata Atlântica?
2. A espécie apresenta algum padrão de estruturação genética no bioma?
3. Existem regiões diferenciadas geneticamente que possam servir de alvo para obtenção de novos germoplasmas para programas de pré-melhoramento e conservação desta espécie?

As Hipóteses levantadas neste trabalho preveem *Euterpe edulis* é uma espécie que apresenta alta diversidade genética ao longo de sua dispersão no bioma da Floresta Atlântica. Que existiria um padrão de estruturação genética para a espécie que possibilitaria a detecção de grupos genéticos diferentes, que poderiam servir de alvo para busca de novos germoplasmas para programas de pré-melhoramento e conservação desta espécie. Portanto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar a diversidade genética inter e intrapopulacional e a estruturação genética de populações de *E. edulis* na Mata Atlântica brasileira.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Mata Atlântica

A Mata Atlântica é um bioma tropical que originalmente se estendia continuamente na costa leste, abrangendo 17 estados brasileiros, além de parte da Argentina e do Paraguai (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2018). A composição da vegetação é altamente heterogênea. Engloba um conjunto bem distinto de ecossistemas com estruturas e espécies que seguem as características climáticas e geográficas de cada região, por definição chamadas de fitofisionomias. A vegetação desses locais é influenciada pela altitude e pela distância até oceano, que dita o regime de chuvas e a delimitação das estações úmidas e secas (OLIVEIRA-FILHO, FONTES 2000; RIO DE JANEIRO, 2012).

São representantes da Mata Atlântica, a Floresta Ombrófila Densa, localizada em regiões de temperatura elevada, com chuvas regulares e bem distribuídas ao longo do ano. É encontrada em encostas dos planaltos e/ou serras, terraços, planícies, depressões aplanadas, ou seja, em regiões de influência das massas de ar úmidas vindas do oceano. A Floresta Ombrófila Mista ou Mata de Araucárias, é um tipo de vegetação do Planalto Meridional, representante da região sul, encontrada também no oeste da região sudeste e no sul da região centro-oeste brasileira. Existem catalogados refúgios dessa fitofisionomia na Serras do Mar e da Mantiqueira (OLIVEIRA-FILHO, FONTES; 2000; RIO DE JANEIRO, 2012).

A Floresta Estacional Semidecidual também conhecida como Floresta Tropical Subcaducifólia é caracterizada pela presença de árvores que perdem as folhas durante o inverno ou estação seca, numa proporção de 20% e 50% do conjunto florestal. Essa condição é estabelecida devido as estações delimitadas de chuvas e seca ou por regiões com inverno de baixas temperaturas. É uma formação encontrada entre as florestas litorâneas e as formações vegetais do interior do país (OLIVEIRA-FILHO, FONTES; 2000; RIO DE JANEIRO, 2012).

A Floresta Estacional Decidual ocorre nas mesmas condições da Floresta Estacional Semidecidual, porém a vegetação é predominantemente caducifólia, com mais de 50% dos indivíduos sem folhas no período desfavorável. Existem ainda associados ao bioma as áreas das formações pioneiras como as restingas (com influência marinha), e os Manguezais (com influência fluviomarinha), além dos

refúgios da vegetação como os campos de altitude (RIO DE JANEIRO, 2012). A distribuição dessas fitofisionomias da Mata Atlântica ao longo do território brasileiro pode ser observada na figura 1 (OLIVEIRA-FILHO, FONTES, 2000; RIO DE JANEIRO, 2012).

Domínios da Mata Atlântica Fitofisionomias

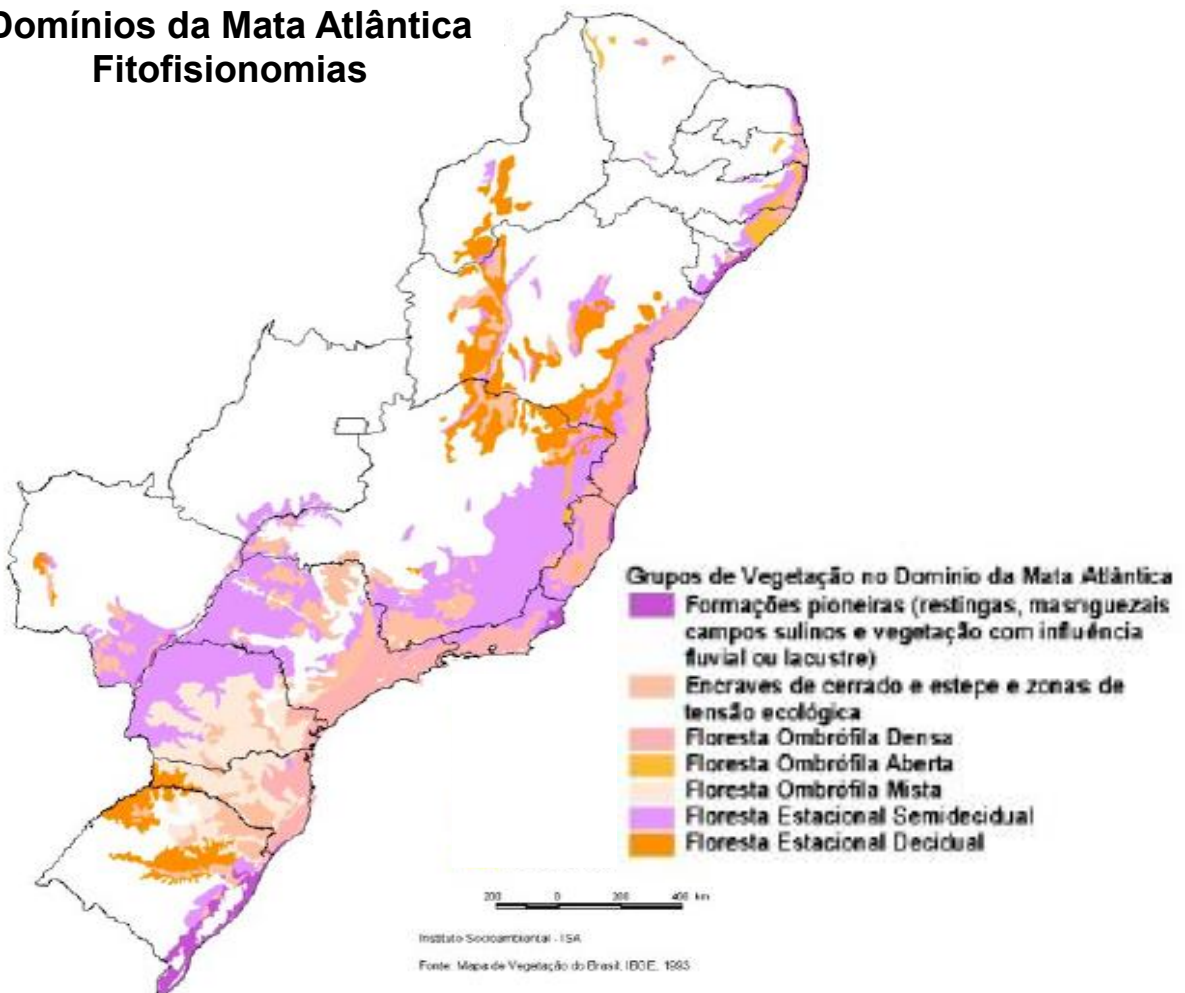


Figura 1. Mapa dos Domínios da Mata Atlântica, Fitofisionomias. Adaptado do IBGE, 1993.

As diferentes condições ambientais e abióticas nas fitofisionomias possibilitam o desenvolvimento de distintos habitats e nichos ecológicos, favorecendo a alta diversidade de fauna e flora e criando condições para o estabelecimento de centros de endemismo. Mesmo diferentes, esses ambientes não são completamente isolados, existindo uma conexão entre elas através de processos ecológicos como as migrações e o fluxo gênico (DASILVA, 2011).

Entretanto, desde o período de colonização no Brasil, a Mata Atlântica passa

pelo processo de exploração e desmatamento. Levando em consideração a sua extensão original, restam 8,5% de fragmentos florestais acima de 100 hectares e 12,5% de vegetação considerando os fragmentos com mais de 3 hectares (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2018). Estudo de sensoriamento remoto sobre cobertura vegetal revelou uma cobertura vegetal atual de 28%, ou 32 milhões de hectares (Mha) de vegetação nativa. Esse valor considerou fragmentos que anteriormente não eram mapeados devido ao tamanho e áreas de maior cobertura florestal secundária (REZENDE et al., 2018). Esse bioma continua a fazer parte da lista dos cinco *hotspots* mundiais prioritários para conservação (MYERS et al., 2000). Essa inclusão ocorreu devido a um balanço entre fatores como a redução de cobertura vegetal, a perda de habitats, o isolamento dos fragmentos e o elevado número de espécies endêmicas encontradas na Mata Atlântica.

Apesar da ameaça, esse bioma é provavelmente o maior em número de áreas de proteção integral da América Latina (TABARELLI, 2005). No Brasil, o Sistema Nacional de Conservação da Natureza – SNUC - é o responsável por estabelecer os critérios e normas necessários para toda a gestão das unidades de conservação, desde a criação até a gestão (lei nº 9.985, de 18 de julho de 2000), (BRASIL, 2011).

As unidades ditas de proteção integral são categorizadas em Estação Ecológica, Reserva Biológica, Parque Nacional, Monumento Natural e Refúgio de Vida Silvestre. Essas unidades visam a manutenção dos ecossistemas sem a interferência humana, onde uso é indireto e limitado, ou seja, a pesquisa científica é realizada perante autorização, não é permitida a presença de moradores na região e a visitação ocorre apenas com o âmbito de educação ambiental. Já nas unidades ditas de uso sustentável é permitido um certo grau de exploração do ambiente, desde que feita de forma que garanta a manutenção dos recursos ambientais, dos processos ecológicos e da biodiversidade. Dentre essas unidades tem-se Área de Proteção Ambiental, Área de Relevante Interesse Ecológico, Floresta Nacional, Reserva Extrativista, Reserva de Fauna, Reserva de Desenvolvimento Sustentável e Reserva Particular do Patrimônio Natural (RPPNs). Esta última é definida como uma área privada voluntariamente cedida por uma pessoa ou empresa, onde o objetivo é conservar a diversidade biológica (BRASIL, 2011).

Existem no país cerca de 335 unidades de conservação federais e 681 RPPNs fora as unidades estaduais e municipais (ICMBio, 2018). Entretanto, esses números ainda demonstram um percentual baixo considerando a alta diversidade biológica. Em 2016 as unidades de conservação tanto públicas, quanto privadas correspondiam a 9,1% do território original da Mata Atlântica, em um total de 10.185.200 hectares. Destes, 2% eram relativos a unidades de proteção integral como parques e reservas biológicas (SILVA et al., 2016; MMA/ICMBio, 2017). Considerando que a metas de cobertura do bioma protegidos por unidades pretendida pela Convenção sobre a Diversidade Biológica é de 17% (CUNHA, 2010), ainda existe muito trabalho a ser feito.

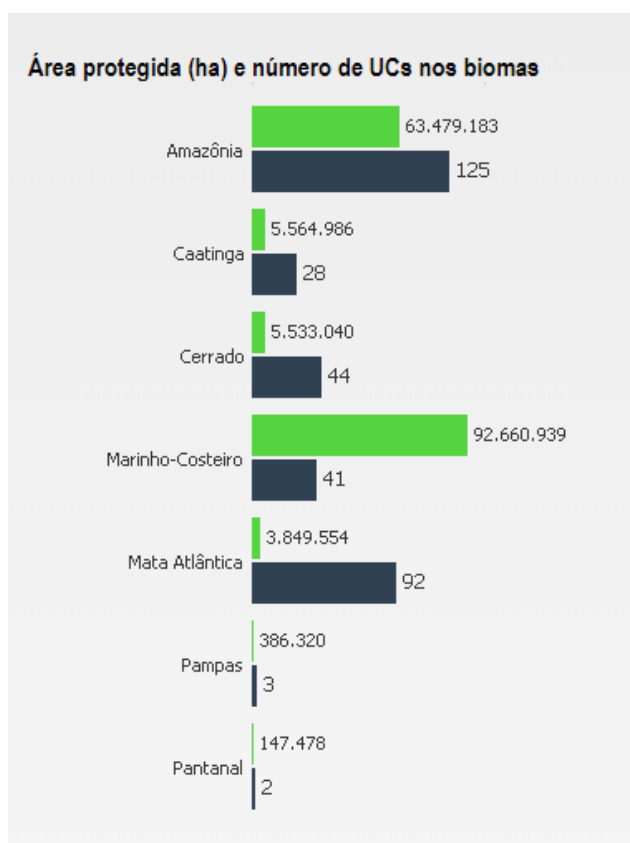


Figura 2. Áreas protegidas em hectares (em verde) e o número de Unidades de Conservação (UCs) em cada bioma brasileiro (em azul escuro). Adaptado do ICMBio, 2018.

A situação é preocupante, pois a busca pela melhoria das estatísticas das áreas protegidas esbarra com o grau de antropização. São 72% da população brasileira (IBGE, 2014; FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2018) e dois dos

maiores centros urbanos da América Latina inseridos em territórios da Mata Atlântica. Apesar de fornecer serviços ecológicos essenciais relacionados a água, clima e redução de poluição do ar (MAUÉS et al., 2012; SILVA, 2016), o crescimento populacional e a demanda por terras de cultivo têm pressionado as unidades de conservação existentes, reduzindo as chances de atingir os objetivos de aumentar e melhorar a proteção das áreas remanescentes (SILVA, 2016).

Muito esforço tem acontecido para reverter esse quadro, áreas estão em processo de análise, assim como estudos e propostas para criação de novas unidades de conservação. A população também tem contribuído através do aumento da adesão às RPPNs (OLIVEIRA et al., 2010; SPAROVEK et al., 2011; SILVA, 2016) e disponibilização de áreas para proteção. Entretanto deve-se considerar que muitas unidades podem não garantir a manutenção de espécies a longo prazo por serem pequenas e isoladas (TABARELLI, 2005; OLIVEIRA et al., 2010; RESENDE et al., 2018).

2.2 *Euterpe edulis* Martius

A *Euterpe edulis*, uma palmeira típica da Mata Atlântica, popularmente conhecida como palmito Juçara é classificada como vulnerável no Livro Vermelho da Flora do Brasil (LEITMAN et al., 2013; MARTINELLI, MORAES, 2013). Tem ocorrência descrita desde Pernambuco até norte do Rio Grande do Sul e em pontos específicos no estado de Goiás, uma vez que a área é predominantemente correspondente ao Cerrado (LEITMAN et al., 2013; MARTINELLI; MORAES, 2013).

Dentre as suas características, destaca-se estipe único, reto, cilíndrico e liso, podendo atingir de 5 a 20 metros de altura com diâmetro a altura do peito (DAP) de 10 a 30 centímetros (SCHULZ et al., 2016). Suas folhas podem chegar a 3 metros de comprimento e as bainhas formam um coroamento verde no ápice do caule, ao qual encontra-se a parte comestível, o palmito (TAUB, 2013).

Essa espécie é alógama e suas flores são unissexuais com coloração branco-amarelada. As flores são organizadas em tríades compostas por duas flores masculinas e uma feminina (BOVI, CARDOSO, 1978; COELHO, 2010). A polinização cruzada é favorecida pelo mecanismo de protandria, de forma que as anteras (parte masculina) se tornam maduras antes dos estigmas (parte feminina) estarem receptivos (BORÉM; MIRANDA, 2013). Grandes quantidades de insetos

são atraídas pelo néctar e pelos grãos de pólen, mas a espécie *Trigona spinipes*, conhecida como irapuã, é reconhecida como o principal polinizadora. A polinização por ação do vento (anemofilia) também desenvolve papel relevante para a polinização da espécie (REIS et al., 1993; COELHO, 2010).

O período de floração ocorre de setembro a dezembro e de frutificação entre maio e dezembro (GALVI, PIÑA-RODRIGUES, 2005; MARTO; BARRICHELO; MÜLLER, 2007; LORENZI et al., 2010; TAUB, 2013), variando entre locais. Os frutos são redondos e pequenos, com cerca de 1 a 1,5 cm e peso estimado de 1 g (PIZO et al., 2006). O amadurecimento dos frutos no cacho não ocorre de forma homogênea e a coloração evolui de verde a preto. Cerca 85% do fruto corresponde a semente, sendo a polpa muito fina (SCHULZ et al., 2016). Cada indivíduo pode produzir cerca de 3 cachos por ano, sendo uma espécie chave para a Mata Atlântica contribuindo com a sobrevivência de inúmeras espécies de aves e roedores que se alimentam de seus frutos (CARVALHO et al., 2016; RODRIGUES et al., 2017).

Além da importância ecológica, *E. edulis* tem elevado valor econômico. O palmito extraído dessa palmeira é muito apreciado na culinária, e foi intensamente explorado para comercialização, principalmente durante a década de 1970 (SCHULZ et al., 2016). A extração ocorre com a retirada do meristema apical, que é acessada unicamente com a derrubada dos indivíduos (MARTINELLI; MORAES, 2013). Sendo a espécie detentora estipe único e da incapacidade de rebrota, o corte para extração do palmito ocasiona a morte da planta (BOURSCHEID, 2011).

Foram criadas legislações a fim de estabelecer procedimentos para controle da exploração do palmito nativo, dentre eles o proveniente da juçara. Na Instrução normativa nº 5, de 25 de outubro de 1999 (BRASIL, 1999), é estabelecido que a exploração só é permitida perante autorização do órgão ambiental competente para indivíduos que apresentem mais de 2,5 cm de diâmetro a altura do peito (DAP). Além disso, é obrigatória a reposição florestal da espécie extraída, em áreas favoráveis localizadas na mesma Unidade da Federação onde foi realizada a exploração. Na portaria nº 439-P de 9 agosto de 1989 (BRASIL, 1989), determinou-se que essa reposição deve acontecer na proporção mínima de três exemplares plantados para cada exemplar extraído.

Apesar das legislações existentes que regulamentarizam a extração de palmito, estabelecendo punições aos que agem ilegalmente com multas,

apreensão do produto e embargo do estabelecimento (BRASIL, 1999), ainda existem defasagens na fiscalização (BLENGINI et al., 2015; D'AMICO et al., 2018). Isso ocorre devido a ampla extensão do território nacional, do escasso número de funcionários capacitados para atuar na fiscalização, do valor econômico do palmito e das limitadas alternativas de fonte de renda para moradores rurais.

O crescimento do consumo do açaí, elevou a demanda de frutos pelo mercado. A abertura desse nicho possibilitou a comercialização de frutos produzidos pela *E. edulis* devido à semelhança com os provenientes de espécies tradicionais na produção de açaí, como *Euterpe oleracea* e *Euterpe precatoria* (BOURSCHEID, 2011). O fruto da juçara, assim como os frutos das espécies citadas acima, é rico em ácidos graxos, proteínas, minerais, vitaminas, fibras alimentares, apresentando também propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias. Além do potencial de uso como alimento, o fruto pode ser utilizado como material bruto promissor para complementos dietéticos, cosméticos e na indústria farmacológica (SCHULZ et al., 2016). Além disso, a exploração do fruto da juçara torna-se uma alternativa sustentável de fonte de renda a população rural.

Mesmo assim, exploração contínua e além de contribuir para a degradação do meio ambiente, tornou-se um fator preocupante para a preservação da espécie (MORTARA, VALERIANO, 2001), pois na maioria dos casos ocorre a derrubada ilegal dos indivíduos adultos de uma área. Considerando-se que *E. edulis* é uma planta que necessita de um longo período (mais de 10 anos) para atingir a maturidade reprodutiva (LEITMAN et al., 2013), a ausência de adultos pode comprometer a capacidade de recuperação da população.

Ao reduzir o número de indivíduos, estreita-se a base genética das próximas gerações, e dessa forma aqueles com capacidade de se reproduzir serão uma pequena amostra da variação genética que existia na população. Devido a fragmentação, as áreas se tornam pequenas e isoladas geograficamente, a relação de fluxo gênico entre populações é alterado. Ocorre então o favorecimento do processo de endogamia através do cruzamento entre indivíduos aparentados, e o aumento de *loci* em homozigose (HEDRICK; GARCIA-DORADO, 2016), reduzindo a variabilidade genética do local. Quando se tem fluxo gênico limitado, as populações tendem a se diferenciar uma das outras ao longo do tempo e de forma independente, através do surgimento de padrões genéticos característicos.

2.3 Estado da arte da diversidade genética de *Euterpe edulis*

Uma das formas das espécies responderem aos estresses bióticos e abióticos gerados por mudanças climáticas ou ação antrópica é através de um “banco” de informações genéticas conhecida como diversidade genética. Essas informações, são referentes a espécie e podem ser agrupadas (estruturadas) pelas suas similaridades e auxiliam na compreensão de como as populações interagem e são influenciadas por eventos evolutivos e ecológicos (MARTINS, 1987; CRUZ et al., 2011).

Avanços na área da biologia molecular, principalmente a Reação em Cadeira da Polimerase – PCR, possibilitaram o acesso a informações contidas no genoma que antes não eram exploradas nos estudos populacionais. Essas informações são obtidas a partir de marcadores moleculares, uma marca genética proveniente de uma sequência de DNA específica, que não necessariamente é expressa, ou de um gene expresso (KALIA et al, 2010).

Os marcadores moleculares microsatélites são pares de sequências espécie específico (*primers*) que flanqueiam os microsatélites, regiões de repetição simples (SSRs - *Simple Sequence Repeat*) dispostas em tandem, encontrados em abundância em genomas nucleares e organelares. A variabilidade é uma das características desse marcador, sendo detectado um grande número de alelos em um mesmo *loci*. Os alelos se diferenciam devido ao número de vezes em que o motivo de repetição do microsatélite aparece na região analisada. Essas variações podem ocorrer devido a erros cometidos pela DNA polimerase (*slippage*) no momento da replicação da sequência repetitiva, de forma que motivos podem ser adicionados ou removidos do microsatélite e por *crossing over* desigual. Em espécies diploides, um mesmo *loci* pode comportar dois alelos, sendo eles iguais o que caracterizaria um indivíduo homozigoto, ou diferentes – heterozigoto (KALIA et al, 2010). Devido a sua característica codominante, que permite a distinção entre homozigotos e heterozigotos, os SSR são utilizados para traçar perfis genéticos dos indivíduos de uma espécie, e essas informações são aplicadas em estudos populacionais, visando a avaliação da diversidade e da estruturação genética.

A genética de *E. edulis* é investigada desde o trabalho publicado por Reis em 1996. Esses estudos eram realizados utilizando marcadores enzimáticos um tipo de análise baseada em fragmentação por enzimas de restrição. Em 2001 Gaiotto

et al. (2001) desenvolveram 18 marcadores SSRs para a *E. edulis* que passaram a ser utilizados por diversos estudos desenvolvidos sobre a espécie.

Esse método de análise foi empregado na avaliação de populações provenientes de áreas conservadas. Na Serra do Mar, São Paulo, foi relatado alta diversidade genética e endogamia não significativa na maioria das subpopulações analisadas (RAMOS, 2013). Nas populações de Campinas - São Paulo, foram avaliados 5 estágios ontogenéticos de *E. edulis* para caracterizar a variabilidade genética da espécie. Nessa análise foi realizada comparação entre a técnica de SSR e aloenzimas. Em ambos os marcadores se relatou diversidade alta, com os marcadores indicando endogamia baixa em plântula e juvenis (DIAS-FILHO, 2006). A estruturação genética detectada nos estudos é baixa e inicial, com indícios de influência da distância geográfica (RAMOS, 2013), da umidade e da luminosidade no estabelecimento dos grupos, cujo número pode variar dependendo da análise estatística utilizada (RAMOS, 2013).

Mediante a preocupação de perda genética devido a extração de palmito e desmatamento, foram desenvolvidos trabalhos investigando a influência da porcentagem de cobertura vegetal, na diversidade genética de fragmentos da Mata Atlântica do sul da Bahia (SANTOS et al., 2015) e de São Paulo (CARVALHO et al., 2015). As populações avaliadas demonstraram alta diversidade genética, com o índice de fixação (F_{IS}) maior para os locais mais preservados (75% de cobertura vegetal) e menor nos locais com degradação de cobertura vegetal (15% restante) (CARVALHO et al., 2015). Sendo, a composição genética dos adultos e mudas mais semelhantes em áreas de maior cobertura vegetal (mais de 43%), e mais diferentes em áreas com maior taxa de desmatamento (SANTOS et al., 2015).

Alta diversidade genética, baixa endogamia e baixa estruturação genética também foram detectados em outras populações (CONTE et al., 2008; GAIOTTO et al., 2003; CARVALHO et al., 2016; KONZEN; MARTINS; 2017; LAUTERJUNG et al., 2019). Além desses resultados, o estudo realizado em Santa Catarina, detectou-se a existência de alta variabilidade genética dentro das populações com pouca diferenciação entre as populações. Detectou-se também pequeno *pool* de pólen explicado pela floração não sincronizada dos indivíduos e/ou dispersão limitada do pólen devido a fragmentação e movimentação diferenciada de polinizadores (CONTE et al., 2008). A consequência desse comportamento foi

detectada nas populações de Brasília, onde existia uma alta probabilidade de parentesco total entre indivíduos dentro da progênie de polinização aberta (GAIOTTO et al., 2003).

Os resultados obtidos por diferentes grupos de pesquisa indicam que *E. edulis* apresenta alta diversidade genética, endogamia baixa para a maioria das populações e baixa estruturação genética, mesmo em casos de extração ilegal e fragmentação. A melhor explicação para a diversidade genética e a riqueza alélica encontrada foi o tamanho histórico efetivo da população. Acredita-se que a dispersão da espécie era ampla o suficiente para explicar a diversidade genética atual, e que a fragmentação ainda não imprimiu na estrutura das populações, a sua influência de redução do movimento de polinizadores e dispersores entre áreas e o maior o cruzamento entre indivíduos aparentados (CARVALHO et al., 2015). Acredita-se também que *E. edulis* é um exemplo de espécie tropical que foi submetida a uma exploração drástica em um período curto de tempo, sofrendo extinção local antes de sofrer perda e alterações genéticas (SANTOS et al., 2015).

Algumas consequências desses processos foram relatadas em populações naturais, como a detecção de grupos genéticos - não evidentes devido ao compartilhamento de alelos, o aumento da endogamia (SEOANE et al., 2005; KONZEN; MARTINS; 2017; CARVALHO; 2018, submetido; LAUTERJUNG et al., 2019) e uma propensão a redução da dispersão de sementes devido ao reduzido número de adultos produtivos na área, implicando em alteração de fluxo gênico a longo prazo (SEOANE et al., 2005).

A redução da dispersão de sementes está relacionada tanto a fragmentação de habitats e quanto a caça que levaram espécies de grande porte a diminuir dentro dos fragmentos remanescente. Carvalho et al. (2016) associou as mudanças genéticas detectadas em populações de *E. edulis* a cenários de forte limitação de dispersão de sementes e/ou colapso do fluxo gênico entre áreas fragmentadas, e não ao processo de endogamia ou redução do tamanho da população.

O tamanho do dispersor disponível nos fragmentos exerce pressão de seleção no tamanho do fruto. Dispersores de maior porte (*Procnias nudicollis*, *Ramphastos* spp., *Penelope* spp. e *Aburria jacutinga*) se alimentam de frutos grandes e pequenos, dispersores menores (*Turdus*), só dispersam frutos pequenos. As populações de palmeiras com a perda de grandes dispersores (defaunação)

tendem a ser geneticamente mais semelhantes do que as de locais com grandes dispersores. Carvalho et al. (2016) também obteve uma outra explicação para seus resultados, a origem biogeográfica. Nesse caso as mudanças genéticas seriam resultado da limitação de dispersão entre Floresta Tropical e Floresta Semidecidual, deriva genética e adaptação local a esses diferentes domínios da Mata Atlântica. Sobrepondo-se as duas hipóteses a defaunação ainda explicou melhor a variação, independente da fisionomia florestal.

A distribuição de *E. edulis* é ampla dentro do bioma da Mata Atlântica, abrangendo diferentes fitofisionomias e condições climáticas. Carvalho (2017) com objetivo de investigar a filogeografia da palmeira juçara e o quanto os seus resultados se ajustariam a hipótese de refúgios da Mata Atlântica avaliou populações desde a Bahia até o Rio Grande do Sul. Detectou-se 4 grupos genéticos, chamados de Bahia, Espírito Santo, Rio de Janeiro e Sul (7 populações), como pode ser observado na figura 3. Supõe-se que os grupos surgiram no final do Pleistoceno, após o último máximo glacial, formando quatro zonas de estabilidade. Os resultados parecem corroborar a ideia de refúgios, embora englobe outras regiões além daquelas propostas para a Mata Atlântica, indicando que *E. edulis* tolerou as mudanças climáticas do Pleistoceno (CARVALHO, 2017).

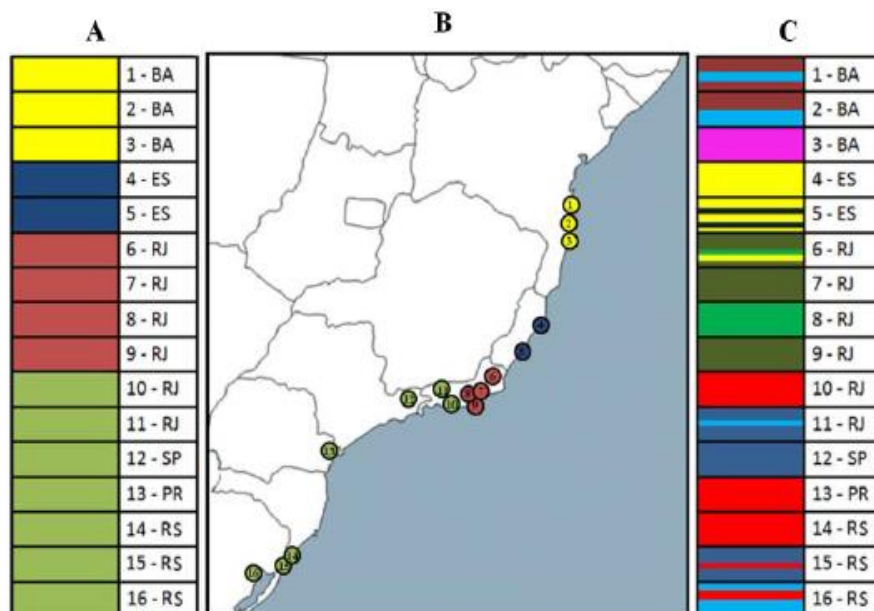


Figura 3. Estrutura populacional de *Euterpe edulis* na Mata Atlântica. (A) considerando as populações, (B) plotagem dos 4 grupos utilizados no trabalho com suas localizações geográficas, (C) considerados os indivíduos. Adaptado de

CARVALHO, 2017.

Carvalho et al. (2017) abordaram a diversidade genética em larga escala, através de um compilado de estudos de diversidade genética com marcadores SSR. Nesse estudo, avaliou-se a adequação ambiental e os impactos humanos na estruturação das populações da espécie através de fatores históricos como os eventos climáticos e as mudanças geológicas, para auxiliar na compreensão dos padrões atuais e conseguir contar de forma mais embasada a trajetória da espécie.

O padrão de diversidade em *E. edulis* é o resultado da retração dos habitats adequados durante Holoceno Médio (Figura 4) e dos fatores atuais, principalmente aqueles que afetam importantes processos ecológicos, como a dispersão de sementes que podem modelar a distribuição da espécie. (CARVALHO et al.,2017). Assim, um plano eficiente de conservação deve incluir áreas climaticamente estáveis, com grande extensão de floresta e com variedade de dispersores (CARVALHO et al.,2017).

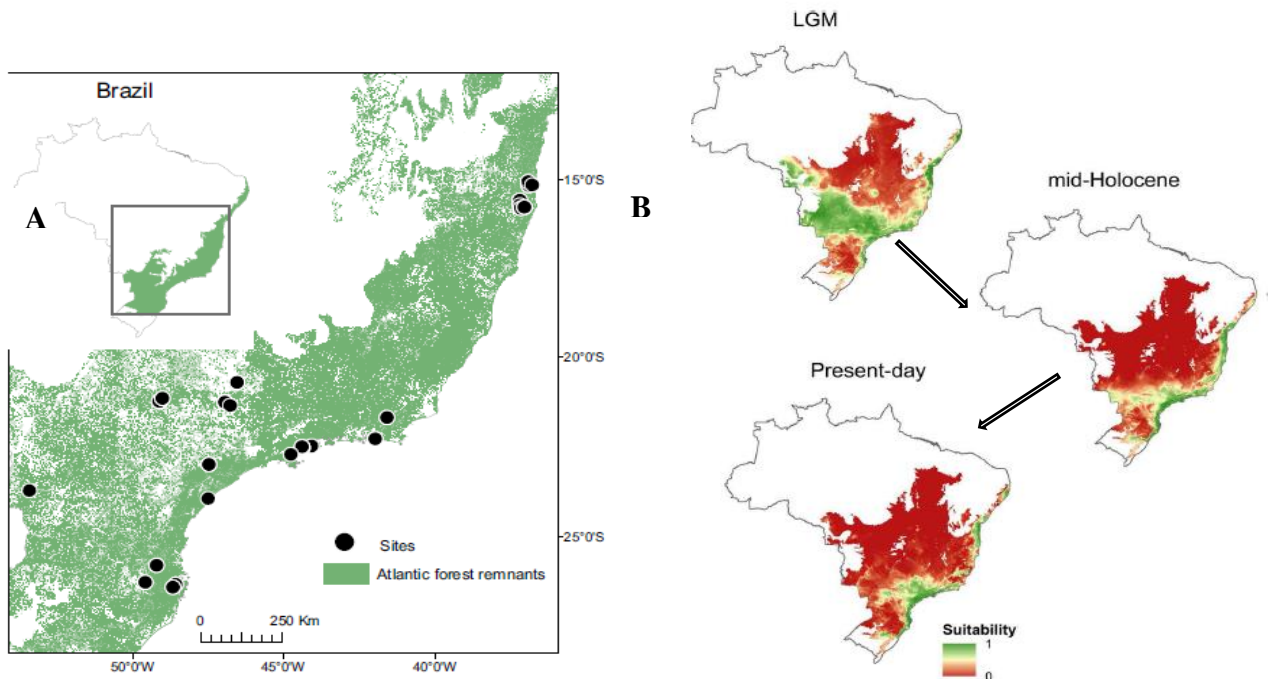


Figura 4. Imagens da distribuição de *Euterpe edulis* no Brasil. (A) Mapeamento dos pontos de ocorrência da espécie e locais estudados para diversidade e estruturação genética. (B) Mapas consenso de adequação climática média entre os dez modelos de nicho ecológico, cinco Modelos de circulação geral atmosfera-oceano e três períodos de tempo, evidenciando a retração da condição favorável e desenvolvimento da palmeira juçara. Adaptado de Carvalho et al. (2017).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Avaliar a diversidade genética intra e interpopulacional e a estruturação genética de populações de *E. edulis* na Mata Atlântica brasileira.

3.2 Objetivos específicos

- a) Conhecer a dispersão da diversidade genética de *Euterpe edulis* na Mata Atlântica.
- b) Colaborar com a compreensão da diversidade genética da espécie dentro de áreas de preservação.
- c) Encontrar locais prioritários para a busca de germoplasmas para programas de pré-melhoramento e conservação espécie.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Áreas de Estudo

A escolha dos locais de estudo ocorreu mediante pesquisa da ocorrência da espécie *E. edulis* na Mata Atlântica brasileira através dos sites *Species Link* (www.splink.org.br) e *Reflora* (floradobrasil.jbrj.gov.br). Utilizou-se de artigos científicos sobre a espécie para localizar regiões já amostradas e detectar regiões com poucas informações. Buscou-se com auxílio do site do ICMBio (www.icmbio.gov.br) as unidades de Conservação nacionais que constassem *E. edulis* nos planos de manejo. Seleccionadas as áreas de interesse, procedeu-se com o pedido de autorização para atividade de finalidade científica no site do SISBIO (www.icmbio.gov.br/sisbio). Repetiu-se esse processo para as unidades estadual e as autorizações foram solicitadas perante aos órgãos responsáveis de cada estado.

Existe uma discordância quanto a distribuição da espécie no bioma. Henderson (2000) descreve no livro *The genus Euterpe in Brazil* a faixa de ocorrência indo do Rio Grande do Norte até o Rio Grande do Sul. Entretanto as amostragens registradas no *Species Link* e no Livro Vermelho da Flora do Brasil (MARTINELLI; MORAES, 2013) apontam o limite da ocorrência da espécie no estado de Alagoas. Dessa forma, buscou-se pelo Google *Earth* manchas de vegetação nos estados do Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco e realizou-se uma expedição de campo nas maiores manchas de vegetação em busca de populações da espécie. Com exceção de uma população no estado de Pernambuco (não amostrada por falta de autorização), não se registrou a ocorrência da espécie nas regiões investigadas.

Nesse estudo 26 populações de *E. edulis* foram amostradas em nove estados e o Distrito Federal, distribuídos em quatro regiões, sendo elas Nordeste, Sudeste, Centro-Oeste e Sul. Os locais de amostragem englobam Unidades de Conservação em diferentes esferas governamentais, desde nacionais a RPPNs e fragmentos que apresentassem no mínimo 15 indivíduos adultos. Na Tabela 1 é apresentada a listagem dos locais de amostragem, na Figura 7 a distribuição desses locais no mapa do Brasil e na Mata Atlântica. A Figura 8 é a representação dos locais de amostragem e as Fitofisionomias correspondentes. Os mapas desse estudo foram feitos com a utilização do *Software* QGis 3.6.2, com os shapes

disponibilizados pelo site do Ministério do Meio Ambiente (<http://mapas.mma.gov.br/i3geo/datadownload.htm>).

Tabela 1- Áreas de amostragem, altitudes, número de amostras coletadas por área, órgão de concessão da autorização de coleta com finalidade científica, município, estado, região brasileira e fitofisionomias

Unidade de Conservação	Altitude (m)	Nº Ind.	Órgão de Fiscalização	Município	Estado/região	Fitofisionomia
Estação ecológica de Murici (EE_Muri)	408	19	ICMBio	Murici	AL/Nordeste	Floresta Costeira de Pernambuco
Parque Nacional da Pedra Talhada (PN_Talh)	749	21	ICMBio	Quebrangulo	AL/Nordeste	Floresta do Interior do Pernambuco
Estação de VERACEL (RPPN_Ve)	87	20	VERACEL/INEMA	Porto Seguro	BA/Nordeste	Floresta Costeira da Bahia
Parque Nacional da Serra das Lontras (PN_Lont)	807	18	ICMBio	São José da Vitória	BA/Nordeste	Floresta Costeira da Bahia
Parque Nacional do Descobrimento (PN_Desc)	75	19	ICMBio	Prado	BA/Nordeste	Floresta Costeira da Bahia
Serra da Jiboia: Reserva Jequitibá (FR_Jibo)	499	23	GAMBA	Elísio Medrado	BA/Nordeste	Floresta do Interior da Bahia
Pedra Azul (FR_Azul)	1063	20	Propriedade Particular	Domingos Martins	ES/ Sudeste	Floresta Costeira da Bahia
Caparaó, Chalé dos Faria (PN_Capa)	1418	15	Propriedade Particular	Pedra Menina	ES/ Sudeste	Campos Rupestres Montane Savanna
Cachoeira do Arco-íris (FR_Arco)	968	10	AMPA	Patrimônio da Penha	ES/ Sudeste	Campos Rupestres Montane Savanna

Continua...

Continuação do Tabela 1

Unidade de Conservação	Altitude (m)	Nº Ind.	Órgão de Fiscalização	Município	Estado/região	Fitofisionomia
Reserva Natural da Vale * (RN_VALE)	63	19	VALE	Linhares	ES/ Sudeste	Floresta Costeira da Bahia
Reserva Biológica Estadual de Araras (RB_Arar)	1064	21	INEA	Araras	RJ/ Sudeste	Floresta Costeira da Serra do Mar
Engenho D'ouro (FR_Ouro)	206	10	Propriedade particular	Paraty	RJ/ Sudeste	Floresta Costeira da Serra do Mar
Parque Nacional da Serra da Bocaina (PN_Boca)	530	11	ICMBio	Paraty-Cunha	RJ/ Sudeste	Floresta Costeira da Serra do Mar
Capelinha (FR_Cape)	518	25	ICMBio	Visconde de Mauá	RJ/ Sudeste	Floresta Atlântica do Alto Paraná
Parque Nacional do Itatiaia (PN_Itat)	858	23	ICMBio	Itatiaia	RJ/ Sudeste	Floresta Atlântica do Alto Paraná
Parque Ecológico Saguí da Serra (PE_Sagu)	1093	26	ONG Força Verde	Manhumirim	MG/ Sudeste	Floresta do Interior da Bahia
Pousada Brejal (FR_Brej)	1186	26	Propriedade Privada	Bananal	SP/ Sudeste	Floresta Costeira da Serra do Mar
Estação ecológica de Ibicatu (EE_Ibic)	547	28	IF - COTEC	Piracicaba	SP/ Sudeste	Floresta Atlântica do Alto Paraná
Parque Estadual Pico do Marumbi (PE_Maru)	781	17	IAP	Morretes	PR/Sul	Floresta Costeira da Serra do Mar
Parque Nacional do Iguaçu (PN_Igua)	296	29	ICMBio	Foz do Iguaçu	PR/Sul	Floresta Úmida de Araucárias

Continua

Continuação da tabela 1

Unidade de Conservação	Altitude (m)	Nº Ind.	Órgão de Fiscalização	Município	Estado/região	Fitofisionomia
Parque Ecológico Freymund Germer (PE_Germ)	731	21	Prefeitura Municipal de Timbó	Timbó	SC/Sul	Floresta Costeira da Serra do Mar
Rio do Cedros (FR_Cedr)	783	17	Propriedade Privada	Rio dos Cedros	SC/Sul	Floresta Costeira da Serra do Mar
Parque Estadual do Itapeva (PE_Itap)	271	24	SEMA	Torres	RS/Sul	Floresta Úmida de Araucárias
Reserva Biológica da Mata Paludosa Fragmento 1 (RB_Pal1)	9	23	SEMA	Itati	RS/Sul	Floresta Costeira da Serra do Mar
Reserva Biológica da Mata Paludosa Fragmento 2 (RB_Pal2)	54	22	SEMA	Itati	RS/Sul	Floresta Costeira da Serra do Mar
Reserva Ecológica do IBGE (RE_IBGE)	1117	20	IBGE	Brasília	DF/ Centro-Oeste	Cerrado

ICMBio - Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade; GAMBA – Grupo Ambiental da Bahia; INEMA – Instituto do Meio Ambiente e Recursos Hídricos; VALE – Empresa Mineradora Multinacional Brasileira; INEA - Instituto Estadual do Ambiente; IAP - Instituto Ambiental do Paraná; IF- COTEC – Instituto Florestal, Comissão Técnico-Científica do Instituto Florestal, AMPA – Associação de Moradores de Patrimônio da Penha; SEMA – Secretaria do Ambiente e Desenvolvimento Sustentável; IBGE - Instituto de Geografia e Estatística; INEMA – Instituto do Meio Ambiente e Recursos Hídricos. *Amostrou-se os blocos de pesquisa 1, 2, 3 e 4 que já são utilizados pela Reserva da Vale.

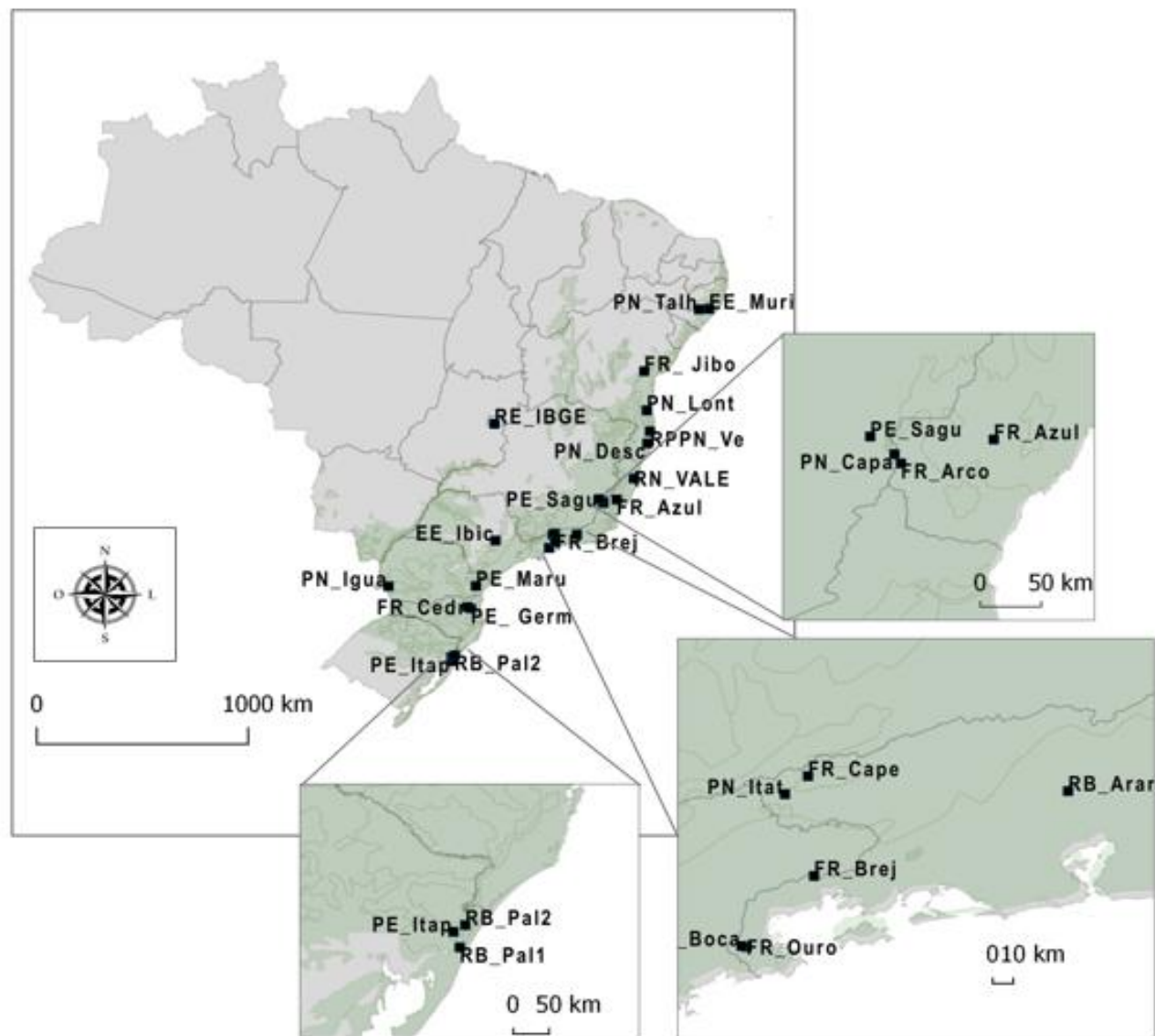


Figura 5 - Mapa do Brasil evidenciando as áreas de amostragem de *Euterpe edulis* nos estados brasileiros no contexto do bioma da Mata Atlântica representado pela cor verde.

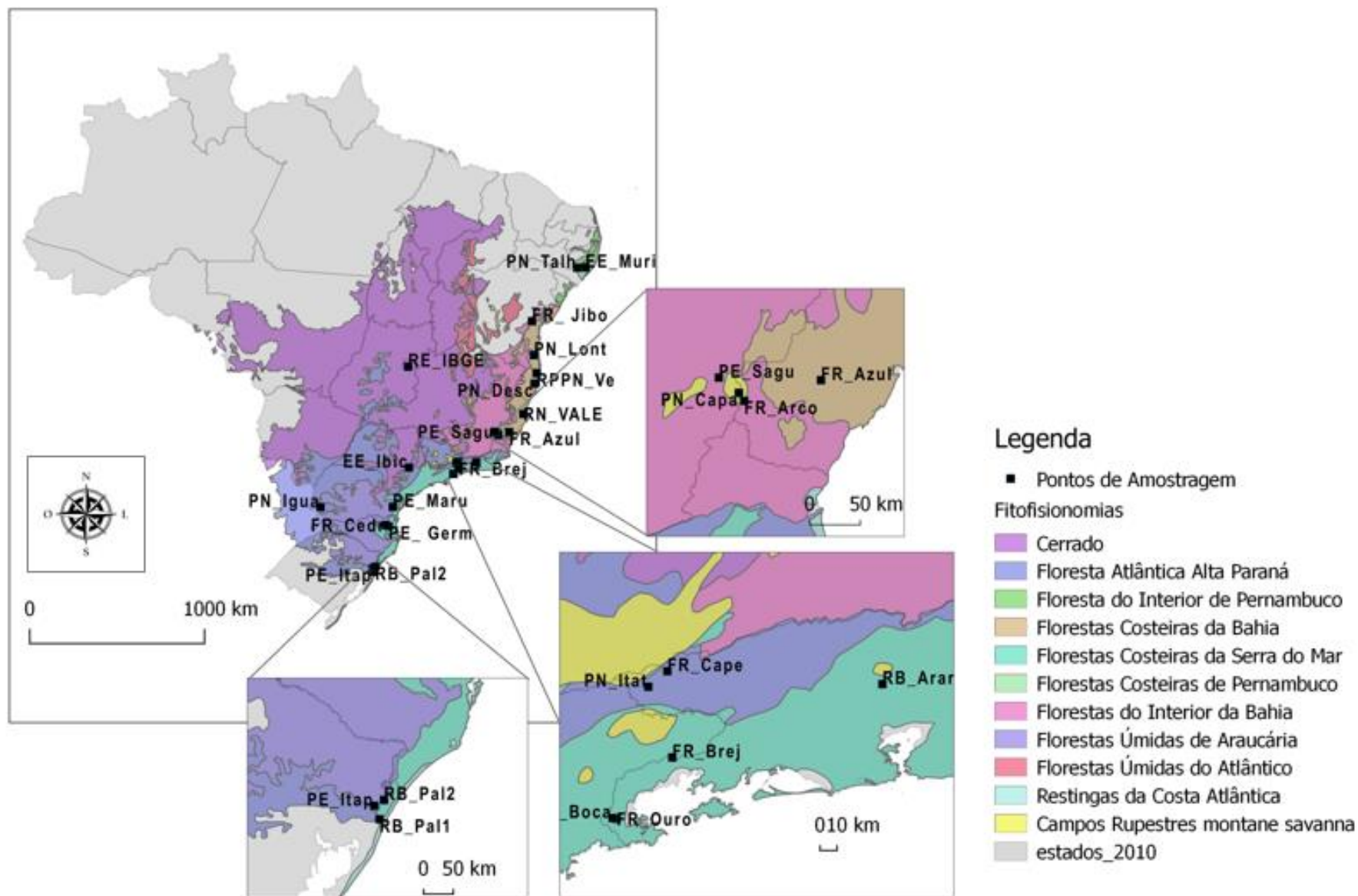


Figura 6 - Mapa do Brasil evidenciando as áreas de amostragem de *Euterpe edulis* nos estados brasileiros no contexto das fitofisionomias brasileiras (B)

4.2 Coleta do Material Botânico

Amostras do córtex da estirpe (de 20 cm de comprimento por cinco centímetros de largura) de indivíduos adultos de *Euterpe edulis* foram coletadas com o auxílio de facão e martelo. Os fragmentos foram acomodados em envelopes devidamente identificados e transportados com sílica gel para o Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal da Universidade Federal do Espírito Santo, no Centro de Ciências Agrárias e Engenharias localizado na cidade de Alegre. Em seguida, as amostras foram acondicionadas em freezer -80°C por 24 horas e liofilizadas por 72 horas. No total, 26 populações e 527 indivíduos foram amostrados.

4.3 Extração de DNA total

A extração do DNA genômico foi realizada através do método de brometo de cetiltrimetilamônio ou CTAB de Doyle e Doyle (1990) com modificações (CARVALHO, 2019). O protocolo foi adaptado para a realização de três etapas de remoção de proteínas com clorofórmio álcool-isoamílico 24:1 e precipitação do DNA sem a utilização de Acetato de amônio.

4.4 Marcadores Microssatélites

Para as análises de diversidade genética foram utilizados oito marcadores SSR descritos para *E. edulis* publicados por Gaiotto et al. (2001) e marcados com fluorescências de acordo com o Dye set G5 como demonstrado na Tabela 2. Os marcadores foram amplificados individualmente (EE5, EE9, EE23, EE47, EE63) ou em reação triplex (pelos *primers* EE43, EE45 e EE52).

Os *primers* EE5, EE9, EE47 e EE63 foram amplificados em reações de 13 µL contendo 10 ng de DNA, tampão 1X (200 mM de Tris- HCl, pH 8,4, e 500 mM KCl), 4,2 mM de MgCl₂, 0,21 mM de cada dNTP, 0,17 µg/µL de BSA, 1,2 unidades de Taq e 0,3 µM de cada *primer* do par. As reações do EE23 e do triplex dos *primers* EE43, EE45 e EE52 foram amplificados com aumento da concentração de Taq para 1,5 unidades e redução de *primer* para 0,2 µM de cada. Todas as reações foram realizadas em termociclador *Applied Biosystems Veriti® 96-Well Thermal Cycler* com desnaturação a 94°C por 4 minutos, 30 ciclos de 94°C por 1 minuto e meio,

temperatura de anelamento por 1 minuto e 72°C por 1 minuto, com extensão final a 72°C por 7 minutos.

Tabela 2 - Marcadores microssatélites utilizados e suas respectivas marcações de fluorescência de Matriz DS-33 e Dye set G5

<i>Primer</i>	<i>Florescência</i>	<i>Cor</i>	<i>Tamanho do fragmento esperado</i>
EE5	6-FAM	Azul	102 - 136
EE9	NED	Amarelo	90 - 110
EE23	VIC	Verde	100 - 132
EE43	VIC	Verde	118 - 132
EE45	6-FAM	Azul	70 - 154
EE47	6-FAM	Azul	214 - 246
EE52	VIC	Verde	230 - 260
EE63	6-FAM	Azul	106 - 132

Três microlitros de uma mistura de 3:1 de corante T4 e Gel Red (1:500) foram adicionados a dois microlitros de cada reação. Os fragmentos foram submetidos a confirmação de amplificados em eletroforese por gel de poliacrilamida 10% utilizando tampão TBE (Tris – 0,089 M, Ácido bórico – 0,089 M, EDTA – 0,002 M), a 100 Volts por aproximadamente três horas. Os resultados foram observados sob luz ultravioleta em fotodocumentador modelo BIORAD Universal Hood II.

Após a etapa de confirmação, os fragmentos obtidos foram analisados em multiplex no equipamento ABI 3500 *Genetic Analyzer Applied Biosystems*. Os multiplex foram: duplex com os marcadores EE05, EE23; triplex 1 composto pelos EE9, EE47, EE63 e triplex 2 com EE43, EE45, EE52. Para os marcadores amplificados individualmente (EE5, EE9, EE23, EE47, EE63) foi misturado 1 µL de cada reação de PCR seguindo os multiplex acima citados. Dessa mistura de reações, 2 µL foram adicionados a 0,3 µL de marcador GeneScan-500 Liz e a 7,7 µL de formamida totalizando uma reação de 10 µL. Para o triplex 2, adicionou-se 3 µL de reação a 0,3 µL de marcador GeneScan-500 Liz e a 6,7 µL de formamida também totalizando uma reação de 10 µL. O dimensionamento dos fragmentos foi obtido com o software GeneMarker Ver. 2.2 (*SoftGenetics, State College, PA, EUA*).

4.5 Análise de Dados de Marcadores Microssatélites

Os dados gerados através da análise de fragmento no ABI 3500 foram

computados e o genótipos de cada indivíduo foi registrado por *locus*. Avaliou-se os erros de genotipagem e a presença de alelos nulos pelo estimador Brookfield 1, utilizando o software Micro-Checker v. 2.2.3 (VAN OOSTERHOUT et al., 2004). As análises intrapopulacionais foram realizadas para as populações, os estados e as regiões. Para isso, considerou-se os indivíduos das populações amostradas dentro de um determinado estado, como pertencentes a uma única população e o mesmo foi feito para cada região. Estimou-se o conteúdo de informação dos polimorfismos (PIC), a heterozigosidade esperada (H_e), heterozigosidade observada (H_o) e o índice de fixação (F) para as populações com auxílio do Genes (CRUZ, 2013). Para os estados e regiões, além destes índices estimou-se a riqueza de alelos (R_a), pelo pacote Hierfstat (GOUDET; JOMBART,2015) do software livre R versão 3.4.2. Gerou-se pelos pacotes Vegan (OKSANEN et al, 2019) e Fastcluster (MÜLLNER, 2013), os agrupamentos baseados em distância euclidiana para cada estado e para todas as populações amostradas.

Para as análises interpopulacionais mediu-se o coeficiente de fixação em nível de indivíduo (F_{IS}) e a nível de subpopulações (F_{ST}) propostas por Nei (1973) utilizando o pacote Hierfstat (GOUDET; JOMBART,2015) do software livre R versão 3.4.2. Também foi estimada a estruturação genética populacional em três níveis hierárquicos (estado, entre populações e dentro de populações) por meio da análise da variância molecular (AMOVA) efetuada no Genes (CRUZ, 2013). Realizou-se uma análise de Coordenadas Principais (PCoA), com o pacote Hierfstat (GOUDET; JOMBART,2015), para explorar e visualizar as semelhanças ou diferenças de diversidade genética entre os estados e as regiões brasileiras. A análise de Inferência Bayesiana foi obtida através do StrAuto (CHHATRE; EMERSON,2017). Esse programa é uma automação e paralelização da análise do STRUCTURE e forneceu os padrões de proporção de mistura (Q) e estimativa do número de grupos genéticos (K).

5 RESULTADOS

5.1 Caracterização dos marcadores microssatélites

O principal objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética de *Euterpe edulis* ao longo da sua distribuição no bioma da Mata Atlântica. Para acessar as informações genéticas, dezoito marcadores microssatélites desenvolvidos por Gaiotto et al (2001) para a espécie foram testados em cinco indivíduos. Destes, um marcador (EE25) não amplificou e quatro (EE02, EE03, EE15 e EE41) amplificaram, mas não mostraram um padrão confiável para análise em ABI 3500 devido a quantidade de bandas inespecíficas ou grande proporção de falhas de amplificação. Treze marcadores amplificaram com padrões confiáveis e foram amplificados nos 527 indivíduos, entretanto cinco marcadores (EE08, EE32, EE48, EE54 e EE59) apresentaram muitas falhas na análise de fragmentos gerando uma proporção de dados perdidos que prejudicavam a estatística. Dessa forma, selecionou-se oito marcadores (Tabela 3) polimórficos e informativos (PIC 0,45 a 0,76 - Tabela 4) para as análises estatísticas.

Tabela 3 - Marcadores microssatélites utilizados para as análises de diversidade genética em *Euterpe edulis*

Marcadores SSR	T _{esp}	T _{obs}	T _A	A	Alelos Nulos	R _a
					Brookfield 1	
EE05	102 – 136	84 - 146	56°C	23	Ns	3,73
EE09	90 – 110	80 – 110	58°C	14	Ns	3,98
EE23	100 – 132	84 – 134	58°C	22	0,2*	4,25
EE43	118 – 132	84 – 150	56°C	17	Ns	3,29
EE45	70 – 154	90 – 120	56°C	16	0,22*	3,87
EE47	214 – 246	212 – 268	56°C	23	0,20*	4,31
EE52	230 - 260	202 – 252	58°C	20	0,17*	4,51
EE63	106 – 132	94 – 130	58°C	17	Ns	3,75

T_{esp} – tamanho dos fragmentos esperados (Gaiotto et al.,2001) em pares de base, T_{obs} - tamanho dos fragmentos observados neste estudo, T_A= Temperatura de anelamento, A= Número de alelos por *locus*, Ns = alelos nulos não significativos, * alelos nulos significativos a 5%, R_a - Riqueza Alélica.

Após a genotipagem, detectou-se 152 alelos e a riqueza alélica (R_a) variou de 3,29 a 4,51. Testou-se para todos os *loci* a presença de alelos nulos, provenientes de erro de genotipagem ou de uma modificação do sítio de anelamento do *primer*, que promove a ausência do alelo no indivíduo criando um falso homocigoto. Essas modificações podem causar a inexatidão da interpretação da diversidade genética e das proporções genotípicas. O estimador Brookfield 1 foi escolhido por basear os cálculos na premissa de que as amostras que não amplificaram são alelos nulos, DNA degradado ou problemas com a PCR (MARTINS et al., 2008). Alelos nulos foram detectados com significância nos marcadores EE23, EE45, EE47 e EE52, fato este que não impede o uso destes *loci* para estudos genéticos, pois esses marcadores demonstraram um número elevado de alelos.

5.2 Análises intrapopulacionais

Os índices de diversidade genética de cada população foram calculados e estão apresentados na Tabela 4 e na Figura 7. O H_e variou de 0,48 no Parque Nacional da Pedra Talhada a 0,79 no Parque Nacional do Itatiaia e no fragmento de Capelinha. A menor H_o foi encontrada para a Reserva Natural da VALE (0,30) e a maior para o fragmento de Capelinha – RJ (0,63). Os maiores índices de fixação (F) pertencem a Reserva Natural da VALE (0,60) e ao Parque Nacional do Iguaçu (0,46), sendo os maiores coeficientes de endogamia registrados para a espécie. Enquanto que o menor valor de F foi encontrado para o fragmento da Pousada Brejal (0,15). A maior riqueza alélica detectada foi para a população de Araras (4,71) e Murici o menor valor (2,94).

Tabela 4 - Parâmetros genéticos das 26 populações de *Euterpe edulis* amostradas na Mata Atlântica

População	H_e	H_o	F	R_a	PIC
Estação ecológica de Murici (EE_Muri)	0,65	0,48	0,26	3,68	0,61
Parque Nacional da Pedra Talhada (PN_Talh)	0,48	0,40	0,16	2,94	0,45
Estação de VERACEL (RPPN_Ve)	0,65	0,44	0,33	3,76	0,62

A Tabela 4 continua

Continuação da Tabela 4

População	H_e	H_o	F	R_a	PIC
Parque Nacional da Serra das Lontras (PN_Lont)	0,73	0,52	0,29	4,29	0,70
Parque Nacional do Descobrimento (PN_Desc)	0,63	0,53	0,15	3,60	0,59
Serra da Jiboia – Reserva Jequitibá (FR_Jibo)	0,63	0,34	0,46	3,38	0,59
Pedra Azul (FR_Azul)	0,78	0,56	0,28	4,64	0,75
Caparaó, Chalé dos Faria (PN_Capa)	0,73	0,48	0,34	4,33	0,70
Cachoeira do Arco-íris (FR_Arco)	0,73	0,54	0,26	4,24	0,69
Reserva Natural da Vale (RN_VALE)	0,76	0,30	0,60	4,51	0,74
Reserva Biológica Estadual de Araras (RB_Arar)	0,78	0,51	0,38	4,71	0,75
Engenho D'ouros (FR_Ouro)	0,62	0,51	0,17	3,46	0,57
Parque Nacional da Serra da Bocaina (PN_Boca)	0,68	0,37	0,44	3,76	0,63
Capelinha (FR_Cape)	0,79	0,63	0,21	4,50	0,76
Parque Nacional do Itatiaia (PN_Itat)	0,79	0,54	0,31	4,51	0,76
Parque Ecológico Sagui da Serra (PE_Sagu)	0,77	0,55	0,29	4,59	0,74
Pousada Brejal (FR_Brej)	0,64	0,54	0,15	3,68	0,60
Estação ecológica de Ibicatu (EE_Ibic)	0,74	0,52	0,30	4,31	0,71
Parque Estadual Pico do Marumbi (PE_Maru)	0,63	0,44	0,29	3,74	0,60
Parque Nacional do Iguaçu (PN_Igua)	0,62	0,34	0,46	3,43	0,59

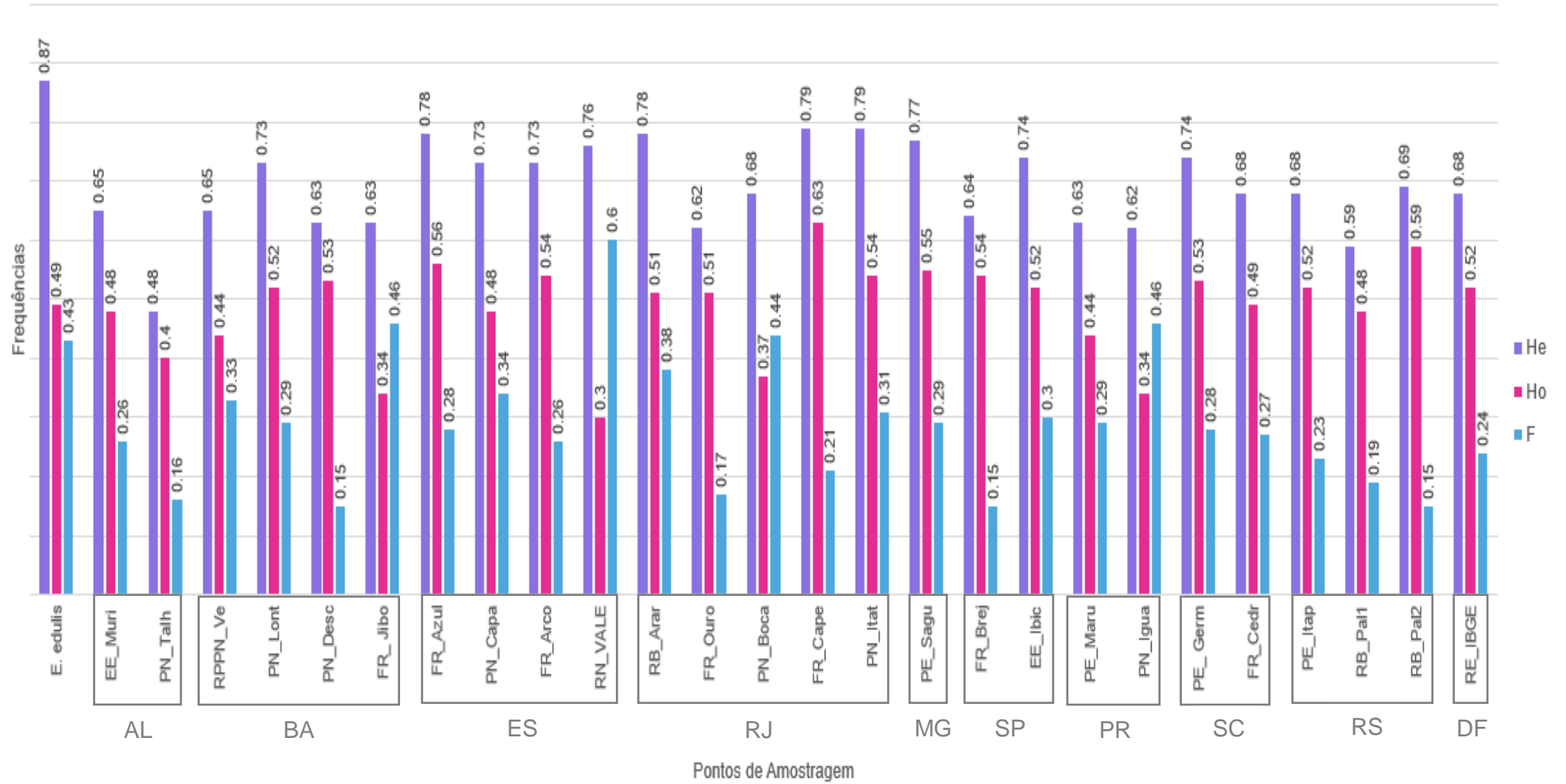
A tabela 4 continua

Continuação da Tabela 4

População	H_e	H_o	F	R_a	PIC
Parque Ecológico Freymund Germer (PE_Germ)	0,74	0,53	0,28	4,34	0,70
Rio do Cedros (FR_Cedr)	0,68	0,49	0,27	3,94	0,65
Parque Estadual do Itapeva (PE_Itap)	0,68	0,52	0,23	3,06	0,64
Reserva Biológica da Mata Paludosa Fragmento 1 (RB_Pal1)	0,59	0,48	0,19	3,69	0,53
Reserva Biológica da Mata Paludosa Fragmento 2 (RB_Pal2)	0,69	0,59	0,15	3,76	0,64
Reserva Ecológica do IBGE (RE_IBGE)	0,68	0,52	0,24	4,15	0,69
<i>Euterpe edulis</i>	0,87	0,49	0,43	-	-

H_e – Heterozigosidade esperada, H_o – heterozigosidade observada, F - índice de fixação e R_a – riqueza alélica.

Figura 7 - Gráfico dos índices de diversidade genética das 26 populações de *Euterpe edulis* amostradas na Mata Atlântica



Investigou-se também os índices de diversidade genética por estado e por região. Para isso, em cada estado desconsiderou-se as populações e considerou-se que todos os indivíduos eram supostamente pertencentes a uma população. O mesmo procedimento foi aplicado para as regiões. O Rio de Janeiro apresentou a maior H_e com valor de 0,84 e o Rio Grande do Sul a menor (0,67). As maiores H_o foram apresentadas por Minas Gerais (0,55), Distrito Federal (0,55) e Rio de Janeiro (0,54), e a menor H_o para o Paraná (0,39) (Tabela 5).

Tabela 5 – Parâmetros genéticos dos estados e regiões brasileiras amostradas neste trabalho com *Euterpe edulis*

Estados brasileiros	Nº Indivíduos	H_e	H_o	F	R_a
Nordeste	120	0,81	0,44	0,45	8,30
Alagoas	40	0,71	0,44	0,38	6,27
Bahia	80	0,79	0,45	0,44	7,74
Sudeste	234	0,86	0,52	0,39	10,27
Espírito Santo	64	0,84	0,46	0,45	9,70
Rio de Janeiro	90	0,84	0,54	0,36	8,47
Minas Gerais	26	0,77	0,55	0,29	8,25
São Paulo	54	0,74	0,53	0,28	7,30
Sul	153	0,75	0,48	0,35	7,66
Paraná	46	0,67	0,39	0,43	5,29
Santa Catarina	38	0,75	0,52	0,30	5,22
Rio Grande do Sul	69	0,69	0,52	0,24	6,19
Centro-Oeste	20	0,73	0,55	0,25	6,61
Distrito Federal	20	0,73	0,55	0,25	6,61
Média dos estados	-	7,55	4,95	3,42	7,10
Média das regiões	-	0,79	0,50	0,36	8,21

Nº Ind – Número de indivíduos analisados, H_e – Heterozigosidade esperada, H_o – heterozigosidade observada, F - índice de fixação e R_a – riqueza alélica.

O F foi elevado para todos os estados, quando comparado com os valores descritos na literatura para populações (Apêndice 6), mas estado do Espírito Santo apresentou o maior valor (0,45), seguido pela Bahia (0,44) e Paraná (0,43). Os menores valores pertenceram aos estados do Rio Grande do Sul (0,24) e Distrito Federal (0,25). Para o Espírito Santo a riqueza alélica (R_a) foi de 9,69 sendo o maior valor encontrado, e 5,20 o menor pertencentes ao Paraná e a Santa Catarina (Tabela 5).

Antes de analisar as regiões tem que se fazer um respaudo, para o Centro-Oeste apenas uma população foi amostrada e utilizou-se os valores populacionais para descrever a essa região. Para H_e o valor mais elevado (0,86) foi registrado para o Sudeste. e o mínimo (0,73) foi dividido entre o Centro-Oeste e a região Sul (0,75). O H_o de menor valor foi registrado para o Nordeste sendo 0,44, o maior nos estados do Centro-Oeste (0,55) e o Sudeste (0,52). O F variou de 0,45 no Nordeste a 0,25 no Centro-Oeste, com a riqueza alélica sendo menor (6,61) para essa região (Tabela 5).

5.3 Análises interpopulacionais

Na análise de variância molecular (AMOVA) não foi encontrada diferenciação genética significativa entre estados analisados (Tabela 6), mas detectou-se diferenciação entre as populações (10,81%) ao nível de significância de 5% e dentro das populações (86,6%) a 1%.

Tabela 6 - Análise de variância molecular (AMOVA) realizadas a partir de dados de marcadores microssatélites, para três níveis hierárquicos em 527 indivíduos, 26 populações de 10 estados brasileiros

Fonte de variação	Soma dos Quadrados	Porcentagem de Variação
Entre estados	328,94	2,58
Entre Populações	277,67	10,81 *
Dentro das populações	3488,58	86,60**
Total	4095,1885	100

*Significativo a 5% e ** significativo a 1%

O F_{ST} é um coeficiente que dita a possibilidade de que dois indivíduos de populações diferentes possuam um alelo idêntico por descendência, ou seja, mede se os indivíduos possuem ancestrais em comum e conseqüentemente o quanto as populações são diferentes geneticamente (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Considerou-se os 26 locais amostrados neste trabalho para estimar o F_{ST} para a espécie (0,17), valor que indica baixa estruturação genética populacional.

Também foi calculado o F_{ST} de cada estado e de cada região. Alagoas foi o estado com maior F_{ST} (0,20), sendo seguido pela Bahia (0,15). Para Alagoas o valor obtido ultrapassou o valor geral da espécie, demonstrando ser o estado com as populações mais diferenciadas geneticamente. Para os demais estados os valores de F_{ST} foram próximos de 0, indicando uma ausência de estruturação. Nas regiões encontrou-se para o Sul o maior valor de F_{ST} (0,187) e para o Sudeste o menor (0,1124). Para o Nordeste, os valores de F_{IS} e F_{ST} não foram gerados devido a proporção de dados faltantes. Os valores de F_{ST} encontrados sugerem que existe uma baixa estruturação (muito próxima de 0) para a espécie dentro dos estados, mas que existem características genéticas diferentes entre os estados que compõem uma região. Todos os valores podem ser visualizados na Tabela 7.

O F_{IS} calcula a possibilidade de que os dois alelos de um indivíduo sejam idênticos por descendência. Foi calculado um valor geral de F_{IS} para a espécie (0,32), os estados e as regiões são observado na Tabela 7. O menor valor encontrado é pertencendo ao estado do Rio Grande do Sul (0,22) e os maiores aos estados do Espírito Santo e Paraná (0,40). Não foi possível obter os valores de F_{ST} e F_{IS} para o Distrito Federal, Minas Gerais e região Centro-Oeste, pois a existência de apenas uma população inviabilizou o cálculo desses coeficientes.

Tabela 7 - Índices de diferenciação genética populacional para os estados e as regiões brasileiras

Estados brasileiros	Nº Indivíduos	F_{IS}	F_{ST}
Nordeste	120	Na	Na
Alagoas	40	0,25	0,20
Bahia	80	0,33	0,15
Sudeste	234	0,34	0,11
Espírito Santo	64	0,40	0,06
Rio de Janeiro	90	0,33	0,08
Minas Gerais	26	-	-
São Paulo	54	0,25	0,05
Sul	153	0,30	0,19
Paraná	46	0,40	0,05
Santa Catarina	38	0,31	0,02
Rio Grande do Sul	69	0,22	0,03
Centro-Oeste	20	-	-
Distrito Federal	20	-	-
<i>Euterpe edulis</i>	527	0,32	0,17
Média dos estados	-	0,31	0,08

Em busca da visualização da relação genética existente entre os indivíduos e as populações de cada estado, gerou-se dendogramas a partir da matriz de distância genética calculada pela distância euclidiana. Os dendogramas podem ser observados na Figura 10 e nos apêndices de 1 a 4. A análise desses dendogramas demonstram a alta diversidade e baixa diferenciação genética da espécie. Os estados do Sudeste, Sul e Centro-Oeste (apêndices 1 a 4), não apresentaram formação de grupos, e os indivíduos das populações se misturam. Em alguns estados notou-se a organização de grupos mais similares a delimitação das populações amostradas. Em Alagoas (Figura 10 A), nota-se a formação de 2 grupos compostos por indivíduos da mesma população, resultado condizente com o valor de F_{ST} . Na Bahia (Figura 10 B) detectou-se 2 grupos, um composto pela maior parte da população dos indivíduos do Parque Nacional do Descobrimento e outro formado pelos indivíduos da Serra da Jiboia e da RPPN de Veracel. Neste último, ainda existe uma separação entre essas duas populações mesmo ambas pertencerem o mesmo agrupamento, evidenciando uma diferenciação da genética dos indivíduos de cada local. As amostras do Parque Nacional da Lontra não pertenceram a nenhum dos grupos formados, indicando que essa população mantém uma diversidade alta e mais parecida com a composição genética da espécie apresentada por outros estados.

Na região Sudeste, o dendograma do estado de São Paulo (Apêndice 2 B) indicou dois possíveis grupos. O primeiro formado por uma parte dos indivíduos provenientes da Estação Ecológica de Ibicatu e o segundo é uma mistura da maioria dos indivíduos da população da Pousada Brejal e da Estação Ecológica de Ibicatu. É interessante observar que essas populações compartilham algumas semelhanças genéticas, mas que existe um grau de diferenciação entre elas. Para a região sul, nas populações do estado de Santa Catarina notou-se um comportamento semelhante ao das populações de São Paulo. Os estados do Espírito Santo, Rio de Janeiro, Paraná e Rio Grande do Sul a diversidade genética é alta e distribuída de forma homogênea entre as populações de forma que os dendogramas não demonstraram formação de grupos e sim indivíduos diferentes geneticamente.

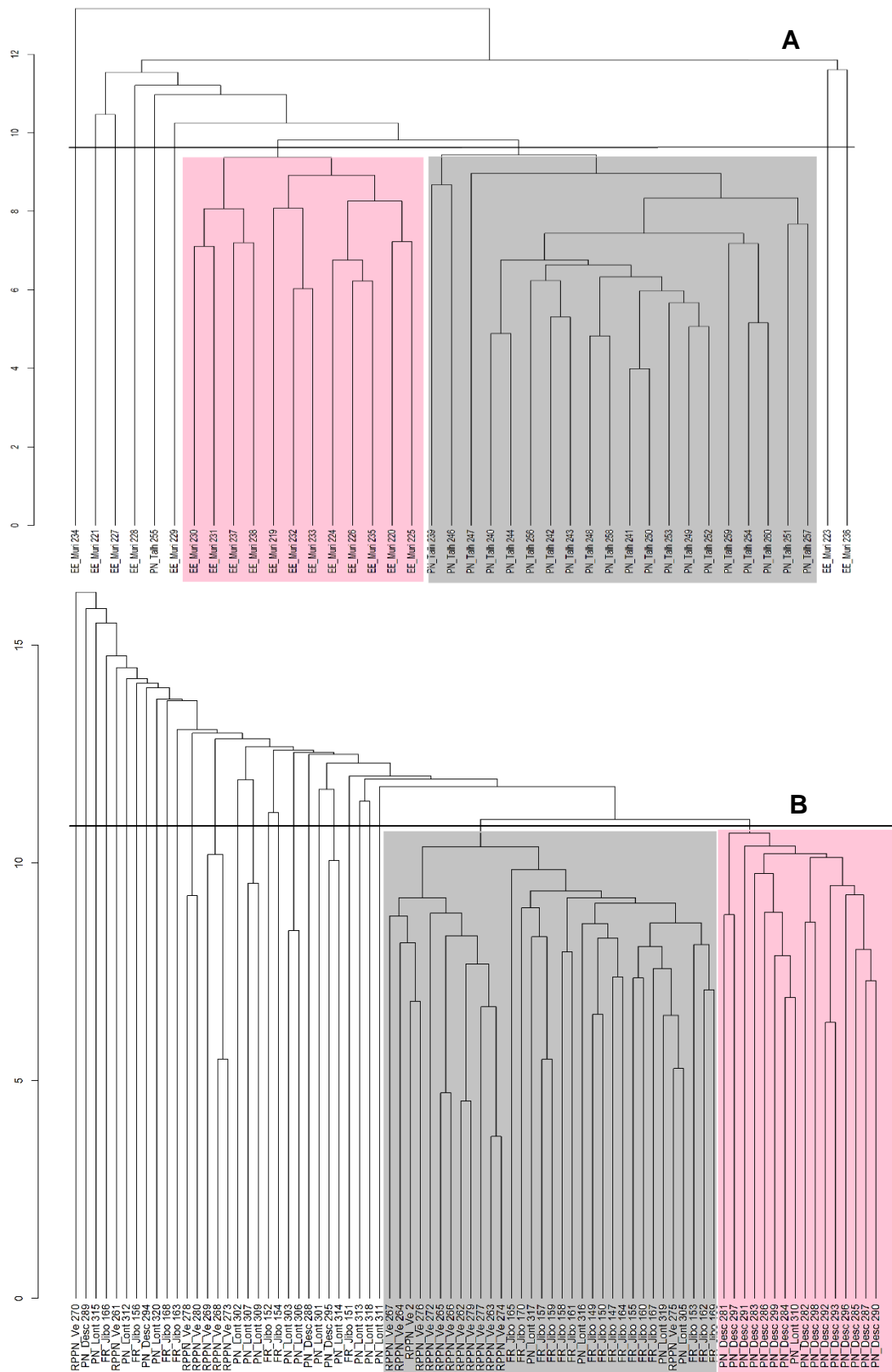


Figura 8 - Dendrogramas das populações de *Euterpe edulis* por estados. (A) Alagoas, com diferenciação das populações, (B) Bahia, indicando processo de diferenciação genética de algumas populações.

Análises de coordenadas principais (PCoA) foram realizadas para os 527 indivíduos organizados por estado, o resultado pode ser observado na Figura 9. A análise demonstrou que a população proveniente do Distrito Federal possui características genéticas que a torna muito distinta das demais populações amostradas. Esse grau de diferenciação dificultou a análise dos demais estados. Dessa forma, realizou-se uma nova PCoA removendo a população do Distrito Federal. No total 507 indivíduos foram plotados nessa nova versão possibilitando a identificação de um contínuo que representa a alta diversidade genética da espécie e a baixa estruturação populacional (Figura 10). Entretanto, mesmo no contínuo é possível observar um padrão de agrupamento dos indivíduos que tende a seguir a orientação geográfica das regiões brasileiras. Os indivíduos amostrados nos estados de Alagoas e Bahia são plotados próximos entre si mostrando pouca mistura com os provenientes do Sudeste. Já as amostras do Sudeste e Sul se misturam, mas é possível observar que as amostras de cada região tendem a se manter agrupadas.

A estruturação das populações foi estimada no STRUCTURE através de análise bayesiana, essa análise permite inferir dentro da amostragem realizada grupos de indivíduos que possuam a mesma ancestralidade. O número de grupos genéticos mais significativo para este trabalho foi estimado em $K=2$ (Figura 11), entretanto os valores de $K=3$ e $K=4$ também foram avaliados e são apresentados nas Figura 12 e 13.

Quando considerado dois grupos ancestrais (Figura 11) nota-se uma diferenciação entre as regiões. As populações da Serra da Jiboia - Monte Cruzeiro, Estação de VERACEL e Parna da Pedra Talhada são as mais diferenciadas dentre as populações do Nordeste e as de Estação ecológica de Murici, Parna da Serra da Lontra e Parna do Descobrimento as mais semelhantes com as populações do Sudeste. Dentro da região sul nota-se que a o Parna de Iguaçu apresenta uma diferença das demais populações.

Considerando que existam $K= 3$ grupos de ancestralidade aumenta-se a diferenciação das regiões e de algumas populações (Figura 12). Dentro da região sudeste percebe-se que as populações dos estados do Espírito Santo e Minas Gerais são diferentes das amostradas para os estados do Rio de Janeiro e São Paulo. No Nordeste consegue-se separar a população da Estação Ecológica de

Murici das populações mais parecidas com o Sudeste e a incluir nas populações mais diferentes do Nordeste. Essas populações diferentes do Nordeste apresentam semelhança com a população de Brasília. Na região Sul as populações passaram apresentar diferenças estruturais, onde o as populações do Rio Grande do Sul são diferentes das amostradas para o Paraná e Santa Catarina, que são mais semelhantes entre si. Paraná e Santa Catarina se caracterizam por ser uma zona de transição, com semelhanças genéticas com o Sudeste (Rio de Janeiro e São Paulo) e com o Rio Grande do Sul.

As análises com $K= 4$ (Figura 13) possibilita definir melhor as diferenças dentro de cada região geográfica. As populações da região do Alto Caparaó no Espírito Santo apresentam semelhanças com a população de Minas Gerais. Quando analisadas as populações do Rio de Janeiro e São Paulo percebe-se uma semelhança com o fragmento de Capelinha – RJ com as de São Paulo. No Nordeste, encontra-se semelhança de algumas populações com o Espírito Santo e Minas Gerais e maior diferenciação das populações de Estação de VERACEL e do Parna da Pedra Talhada. No Sul aumentou-se a diferenciação das populações do Rio Grande do Sul com o Paraná e Santa Catarina. Interessante notar que a população de Brasília demonstra uma semelhança grande com as populações do Nordeste e com as do Espírito Santo e Minas Gerais.

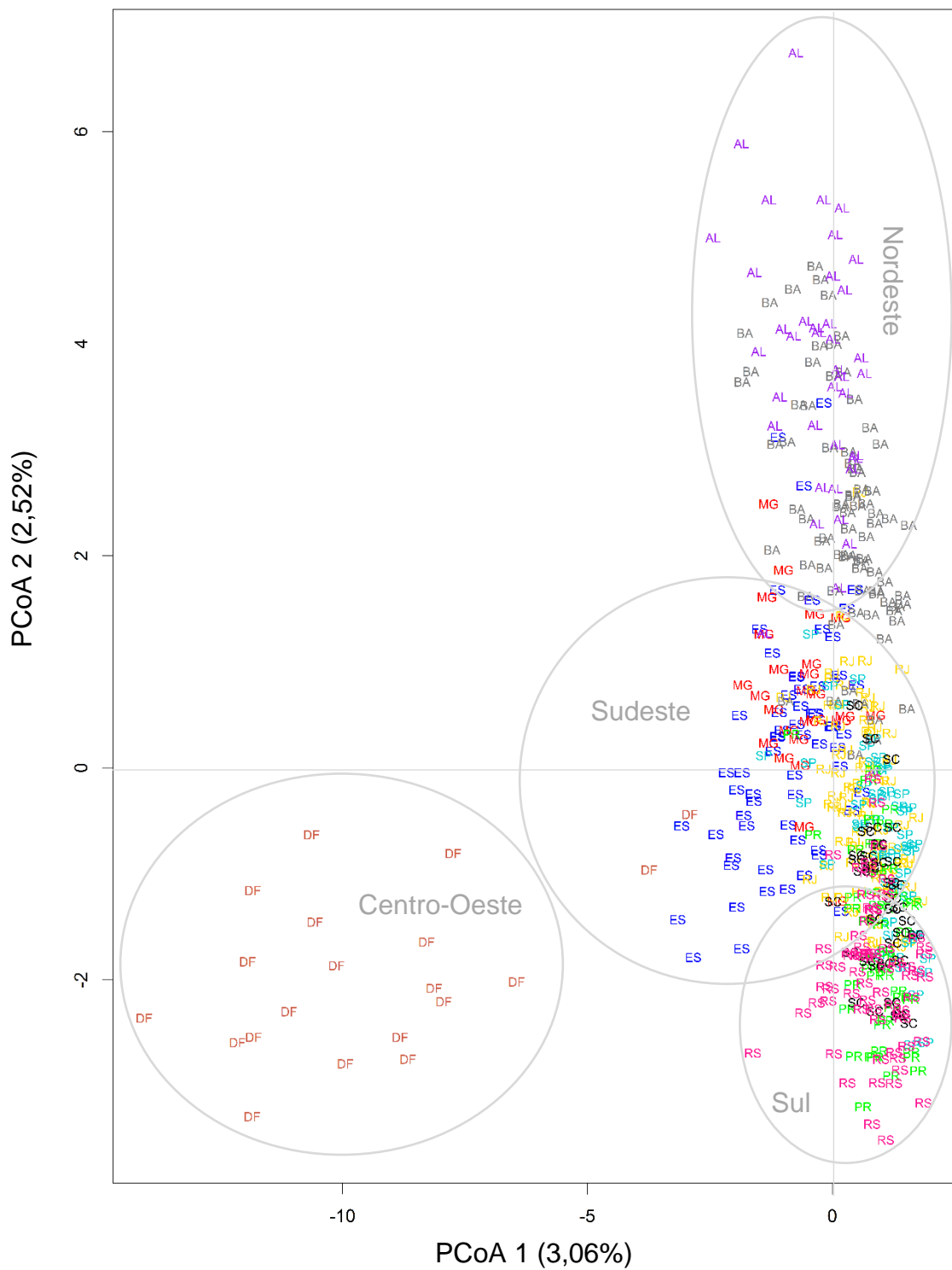


Figura 9 - Estruturação genética dos 527 indivíduos de *Euterpe edulis* provenientes de 10 estados brasileiros, baseada na análise de coordenadas principais (PCoA).

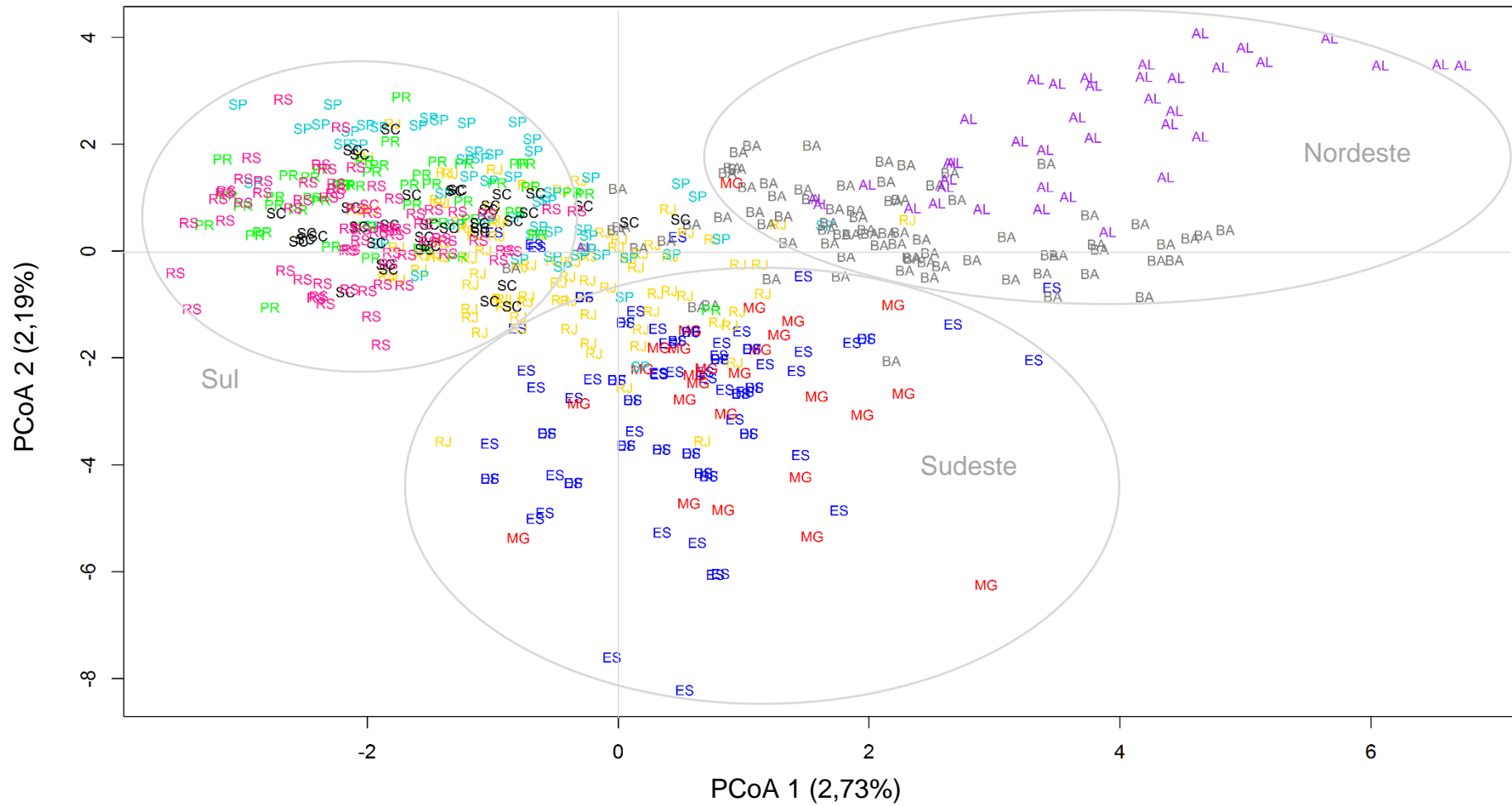


Figura 10 - Estruturação genética dos 507 indivíduos, excluindo a população do Distrito Federal, baseada na análise de coordenadas principais (PCoA).

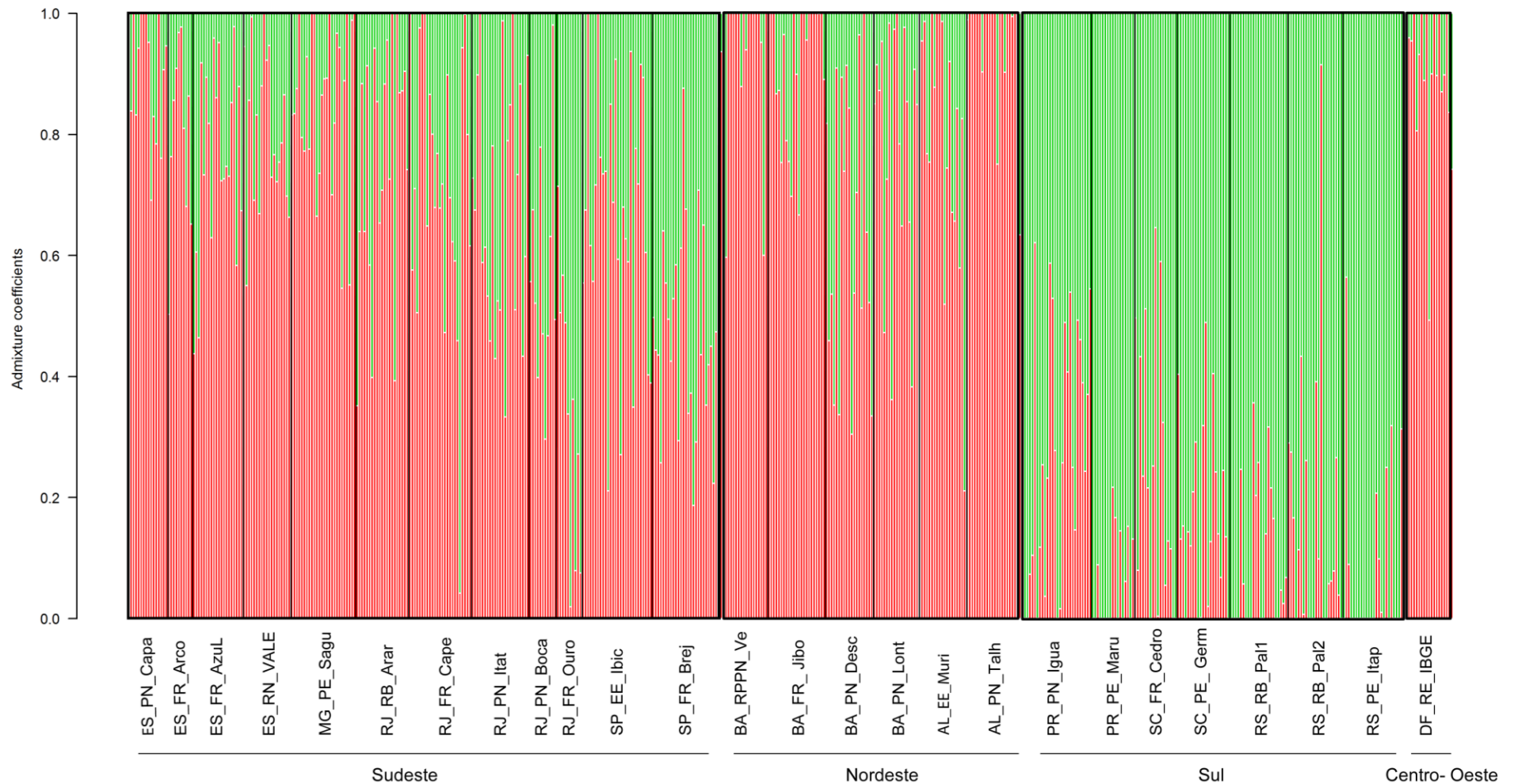


Figura 11. Análise de estrutura genética por inferência bayesiana das 26 populações de *Euterpe edulis* com K=2 grupos representados pelas cores vermelha, verde.

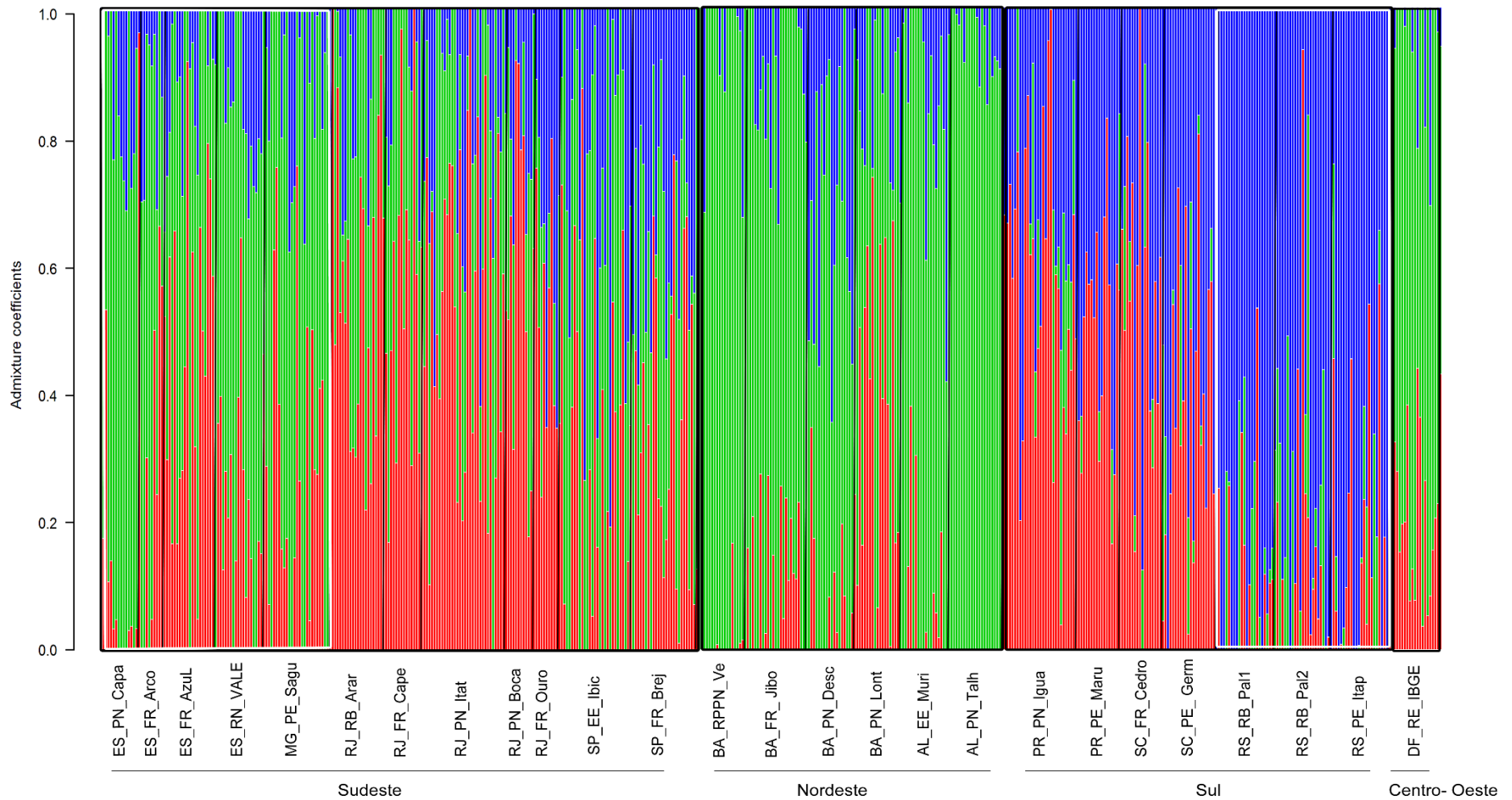


Figura 12. Análise de estrutura genética por inferência bayesiana das 26 populações de *Euterpe edulis* com K=3 grupos representados pelas cores vermelha, verde e azul escuro.

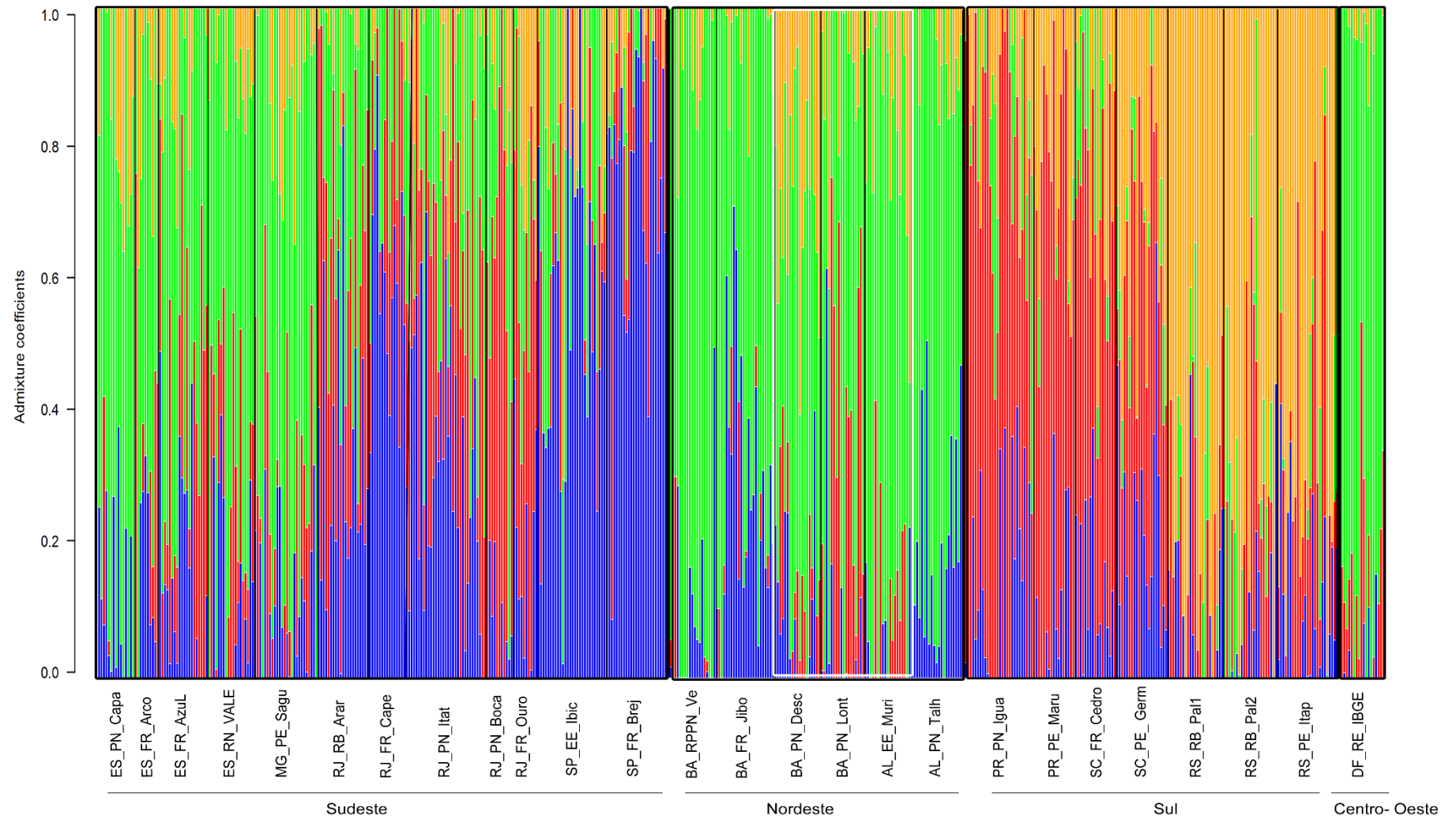


Figura 13. Análise de estrutura genética por inferência bayesiana das 26 populações de *Euterpe edulis* com K=4 grupos representados pelas cores vermelha, verde, azul escuro e amarelo.

6 DISCUSSÃO

6.1 Diversidade genética intrapopulacional

Os resultados demonstraram um número considerável de populações de *E. edulis* com altos níveis de diversidade genética (Tabela 4 e Figura 7). Os estados do Rio de Janeiro e São Paulo apresentaram as populações mais diversas geneticamente, com maior riqueza alélica e baixa endogamia. Esses resultados são corroborados por trabalhos anteriores, como demonstrado no apêndice 6 (GAIOTTO et al., 2003; CONTE, 2008; CARVALHO et al., 2015; SANTOS et al., 2015, NOVELLO et al., 2017; CARVALHO et al., 2018). Estudos indicam que a alta diversidade genética observada ainda é um reflexo da metapopulação histórica que se modificou e sobreviveu a retração de habitats desde o Último Máximo Glacial (LGM) até o Holoceno médio (CARVALHO et al., 2017). Esse fator histórico de diversidade e a biologia reprodutiva da espécie auxiliam a compreensão de como ambientes comprometidos pelo desmatamento, pela baixa cobertura vegetal e exploração de palmito, conseguem manter a endogamia baixa e proporção de heterozigotos alta na população (CARVALHO et al., 2015; SANTOS et al., 2015).

Sabe-se que *E. edulis* se reproduz por fecundação cruzada com polinização através de insetos (entomofilia) principalmente a abelha *Trigona spinipes* (Irapuã) e o vento (anemofilia) (REIS et al., 1993; COELHO, 2010). A irapuã é descrita como uma abelha social pequena, com área de forrageamento de 840 metros a partir de seus ninhos (ZURBUCHEN et al., 2010). Em ambientes com escassez e fontes pouco variáveis de alimento, esses insetos tentam visitar um maior número de plantas e locais mais distantes em busca de recursos. Outro fator é a ação do vento na dispersão de pólen possibilitada pela vegetação mais espaçada. Essas condições tenderiam a favorecer a reprodução entre os indivíduos e a manutenção da diversidade histórica.

Euterpe edulis é uma espécie de subosque (SCUDELLER et al, 2001) com característica de formação de palmitais, regiões dentro das áreas de ocorrência, com grande número de indivíduos. Esses palmitais são expandidos e mantidos pelo banco de plântulas que se formam ao redor das plantas - mãe

(MARTO; BARRICHELO; MÜLLER, 2007). Em florestas preservadas a vegetação tende a ser fechada com composição variada. Nessas situações de oferta farta de alimento e recursos aos polinizadores tendem a visitar um menor número de indivíduos e ter uma menor área de forrageamento (ZURBUCHEN et al, 2010). Outro fator a ser considerado é a baixa anemofilia em locais de dossel fechado, uma vez que as folhagens atuam como uma barreira de ventos.

Populações conservadas provenientes de unidades de conservação com mais de 40 anos de existência, como a Reserva Natural da VALE – ES, Parna da Serra da Bocaina –SP, o Parna do Iguaçu – PR e o fragmento da Serra da Jiboia – BA apresentaram os maiores valores de F (Tabela 4 e no Apêndice 6) relatados na literatura até o momento (GAIOTTO et al., 2003; CONTE, 2008; CARVALHO et al., 2015; SANTOS et al., 2015, NOVELLO et al., 2017; CARVALHO et al., 2018). Esses locais possuem em comum vegetação fechada e o histórico de exploração ilegal de palmito (BLENGINI et al., 2015; D'AMICO et al., 2018)

Esses resultados de perda de diversidade genética são decorrentes do corte indiscriminado de *E. edulis*, associado a síndrome de polinização. Os representantes da espécie existentes nessas áreas são descendentes de um pequeno número de indivíduos restantes, pós exploração. A espécie que possui ciclo de vida longo, precisou de período maior de tempo para imprimir geneticamente as consequências da redução da população e do cruzamento entre indivíduos aparentados.

Ao analisamos os dados de diversidade genética para a espécie, considerando os 527 indivíduos dessa pesquisa, nota-se valores de endogamia altos (Tabela 4 e Figura 7). Situação também apresentados pela Estação de VERACEL- BA, o Caparaó – ES, a Reserva Biológica de Araras e o Parna do Itatiaia – RJ e a Estação Ecológica de Ibicatu - SP, um indicativo de que essas populações e a espécie estão sujeitas ao mesmo processo de perda de diversidade.

6.2 Diversidade genética interpopulacional e estruturação genética

Os principais trabalhos de diversidade genética com *E. edulis* disponíveis na

literatura relatam ausência ou baixa estruturação genética para as populações analisadas (GAIOTTO et al., 2003; CONTE, 2008; CARVALHO et al., 2015; SANTOS et al., 2015, NOVELLO et al., 2017; CARVALHO et al., 2018).

Possíveis explicações para os resultados apresentados acima remetem à distribuição da *E. edulis* no bioma da Mata Atlântica (Figura 5). Considerando-a uma espécie típica, que tem ocorrência registrada para diferentes fitofisionomias (Figura 6) e que quando ocorre na vegetação é predominante (SCUDELLER et al., 2001). Além disso, originalmente o bioma era um contínuo florestal desde a região Nordeste até a região Sul, que possibilitava a conexão das populações (CARVALHO et al., 2017) através de fluxo gênico e da dispersão de sementes por aves e roedores, formando uma grande população megadiversa (CARVALHO et al., 2017).

Dito isso, Santos et al. (2015), sugeriu que a manutenção dos valores altos de diversidade e baixa estruturação genética em populações degradadas estariam relacionadas a eliminação intensa dos indivíduos em um curto período, assim impedindo que a espécie demonstre geneticamente os impactos da exploração e a degradação do ambiente. Em relação a esses fatores, os resultados deste trabalho relataram perda de diversidade em populações de reservas, como demonstrado na seção anterior. Esse comportamento é uma consequência da recuperação natural da espécie, pós exploração, associado a comportamento de forrageamento dos polinizadores e ausência grandes dispersores de sementes (CARVALHO et al., 2017).

Os resultados demonstram que *E. edulis* segue o padrão apresentado na literatura (Apêndice 5 e 6), pois as análises de diferenciação genética por AMOVA (Tabela 6) e F_{ST} (Tabela 7) indicaram uma estruturação baixa, mas significativa. Porém, ao analisar a estruturação das populações, é perceptível que a diversidade genética é distribuída continuamente ao longo do bioma, mas com indícios de diferenciação das populações e das regiões geográficas, como demonstrado nas Figuras 9 a 13.

A continuidade da diversidade genética detectada se deve ao compartilhamento de alelos entre as populações e a diferenciação da composição genotípica característica de cada região. Essa composição genotípica é representada pela forma como os alelos estão organizados nos

indivíduos e nas populações. Essas diferenças são observadas ao associar a diversidade genética com a geografia brasileira, evidenciadas pelos contrastes entre as regiões Nordeste, Sudeste, Sul e Centro-Oeste, mesmo sem uma delimitação desses grupos pela estatística (Figura 9 a 13).

Esse resultado é um indício de um processo de diferenciação genética entre as regiões, muito provavelmente associada clima, precipitação, relevo, tipos de vegetação características de cada local ou fitofisionomia. Esse padrão de diferenciação foi relatado tanto pela análise de PCoA (Figura 9 e 10), quanto pelo STRUCTURE em todos os K grupos considerados (Figuras 11 a 13).

Além da diferenciação das regiões, as análises possibilitaram a diferenciação de algumas populações. As amostras do Distrito Federal, mostraram-se diferentes das demais populações estudadas (Mata Atlântica) como visualizada na Figura 9. Neste caso podemos considerar uma possível influência do contexto ambiental e do bioma Cerrado na composição genotípica dessa população.

No Nordeste é possível diferenciar dois grupos, uma das populações mais semelhantes com o Sudeste, e outro com as populações mais diferentes composto pelo Parna da Serra Talhada e da Estação ecológica de Murici (Alagoas) e RPPN VERACEL e Serra da Jiboia (BA), visualizado nas Figuras 12 e 13. Para a Bahia nota-se que a diferenciação ocorreu em populações com endogamia alta, um indício de que esse processo esteja influenciando uma modificação da composição genética capaz de distancia-las geneticamente. Em Alagoas, não foi encontrado F elevado e para a população do Parna de Serra Talhada. Entretanto, essa diferenciação é um reflexo da composição genética dessa população, onde tem-se baixa riqueza de alelos bem distribuídos entre os indivíduos, fato observado nas frequências de H_e e H_o muito próximas, remetendo ao equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Na região Sul, as populações do Rio Grande do Sul se mostram separadas das populações do Paraná e de Santa Catarina (Figuras 12 e 13). Isso pode ocorrer devido as características ambientais dos locais de ocorrência dessas populações, que são próximas ao litoral, com baixas altitudes e provenientes de áreas com solos mal drenados e abrigado do vento, criando condições para um microclima muito úmido e com pouca variação de temperatura

(STEIGLEDER, 2006).

6.3 Áreas prioritárias para pré-melhoramento e conservação

Programas de pré-melhoramento e conservação tem como base a busca de diversidade genética. O presente trabalho teve indícios de diferenciação genética tanto entre regiões, quanto de populações dentro das regiões (Figuras 11 a 13). Esses resultados permitem organizar a amostragem de diversidade a fim de maximizar os ganhos em informação genética. A amostragem em diferentes regiões geográficas já garantiria uma diversidade genética alta, mas indica-se investir também em coletas de populações que mostrem composições diferentes.

As populações mais diferenciadas estão no Parque Nacional da Serra Talhada e da Estação ecológica de Murici em Alagoas, na RPPN Estação de VERACEL e na Serra da Jiboia – Reserva Jequitibá na Bahia, na Reserva Ecológica do IBGE em Brasília, no Parque Estadual do Itapeva e na Reserva Biológica da Mata Paludosa no Rio Grande do Sul (Figuras 11 a 13).

Apesar de apresentar Reserva no nome, a Reserva do Jequitibá localizada no complexo da Serra da Jiboia, o maior maciço florestal serrano preservado da região do Recôncavo Sul da Bahia, ainda não é uma unidade de conservação. O tema é debatido a mais de 20 anos, e como escrito na Proposta de unidade de conservação da Serra da Jiboia, “(...) a preocupação em conservar a região é antiga e o interesse em efetivar UCs é geral, não apenas das instituições, mas também de vários membros das comunidades” (BLENGINI et al., 2015).

7 CONCLUSÃO

Este trabalho teve como objetivo analisar a diversidade e a estruturação da espécie *Euterpe edulis* em remanescentes da Mata Atlântica. Os resultados demonstram que a espécie possui populações com alta diversidade genética, endogamia e estruturação baixa. Entretanto, populações preservadas da Reserva Natural da VALE – ES, do Parna da Serra da Bocaina –SP, do Parna do Iguaçu – PR e do fragmento da Serra da Jiboia – BA apresentaram os maiores valores de endogamia já registrados para a espécie. Reflexo da exploração do palmito associada a biologia reprodutiva da espécie, ao comportamento dos polinizadores. Observou-se que a região Sudeste apresentou a maior diversidade genética e que o Nordeste apresentou valores maiores de endogamia.

Existem indícios de um processo inicial de estruturação para a espécie entre regiões geográficas e entre populações dentro das regiões. De acordo com os dados obtidos existe indícios de uma relação entre a distribuição da diversidade e os fatores abióticos característicos de cada região como clima, relevo, pluviosidade, umidade e altitude.

A estruturação da espécie, mesmo inicial, possibilitou a identificação de locais com composição genética distintas e que se destacaram das demais. O Parque Nacional da Serra Talhada e da Estação ecológica de Murici em Alagoas, na RPPN Estação de VERACEL e na Serra da Jiboia – Reserva Jequitibá na Bahia, na Reserva Ecológica do IBGE em Brasília, no Parque Estadual do Itapeva e na Reserva Biológica da Mata Paludosa no Rio Grande do Sul possuem características que podem maximizar variabilidade para programas de pré - melhoramento e de conservação.

8 REFERÊNCIAS

- BLENGINI, I. A. D.D et al. Proposta de Unidade de Conservação da Serra da Jiboia. Salvador: Gambá, 2015. 230 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6, ed, Viçosa: UFV, 523 p. 2013.
- BOURSCHEID, K. *Euterpe edulis* - Palmito juçara, In: CORADIN, L.; SIMINSKI, A.; REIS, A. **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul**. Ed.2, Brasília – DF: Ministério do Meio Ambiente, 2011, Cap.5, p. 179–183.
- BOVI, M. L. A.; CARDOSO, M. Conservação de sementes de palmito (*Euterpe edulis* Mart.). **Bragantia**. [s.l.], v. 37, p. 65-71, 1978.
- BRASIL, Ministério do Meio Ambiente, SNUC – Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza: Lei nº 9,985, de 18 de julho de 2000; Decreto nº 4,340, de 22 de agosto de 2002; Decreto nº 5,746, de 5 de abril de 2006, Plano Estratégico Nacional de Áreas Protegidas: Decreto nº 5,758, de 13 de abril de 2006, Brasília: MMA, 2011, 76 p.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis - IBAMA. Instrução Normativa nº05 de 05 de 25 Outubro de 1999. Diário Oficial da União de 26/10/1999. Disponível em: <>. Acesso em: 07/05/2019.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis - IBAMA. Instrução Normativa nº05 de 25 Outubro de 1999. Diário Oficial da União de 26/10/1999. Disponível em: <>. Acesso em: 07/05/2019.
- CALVI, G. P.; PIÑA-RODRIGUES, F. C. M. Fenologia e produção de sementes de *Euterpe Edulis* - Mart em trecho de floresta de altitude no município de Miguel Pereira-RJ. **Rev. Univ. Rural**, Soropédica, v. 25, n. 1, p.33-40, jun. 2005.
- CARDOSO, S. R. S., et al. Genetic differentiation of *Euterpe edulis* Mart. populations estimated by AFLP analysis. **Molecular Ecology**, [s.l.], n. 9, p.1753-1760, 2000.
- CARVALHO, C. S., et al. Climatic stability and contemporary human impacts affect the genetic diversity and conservation status of a tropical palm in the Atlantic Forest of Brazil, **Conservation Genetics**, [s.l.], v. 18, n. 2, p.467-478, 12 jan, 2017, Springer Nature. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-016-0921-7>
- CARVALHO, C. S. 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, abr, 2015, Springer Nature. <http://dx.doi.org/10.1038/hdy.2015.30>
- CARVALHO, C. S. et al. Defaunation leads to microevolutionary changes in a

tropical palm. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 6, n. 1, p.1-9, 18 ago, 2016, Springer Nature. <http://dx.doi.org/10.1038/srep31957>

CARVALHO, M. S. et al. DNA de alta qualidade isolado a partir do córtex de *Euterpe edulis* Mart, (Arecaceae). **Ciência Florestal**, [s.l.], v. 29, n. 1, p.396-402, 4 abr, 2019, Universidade Federal de Santa Maria. <http://dx.doi.org/10.5902/1980509824130>, Disponível em: <<https://periodicos.ufsm.br/cienciaflorestal/article/view/24130/pdf>>, Acesso em: 16 abr, 2019.

CARVALHO, M. S. et al (submetido). Diversidade e estrutura populacional de *Euterpe edulis* Mart., uma espécie chave da Mata Atlântica, por caracteres morfológicos de fruto e marcadores microssatélites. **Tree Genetics & Genome**, 2018.

CARVALHO, N. C. **Filogeografia do Palmiteiro (*Euterpe edulis*) na Mata Atlântica Brasileira**. 2017, 29 f. Trabalho de Conclusão de Curso - Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

CHHATRE, V.E.; EMERSON, K.J. StrAuto: Automation and parallelization of STRUCTURE analysis. **BMC Bioinformatics**, p.18 - 192, 2017, doi: <http://dx.doi.org/10.1186/s12859-017-1593-0>

COELHO, G. M. **Estrutura genética populacional em morfotipos de *Euterpe edulis***. [s.l.] Universidade Estadual de Santa Cruz, 2010.

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, 8 maio 2008. Oxford University Press (OUP), <http://dx.doi.org/10.1093/jhered/esn055>

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

CONTE, R. **Estrutura genética de populações de *Euterpe edulis* Mart. Submetidas à ação antrópica utilizando marcadores alozímicos e microssatélites**. 2004. 122f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

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

CUNHA, A. A. **Expansão da rede de unidades de conservação da Mata Atlântica e sua eficácia para a proteção das fitofisionomias e espécies de primatas: análises em sistemas de informação geográfica**. Tese de doutorado, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2010.

D'AMICO, A. R. et al. (Org.). **Plano de manejo do Parque Nacional do Iguaçu**. Brasília: ICMBio, 2018. 57 p.

DASILVA, M. B. Áreas de endemismo: as espécies vivem em qualquer lugar, onde podem ou onde historicamente evoluíram? **Revista da Biologia**, [s. l.], n. 1, p.12-17, jan, 2011.

DIAS FILHO, C. R. **Alterações na variabilidade genética de *Euterpe edulis* Mart, (Arecaceae)**. 2006, 56 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Genética e Biologia Molecular, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2006.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.12, p.13-15, 1990.

FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA (Ed.). **A Mata Atlântica**, 2018. Disponível em: <<http://www.sosma.org.br/nossa-causa/a-mata-atlantica/>>, Acesso em: 07 março 2018.

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**, v. 1, n. 1-2, p.86-88, 2001.

GAIOTTO, F. A.; GRATTAPAGLIA, D.; VENCOVSKY, R. Genetic Structure, Mating System, and Long-Distance Gene Flow in Heart of Palm (*Euterpe edulis* Mart.). **Journal of Heredity**, v. 94, n. 5, p. 399–406, 2003.

Hulce, D.; Li; X.; Snyder-Leiby, T. GeneMarker® Genotyping Software: Tools to Increase the Statistical Power of DNA Fragment Analysis. *Journal Of Biomolecular Techniques*, v. 22, p.

GOUDET, J.; JOMBART, T.. Hierfstat: Estimation and Tests of Hierarchical F-Statistics, R package version 0,04-22, 2015.

HEDRICK, P. W.; GARCIA-DORADO, A. *Understanding Inbreeding Depression, Purging, and Genetic Rescue*. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 31, n. 12, p. 940–952, 2016.

HENDERSON, A. et al. *The genus Euterpe in Brazil*. **Sellowia**, n. 49/52, p. 1-22, 2000.

ICMBio (Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade). **Painel dinâmico de Informações**. 2017. Acesso em: 04 fev, 2018.

OKSANEN, J. et al. vegan: Community Ecology Package, R package version 2,5-4, 2019.

KALIA, R. K. et al. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, [s.l.], v. 177, n. 3, p.309-334, Springer Nature, 2010.

KONZEN, E. R.; MARTINS, M. P. Contrasting levels of genetic diversity among populations of the endangered tropical palm *Euterpe edulis* Martius, **Cerne**, [s.l.], v.23, n. 1, p.31-42, mar, 2017. Fap UNIFESP (SciELO).
<http://dx.doi.org/10.1590/01047760201723012237>.

LORENZI, H.; NOBLICK, L.; KAHN, F.; FERREIRA, E. Flora brasileira Lorenzi: Arecaceae (palmeiras). **Instituto Plantarum de Estudos da Flora**. Nova Odessa, 2010. 368p.

LAUTERJUNG, M. B. et al. Temporal changes in population genetics of six threatened Brazilian plant species in a fragmented landscape. **Forest Ecology And Management**, [s.l.], v. 435, p.144-150, mar, 2019. Elsevier BV.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.foreco.2018.12.058>,

LEITMAN, P., et al. Arecaceae, In: MARTINELLI, Gustavo; MORAES, Miguel Avila. **Livro Vermelho da Flora do Brasil**. Rio de Janeiro: Cncflora, 2013, p. 187-195.

MARTINELLI, GUSTAVO; MORAES, M. A. **Livro Vermelho da Flora do Brasil**. Rio de Janeiro: [s.n.], 2013.

MARTINS, P. S. **Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação “in situ”**. IPEF, Piracicaba, n. 35, p. 71-78, abril, 1987.

MARTINS, K. et al. Estrutura genética populacional de *Copaifera langsdorffii* Desf. (Leguminosae - Caesalpinioideae) em fragmentos florestais no Pontal do Paranapanema, SP, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, [s.l.], v. 31, n. 1, p.61-69, mar. 2008. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-84042008000100007>.

MARTINS-CORDER, M. P., et al. Diversidade genética em populações de *Euterpe edulis* Martius do Rio Grande do Sul, através de marcadores isoenzimáticos. **Revista Ceres**, v. 56, n. 2, p. 204-213, 2009.

MARTO, G. B. T.; BARRICHELO, L. E. G.; MÜLLER, P. H. **Euterpe edulis (Palmito-juçara)**. 2007. Acesso em: 21 fev, 2018.

MAUÉS, M. M, et al. A importância dos polinizadores nos biomas brasileiros, conhecimento atual e perspectivas futuras para conservação, In: Imperatriz-Fonseca V.L. et al. (eds.). **Polinizadores no Brasil**, São Paulo: Edusp, 2012, p. 49-66.

MCGUIGAN, J.; YOU, Y.; LIU, GeneMarker® Genotyping Software: Tools to Increase the Statistical Power of DNA Fragment Analysis. **Journal Of Biomolecular Techniques**, S.i, v. 22, n. 1, p.35-36, out. 2011. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3186482/pdf/jbtS35b.pdf>>. Acesso em: 06 maio 2019.

MMA/ICMBio. **Plano de Manejo da Reserva Biológica da Pedra Talhada**. 2017.

MORTARA, M. O.; VALERIANO, D. M.. Modelagem da distribuição potencial do palmito (*Euterpe edulis* Martius) a partir de variáveis topográficas. In: Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto, 10, 2001, Foz do Iguaçu. **Resumos**. Foz do Iguaçu: INEPE, 2001, p.459-71.

MÜLLNER, D. Fastcluster: Fast Hierarchical, Agglomerative Clustering Routines for R and Python. **Journal of Statistical Software**, n. 53, v. 9, p. 1-18.

MYERS, N. et al. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, [s.l.], v. 403, n. 6772, p.853-858, fev. 2000. Springer Nature.
<http://dx.doi.org/10.1038/35002501>.

NOVELLO, M., et al. Genetic conservation of a threatened Neotropical palm through community-management of fruits in agroforests and second-growth forests. **Forest Ecol. Manage.** 2017.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.foreco.2017.06.059>

OLIVEIRA, V. B. et al. RPPN e biodiversidade: o papel das reservas particulares na proteção da biodiversidade da Mata Atlântica, Belo Horizonte: **Conservação Internacional**. 2010, p. 48.

OLIVEIRA-FILHO, A. T.; MACHADO, J. N. M.. Composição florística de uma floresta semidecídua montana, na Serra de São José, Tiradentes, Minas Gerais, **Acta bot. Bras.** [s.l.], v.7, n. 2, p.71-88, 1993.

PIZO, M. A., VON ALLMEN, C., MORELLATO, L. P., C. Seed size variation in the palm *Euterpe edulis* and the effects of seed predators on germination and seedling survival. **Acta Oecologica**, [s.l.], v.29, n.3, p.311–315, 2006.

STEIGLEDER, J. P. Departamento de Florestas e Áreas Protegidas (Org.) **Plano De Manejo Do Parque Estadual De Itapeva**, Porto Alegre: Governo do Estado do Rio Grande do Sul, 2006, 274 p.

QGIS Development Team. QGIS Geographic Information System, Open Source Geospatial Foundation Project, 2019. <http://qgis.osgeo.org>

R version 3.4.2. The R Foundation for Statistical Computing Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit), 2017.

RAMOS, R. F. **Estrutura genética em escala geográfica reduzida em *Euterpe edulis* Mart, (Arecaceae), uma palmeira da Mata Atlântica**. 61 f., Dissertação (Mestrado em Ecologia) - Instituto de Biologia, Unicamp, Campinas. 2013.

REIS, M.S. DOS; GUIMARÃES, E.; OLIVEIRA, G.P. Estudos preliminares da biologia reprodutiva do palmito (*Euterpe edulis*) em mata residual do Estado de São Paulo. In. Congresso Florestal Brasileiro, 7, Curitiba, 1993, Anais, Curitiba, EMBRAPA, p. 358-360,1993.

REIS, A. **Distribuição e dinâmica da variabilidade genética em populações**

naturais de palmito (Euterpe edulis Martius). Piracicaba, 1996. 210f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

REIS, M. S. et al. Variação genética em populações naturais de palmito (*Euterpe edulis* Martius – Arecaceae) na Floresta Ombrófila Densa. **Sellowia**, v. 49-52, p. 131-149, 2000b.

REZENDE, C.I. et al. From hotspot to hopespot: An opportunity for the Brazilian Atlantic Forest. **Perspectives In Ecology And Conservation**, [s.l.], v. 16, n. 4, p.208-214, out. 2018. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.pecon.2018.10.002>.

RIO DE JANEIRO. Instituto Brasileiro de Geografia E Estatística - IBGE, (Org.). **Manual Técnico da Vegetação Brasileira**. 2.ed., Rio de Janeiro, 2012, 271 p.

RODRIGUES, A. et al. Frugivoria e Dispersão de Sementes de *Euterpe edulis* Mart . (Arecacea) por Mamíferos e Aves Silvestres na Mata Atlântica do Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zoociências**, v. 18, n. 3, p. 138–158, 2017.

SANTOS, A. S. et al. Landscape-scale deforestation decreases gene flow distance of a keystone tropical palm, *Euterpe edulis* Mart (Arecaceae). **Ecology And Evolution**, [s.l.], v. 6, n. 18, p. 6586-6598, 24 ago, 2016. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1002/ece3.2341>.

SANTOS, A. S. et al. Lessons from a palm: genetic diversity and structure in anthropogenic landscapes from Atlantic Forest, Brazil. **Conservation Genetics**. [s.l.], v. 16, n. 6, p.1295-1302, 14 jun, 2015. Springer Nature. <http://dx.doi.org/10.1007/s10592-015-0740-2>

SILVA, J. Z. **Efeito de diferentes intensidades de manejo simuladas sobre a diversidade genética de uma população natural de palmito (Euterpe edulis Martius)**. 2004. 90f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2004.

SCHULZ, M. et al. *Juçara fruit (Euterpe edulis Mart.): Sustainable exploitation of a source of bioactive compounds*. **Food Research International**, v. 89, p. 14–26, 2016.

SCUDELLER, V. V.; MARTINS, F. R., SHEPHERD, G. J. Distribution and abundance of arboreal species in the atlantic ombrophilous dense forest in Southeastern Brazil. **Plant Ecology**. Netherlands, n, 152, p. 185 – 199, 2001.

SEOANE, C. E. S. et al. Efeitos da Fragmentação Florestal Sobre a Imigração de Sementes e a Estrutura Genética Temporal de Populações de *Euterpe edulis* Mart. **Revista Instituto Florestal**. São Paulo, v. 17, n. 1, p.25-43, jun, 2005.

SPAROVEK, G, et al. A revisão do código florestal brasileiro. **Novos Estudos-CEBRAP**, [s.l.], v. 89, p.111-135, 2011.

TABARELLI, M. et al. Desafios e oportunidades para a conservação da biodiversidade na Mata Atlântica brasileira. **Megadiversidade**, v. 1, n. Julho, p. 132–138, 2005.

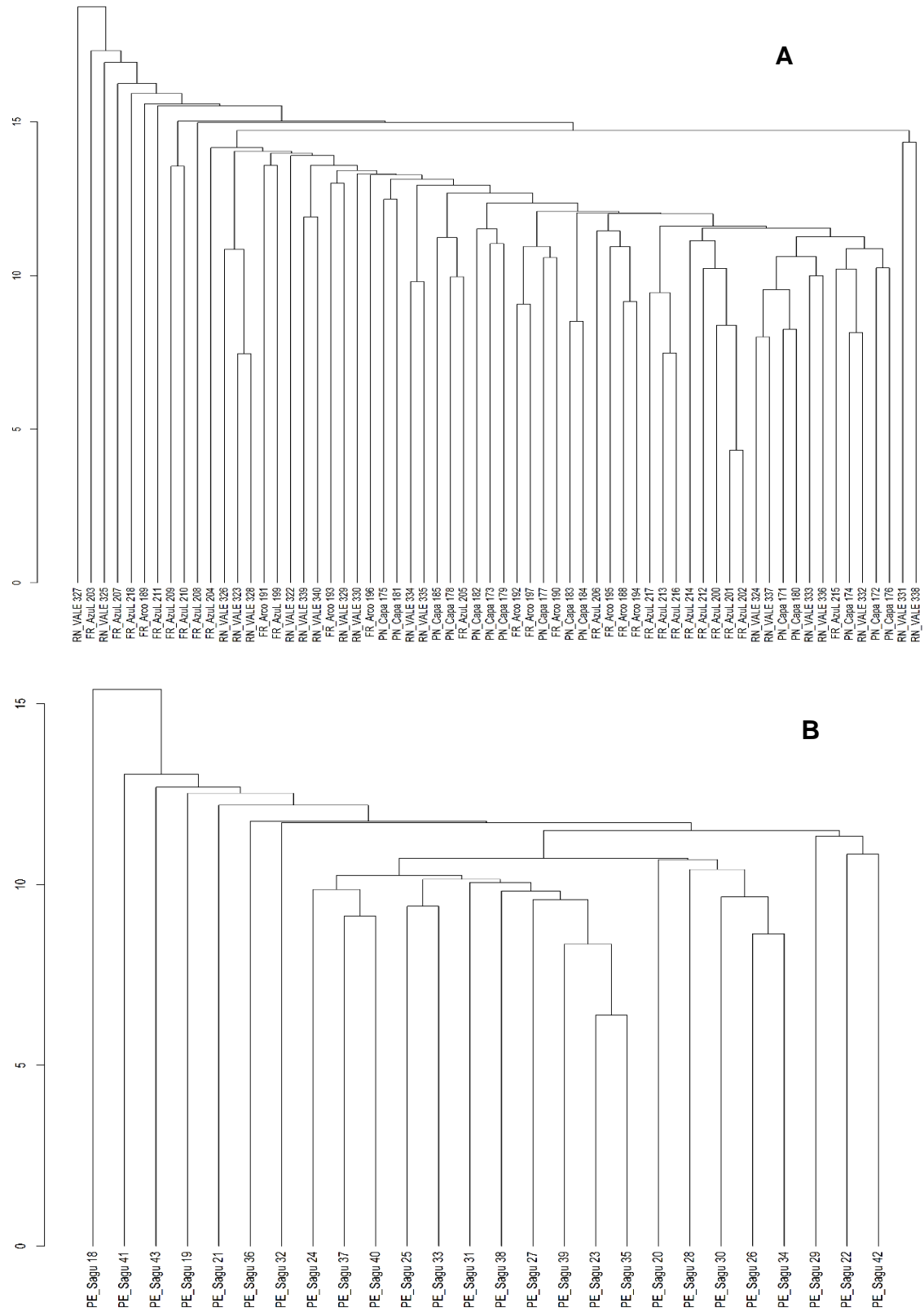
TAUB, S. **Etnobotânica e Histórico Cuidados Ecologia e Reprodução**. n. Setembro, p. 1–4, 2013.

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

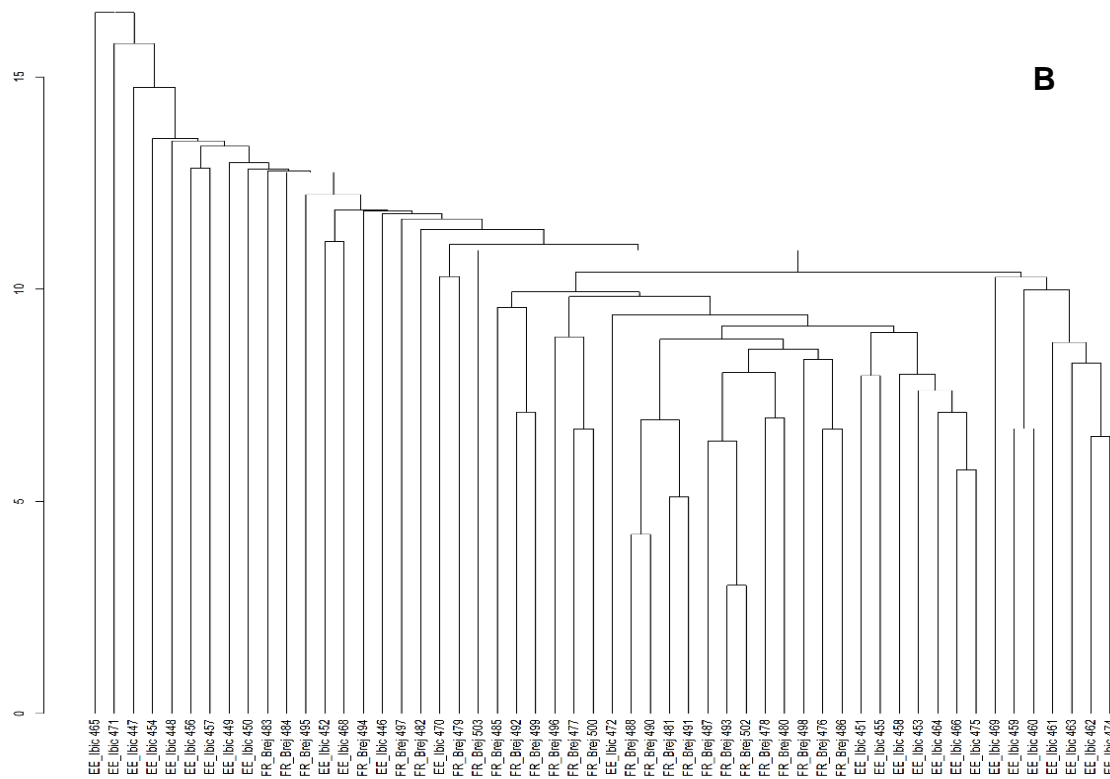
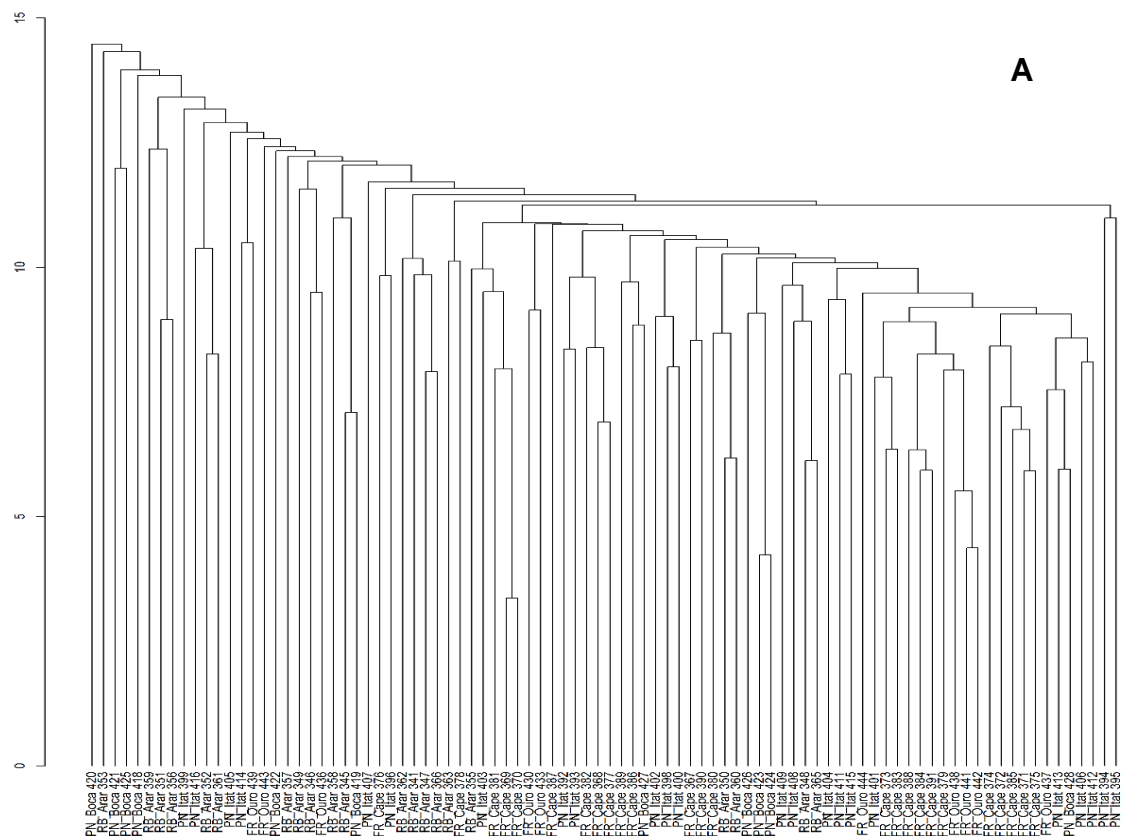
VIEIRA, F. A.; CARVALHO, D.; HIGUCHI, P.; MACHADO, E. L. M.; SANTOS, R. M. Spatial pattern and fine-scale structure indicating recent colonization of the palm *Euterpe edulis* in a Brazilian Atlantic Forest fragment. **Biochemical Genetics**, v. 48, N. 1-2, p. 96-103, 2010.

ZURBUCHEN, A. et al. Maximum foraging ranges in solitary bees: only few individuals have the capability to cover long foraging distances. **Biological Conservation**, n. 143, p.669 – 679, 2010.

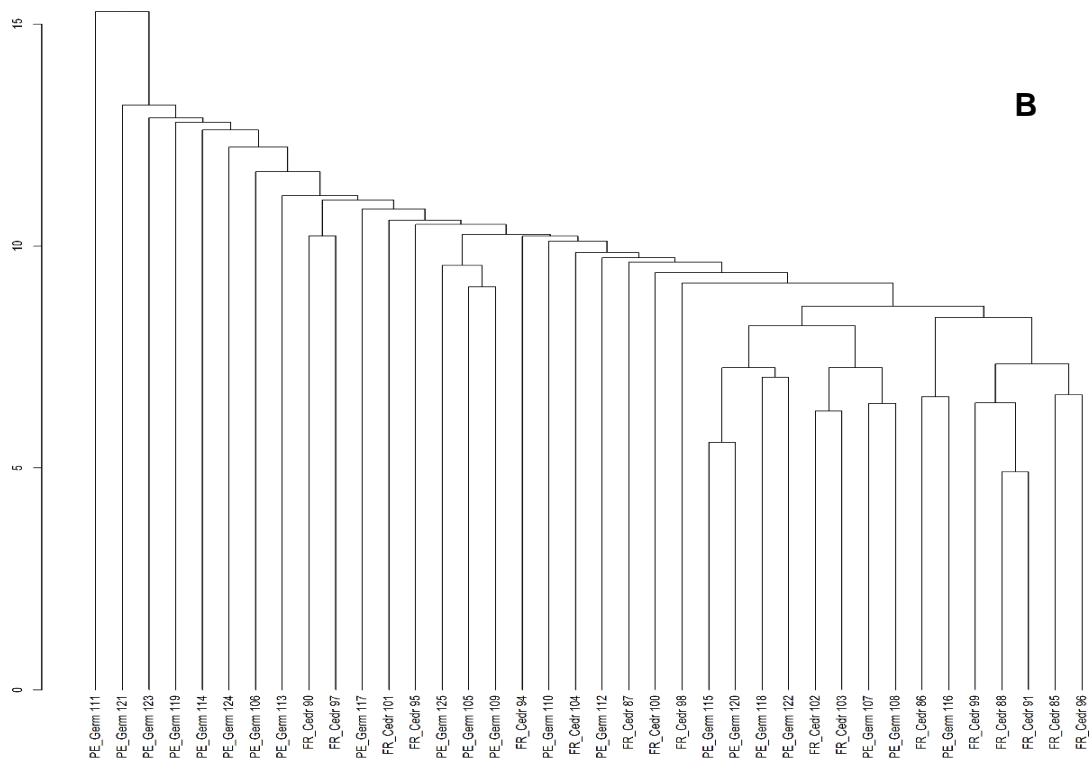
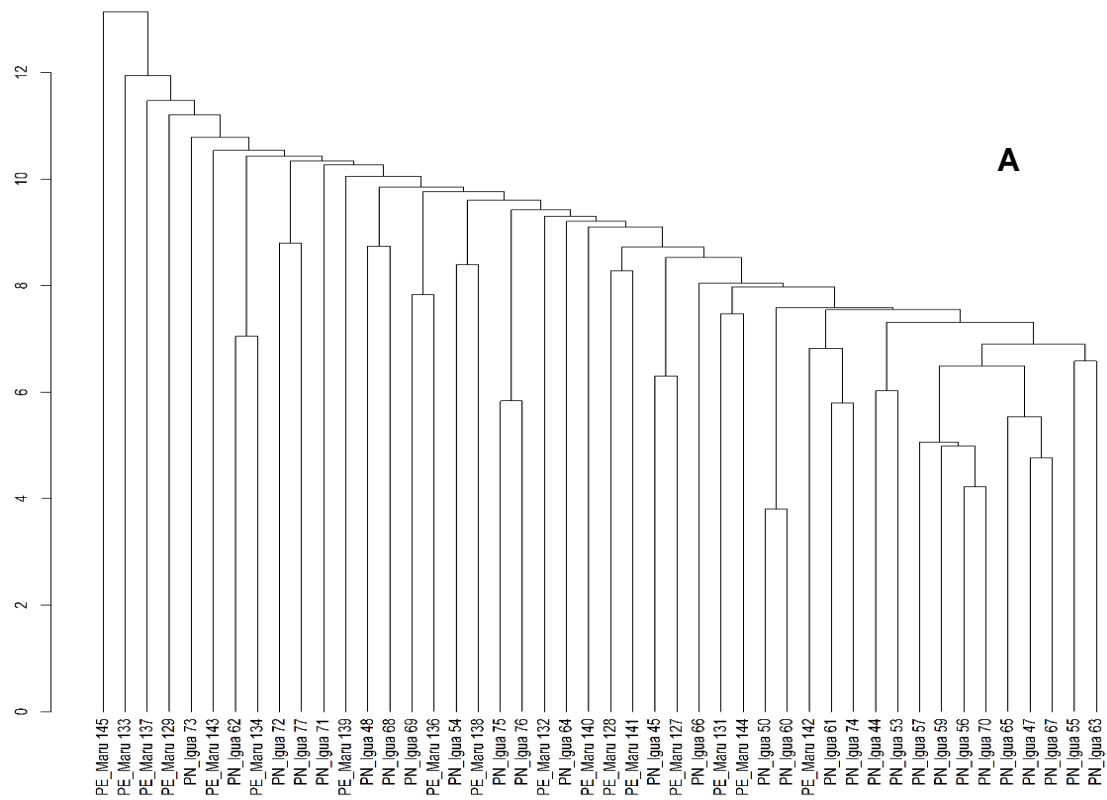
9 APÊNDICE



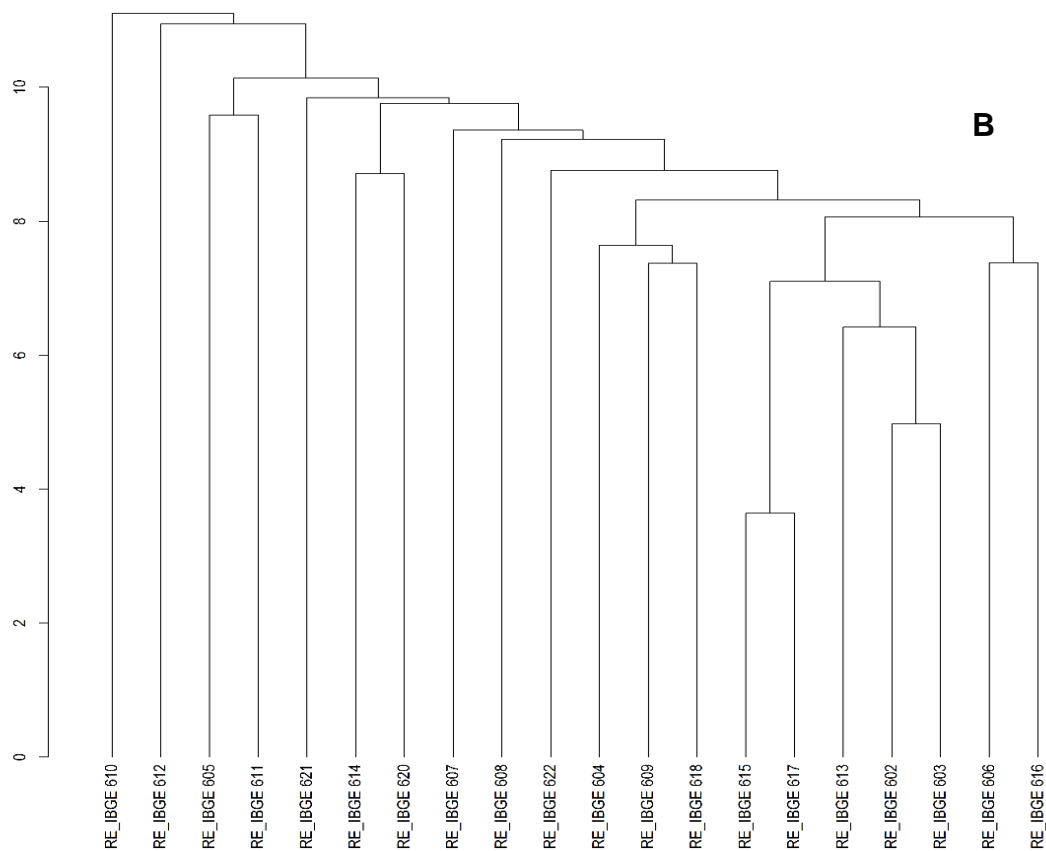
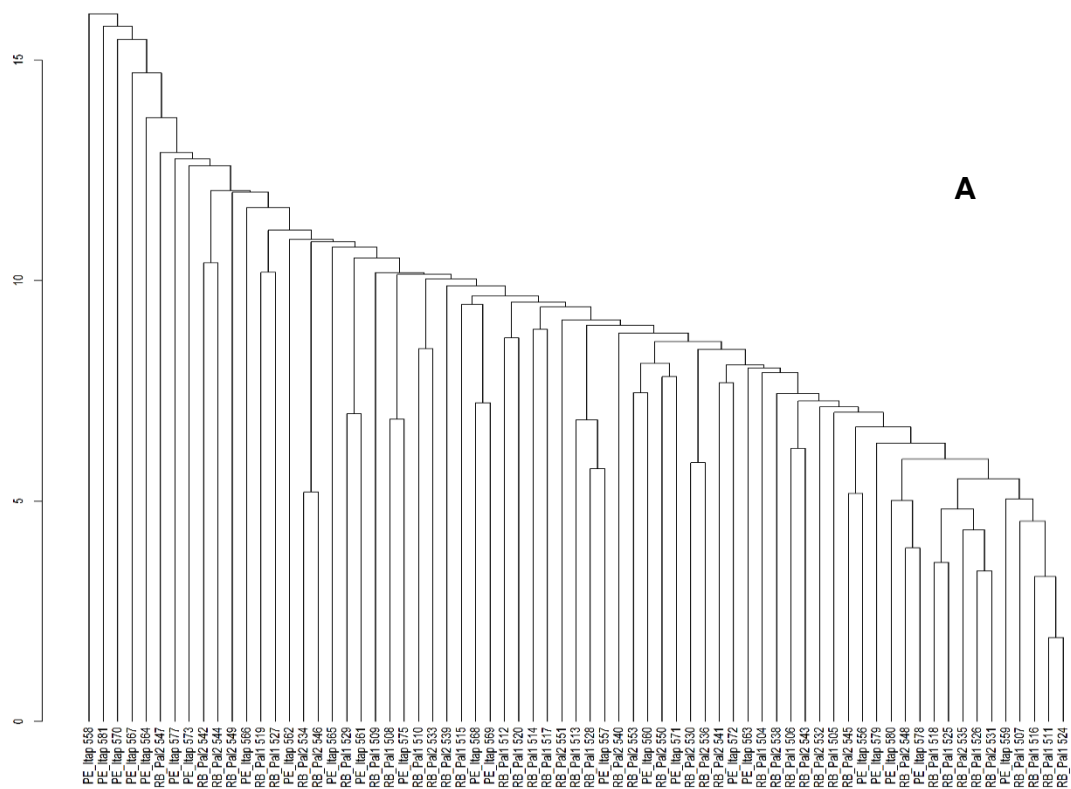
Apêndice 1 – Dendrogramas dos indivíduos de *Euterpe edulis* amostrados para (A) Espírito Santo e (B) Minas Gerais.



Apêndice 2 – Dendogramas dos indivíduos de *Euterpe edulis* amostrados para (A) Rio de Janeiro e (B) São Paulo.



Apêndice 3 – Dendogramas dos indivíduos de *Euterpe edulis* amostrados para (A) Paraná e (B) Santa Catarina.



Apêndice 4 – Dendogramas dos indivíduos de *Euterpe edulis* amostrados para (A) Rio Grande do Sul e (B) Distrito Federal.

Apêndice 5 – Compilação de estudos genéticos de populações de *Euterpe edulis*, baseados em marcadores moleculares Isoenzimáticos e AFLP

Marcador Genético	Estado de conservação as populações e amostragem	Número de Populações	A	P	H _o	H _e	F	F _{IS}	F _{ST}	G _{ST}	Nm	Ta	Referências
Isoenzimas	Natural, sem perturbação, mudas	7	3,90	100,0	0,403	0,436	0,076	-	0,026	0,025	11,1	0,92	Reis (1996)
	Natural, com histórico de perturbação, mudas e adultos	8	3,40	100,0	0,467	0,452	-0,033	-	0,031	0,013	10,4	-	Rei et al. (1996)
	Natural, sem perturbação, mudas	1	2,60	62,6	0,264	0,278	0,050	-	-	-	-	-	Conte et al. (2003)
	Natural, sem perturbação	2	3,05	-	0,368	0,398	0,075	-	-	0,018	-	1,00	Conte (2004)
	Perturbada	2	3,05	-	0,388	434	0,105	-	-	0,041	-	1,00	Conte (2004)
	Natural, sem perturbação	1	2,10	69,2	0,195	0,216	0,097	-	-	-	-	-	Silva (2004)
	Fragmentos pequenos, perturbados	7	2,20	67,8	0,239	0,242	0,012	-	0,040	-	6,0	0,98	Martins-Corder et al. (2009)
	Conservada, mudas	4	3,05	-	0,378	0,416	0,092	-	-	0,023	-	-	Conte (2008)
	Conservada, jovens	4	3,15	-	0,385	0,431	0,107	-	-	0,017	-	-	Conte (2008)
	Conservada, adultos	4	3,12	-	0,403	0,424	0,050	-	-	0,011	-	-	Conte (2008)
	Fragmento florestal pequeno	1	-	100,0	0,588	0,467	-0,265	-	-	-	-	-	Vieira et al. (2010)
Conservada, sem perturbação Floresta Ombrófila densa	1	-	-	0,190	0,217	0,122	-	0,083	0,082	-	0,786	Konzen et al. 2017	

Continuação do quadro Apêndice 5

Apêndice 5 – Compilação de estudos genéticos de populações de *Euterpe edulis*, baseados em marcadores moleculares Isoenzimáticos e AFLP, Continuação

Marcador Genético	Estado de conservação as populações e amostragem	Número de Populações	A	P	H _o	H _e	F	F _{IS}	F _{ST}	G _{ST}	Nm	Ta	Referências
Isoenzimas	Naturais, perturbada Floresta Sazonal	4	-	-	0,172	0,190	0,093	-	0,083	0,082	-	0,83	Konzen et al. 2017
	Natural, perturbada Plântulas	8	-	-	0,210	-	-0,034	-	0,065	-	-	-	Lauterjung et al. (2019)
	Natural, perturbada Adultos	8	-	-	0,241	-	0,114	-	0,052	-	-	-	Lauterjung et al. (2019)
AFLP	Diversas populações: perturbadas e não perturbadas	11	-	92,1	-	0,119	-	-	0,426	-	-	-	Cardoso et al. (2000)

Número médio de alelos por loco (A), porcentagem de locus polimórfico (P), heterozigosidade média observada (H_o), heterozigosidade média esperada (H_e), índice de fixação (F), endogamia dentro de populações (F_{IS}), endogamia entre populações (F_{ST}), G_{ST} é a proporção da diversidade genética entre as populações, Fluxo Gênico (Nm) e taxa de cruzamento aparente (ta). Quadro adaptado de KONZEN et al., (2017).

Apêndice 6 – Compilação de estudos genéticos de populações de *Euterpe edulis*, baseados em marcadores moleculares
 Microssatélites (SSR)

Marcador Genético	Estado de conservação as populações e amostragem	Número de Populações	A	P	H_o	H_e	F	F_{IS}	F_{ST}	G_{ST}	Nm	Ta	Referências
SSR	Natural, sem perturbação, mudas, jovens, adultos	2	10,80	100,0	0,690	0,749	0,081	-	0,060	-	3,4	0,86	Gaiotto et al. (2003)
	Floresta contínua, sem perturbação, mudas e adultos	1	10,70	100,0	0,609	0,786	0,257	-	-	-	-	0,91	Seoane et al. (2005a,b)
	Natural, perturbada, mudas e adultos	1	11,03	100,0	0,590	0,743	0,338	-	-	-	-	0,94	Seoane et al. (2005a,b)
	Natural, sem perturbação	2	14,06	100,0	0,690	0,770	0,104	-	-	0,025	-	1,00	Conte et al. (2006)
	Natural, perturbada	2	14,18	100,0	0,665	0,792	0,160	-	-	0,038	-	1,00	Conte et al. (2006)
	Natural conservada, mudas	4	14,12	-	0,678	0,781	0,133	-	-	0,024	-	-	Conte (2008)
	Natural conservada, adultos	4	14,72	-	0,99	0,781	0,105	-	-	0,028	-	-	Conte et al. (2008)
	Natural Conservada, adultos	6	12,88		0,821	0,835	0,017	-	-	-	-	-	Ramos (2013)

Apêndice 6 – Compilação de estudos genéticos de populações de *Euterpe edulis*, baseados em marcadores moleculares
 Microssatélites (SSR), Continuação

Marcador Genético	Estado de conservação as populações e amostragem	Número de Populações	A	P	H _o	H _e	F	F _{IS}	F _{ST}	G _{ST}	Nm	Ta	Referências
SSR	Remanescentes florestais (cinco paisagens com diferentes coberturas florestais)	16	6,2 – 9,2	-	0,524 – 0,702	0,716 – 0,864	-	-	-	-	-	-	Carvalho et al. (2015)
	Fragmentos natural, perturbada, plântulas	9	-	-	0,66	0,65	-0,04	-	-	-	-	-	Santos et al. (2015)
	Fragmentos natural, perturbada, adultos	9	-	-	0,58	0,64	0,08	-	-	-	-	-	Santos et al. (2015)
	Fragmentos naturais, perturbadas	16	0,55 - 0,66	-	0,55 - 0,66	0,75 - 0,79	-	0,101 - 0,295	0,116	0,524	-	-	Carvalho et al. (2015)
	Fragmentos naturais, perturbadas	4	6,16	-	0,13 - 0,49	0,60 - 0,85	0,14 - 0,69	-	0,061	0,06 9	-	-	Carvalho et al. (2018)
	Naturais manejadas e conservadas Jovens		7,04 – 8,47	-	-	0,766 - 0,832	-	0,102– 0,340	0,085	-	-	-	Novello et al. (2017)
	Naturais manejadas e conservadas adultos		6,18 - 7,57	-	-	0,756 - 0,809	-	0,102– 0,340	0,085	-	-	-	Novello et al. (2017)

Número médio de alelos por loco (A), porcentagem de locus polimórfico (P), heterozigosidade média observada (H_o), heterozigosidade média esperada (H_e), índice de fixação (F), endogamia dentro de populações (F_{IS}), endogamia entre populações (F_{ST}), G_{ST} é a proporção da diversidade genética entre as populações, Fluxo Gênico (Nm) e taxa de cruzamento aparente (ta).
 Quadro adaptado de KONZEN et al., (2017).