



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS

**ESTRUTURA GENÉTICA, FLUXO GÊNICO E
SISTEMA REPRODUTIVO EM *Anacardium
occidentale* L. NO CERRADO**

LECIANE KARITA DE OLIVEIRA

Orientador(a):
Prof.^(a) Mariana Pires de Campos Telles



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

☐ Dissertação ☒ Tese

2. Nome completo do autor

LECIANE KARITA DE OLIVEIRA

3. Título do trabalho

ESTRUTURA GENÉTICA, FLUXO GÊNICO E SISTEMA REPRODUTIVO EM *Anacardium occidentale* L. DO CERRADO

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento ☒ SIM ☐ NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Leciane Karita de Oliveira**,
Usuário Externo, em 24/08/2021, às 10:07, conforme horário oficial de



Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Mariana Pires De Campos Telles, Professor do Magistério Superior**, em 24/11/2021, às 14:02, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **2296684** e o código CRC **2E35C6AB**.

Referência: Processo nº 23070.044803/2021-81

SEI nº 2296684

LECIANE KARITA DE OLIVEIRA

**ESTRUTURA GENÉTICA, FLUXO GÊNICO E SISTEMA REPRODUTIVO EM
Anacardium occidentale L. DO CERRADO**

Tese apresentada ao Programa de Pós- Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, com área de concentração em conservação e melhoramento de espécies vegetais do Cerrado.

Orientadora:

Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles

Coorientadora:

Dr^a. Rosane Garcia Collevatti

Goiânia, GO – Brasil
2014

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do
Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Oliveira, Leciane Karita de
ESTRUTURA GENÉTICA, FLUXO GÊNICO E SISTEMA
REPRODUTIVO DE *Anacardium occidentale* L. DO CERRADO
[manuscrito] / Leciane Karita de Oliveira, Mariana Pires de Campos
Telles, Rosane Garcia Collevatti, Lazaro José Chaves. - 2014.
CCV, 205 f.: il.

Orientador: Profa. Dra. Mariana Pires de Campos Telles; co
orientadora Dra. Rosane Garcia Collevatti.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de
Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e
Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2014.

Bibliografia. Anexos. Apêndice.

Inclui mapas, fotografias, gráfico, tabelas, lista de figuras, lista de
tabelas.

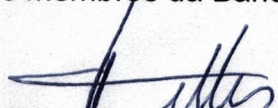
1. Dispersão. 2. Variabilidade genética. 3. Padrão espacial. 4.
Genética da Paisagem. 5. Fecundação cruzada. I. Telles, Mariana
Pires de Campos. II. Collevatti, Rosane Garcia. III. Chaves, Lazaro
José. IV. Telles, Mariana Pires de Campos, orient. V. Collevatti,
Rosane Garcia, co-orient. VI. Título.

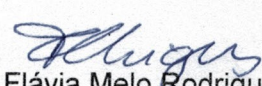
CDU 575

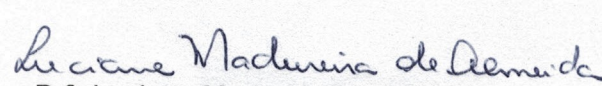


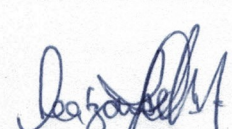
ATA DA DEFESA PÚBLICA DA TESE DE LECIANE KÁRITA DE OLIVEIRA. Aos vinte e dois dias do mês de Dezembro do ano de dois mil e catorze (22.12.2014), às 08h00min, no Auditório do Centro de Excelência em Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar, da Escola de Agronomia, reuniram-se os componentes da Banca Examinadora, Prof^a. Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles – Presidente/Orientadora; Dr^a. Flávia Melo Rodrigues; Dr^a. Luciane Madureira de Almeida; Prof. Dr. Lázaro José Chaves; Prof^a. Dr^a. Thannya Nascimento Soares. Sob a presidência da orientadora, e em sessão pública, procedeu-se à avaliação da defesa da tese intitulada: “**ESTRUTURA GENÉTICA, FLUXO GÊNICO E SISTEMA REPRODUTIVO EM *Anacardium occidentale* L. DO CERRADO**”, de autoria de **Leciane Kárita de Oliveira**, discente do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, no nível de Doutorado, da Universidade Federal de Goiás. A sessão foi aberta pela presidente da Banca Examinadora, Prof^a. Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles, que fez a apresentação formal dos membros da Banca. A palavra, a seguir, foi concedida ao autor da Tese que, em 40 minutos, apresentou o seu trabalho. Terminada a apresentação, cada membro da Banca arguiu o doutorando, tendo-se adotado o sistema de diálogo sequencial. Ao final, a banca reunida em separado procedeu à avaliação da defesa.

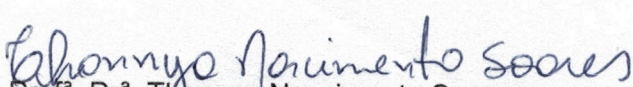
De acordo com a Resolução nº 1053/2011, do CEPEC - Conselho de Ensino, Pesquisa, Extensão e Cultura, que regulamenta o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, e desde que procedidas às correções recomendadas, a tese será considerada Aprovada pela Banca Examinadora, estando integralmente cumprido este requisito para fins de obtenção do título de DOUTOR EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, pela Universidade Federal de Goiás. O doutorando deverá efetuar as modificações eventualmente sugeridas pela Banca Examinadora e encaminhar a versão definitiva da tese à Secretaria do PGMP, no prazo máximo de trinta dias após a data da Defesa. A conclusão do Curso e a emissão do Diploma dar-se-ão após o cumprimento do Artigo 52 da Resolução CEPEC nº 1053/2011. A Banca Examinadora recomenda a publicação de artigo(s) científico(s), oriundo(s) dessa tese, em periódicos de circulação nacional e, ou, internacional, depois de procedidas as modificações sugeridas. Cumpridas as formalidades de pauta, às 13:42. A presidência da mesa encerrou esta sessão de defesa de Tese e, para constar eu, Jéssica Almeida, secretária PGMP, lavrei a presente Ata que depois de lida e aprovada, segue assinada pelos membros da Banca Examinadora, em duas vias de igual teor.


Prof^a. Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles
Presidente/Orientadora


Dr^a. Flávia Melo Rodrigues
Membro Externo


Dr^a. Luciane Madureira de Almeida
Membro Externo


Prof. Dr. Lázaro José Chaves
Membro Interno


Prof^a. Dr^a. Thannya Nascimento Soares
Membro Interno

À minha mãe, mulher forte e guerreira,
exemplo de força e ternura. Minha grande
incentivadora.

Dedico

AGRADECIMENTOS

No período do doutorado e do desenvolvimento deste trabalho inevitavelmente houve o envolvimento de várias pessoas. Algumas atuaram de forma direta e outras indiretamente, mas a contribuição de todos foi imprescindível para que eu conseguisse superar os desafios e concluir o trabalho. Sendo assim, prazerosamente tenho muitos agradecimentos a fazer.

Inicialmente agradeço às instituições financiadoras, que viabilizaram o desenvolvimento deste trabalho. Mais especificamente agradeço à FAPEG pelo auxílio financeiro, chamadas 005/2012 e 012/2012. Ao CNPQ pela concessão de verbas para o projeto 472717/2011-1. À Rede Cerrado CNPq/PPBio (project nº 457406/2012-7). Ao GENPAC - CNPq/MCT/CAPES (projetos nº 564717/2010-0, 563727/2010-1 563624/2010-8). E finalmente, à CAPES por conceder a bolsa de doutorado.

Agradeço também ao programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Planta por dar todo suporte necessário para minha formação e para o desenvolvimento do trabalho. Em especial agradeço à secretária Jéssica que esteve sempre disposta quando a solicitei, à professora Dr^a. Patrícia Melo, que por um longo período foi coordenadora do programa e sempre atendeu a nós alunos com muita excelência.

Agradeço também à professora Dr^a. Mariana Pires de Campos Telles, que hoje é coordenadora do programa e também minha orientadora. Sem dúvida deixo a ela meus maiores agradecimentos, sem seu apoio a conclusão do trabalho não seria possível. Ela exerceu sua função de orientadora sem deixar de lado a postura humana e amiga. Ajudou-me muito no crescimento profissional e como pessoa, acreditou em minha capacidade nos momentos em que eu mesma não acreditava.

À minha coorientadora Dr^a Rosane Garcia Collevatti, que é grande exemplo de profissional, agradeço pela disposição em participar das coletas de campo e por contribuir com a melhoria do trabalho, por meio de correções e discussões dos resultados.

Agradeço aos professores Dr. Lázaro José Chaves e Dr. Ronaldo Veloso Naves, que conduziram as coletas de campo e construíram a Coleção de germoplasma de caju da UFG, com a ajuda do estudante de mestrado Rodrigo Tavares Borges.

Aos colegas e amigos do laboratório de Genética e Biodiversidade (LGBio) agradeço carinhosamente por toda amizade e parceria. Em especial agradeço à Luana Cardoso por ajudar na coleta de dados da Coleção de Germoplasma. Ao Eduardo, Jacqueline Lima, Monik e Thiago por me ensinarem algumas análises dos dados. Aos

amigos Edivaldo e Carolina Boaventura, agradeço pela presença nos momentos mais difíceis e que mais precisei, depois de nossas longas conversas os problemas tornaram-se bem menores.

Por fim, agradeço à minha amada família, que me deu tudo que precisei para conseguir seguir adiante. Todos estiveram presentes nos meus momentos de aflição, de cansaço e não me deixaram desanimar. Principalmente minha mãe, que nunca mediu esforços para me ajudar.

Quero agradecer em forma de homenagem às minhas queridas avós, vovó Dina e vovó Dela, que infelizmente nos deixaram recentemente. Apesar da grande dor e saudade que sinto, elas deixaram uma imensa riqueza de conhecimentos e exemplos fazendo com que estejam presentes eternamente.

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	15
GENERAL ABSTRACT.....	17
1 INTRODUÇÃO	19
2 REVISÃO DE LITERATURA	21
2.1 SISTEMA REPRODUTIVO.....	21
2.2 FLUXO GÊNICO.....	23
2.3 ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA POPULACIONAL	26
2.3.1 Genética da paisagem.....	29
2.4 COLEÇÃO DE GERMOPLASMA	31
2.4.1 Banco de Germoplasma do Caju	32
2.5 MARCADORES MICROSSATÉLITES	34
2.6 <i>Anacardium occidentale</i>	36
2.6.1 Origem e Distribuição Geográfica	36
2.6.2 Morfologia floral, fenologia e dispersão	38
2.6.3 O genoma e variabilidade genética	40
2.6.4 Germinação e conservação da semente	41
2.6.5 Importância Econômica.....	42
2.6.6 Produção do caju	43
3 Capítulo 1: SISTEMA REPRODUTIVO, ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL E FLUXO GÊNICO CONTEMPORÂNEO EM <i>Anacardium occidentale</i> L.....	45
RESUMO	45
ABSTRACT	46
3.1 INTRODUÇÃO.....	46
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	48
3.2.1 Área de coleta e material amostrado	48
3.2.2 Obtenção dos dados genéticos.....	49
3.2.3 Caracterização da variabilidade genética	50
3.2.4 Avaliação do sistema reprodutivo	50
3.2.5 Atribuição de paternidade	51
3.2.6 Vizinhaça genética	52
3.2.7 Estimativa indireta de fluxo gênico contemporâneo	52
3.2.8 Diferenciação do conjunto de pólen recebido pelas matrizes	52
3.2.9 Vizinhaça genética	53
3.2.10 Estrutura genética espacial	53
3.3 RESULTADOS	54
3.3.1 Caracterização dos locos microssatélites	54
3.3.2 Variabilidade genética da população.....	55
3.3.3 Sistema reprodutivo.....	56
3.3.4 Atribuição de Paternidade para as sementes e distância de dispersão de pólen....	58
3.3.5 Distância de dispersão de pólen	62
3.3.6 Diferenciação genética entre <i>pool</i> de pólen recebido pelas matrizes.....	63
3.3.7 Área efetiva de polinização e tamanho efetivo de vizinhaça	63
3.3.8 Atribuição de Paternidade para juvenis e dispersão de semente	63

3.3.9	Estrutura genética espacial	65
3.4	DISCUSSÃO.....	67
3.4.1	Caracterização dos locos microssatélite	67
3.4.2	Sistema reprodutivo.....	68
3.4.3	Variabilidade genética.....	69
3.4.4	Fluxo gênico via pólen e semente	69
3.4.5	Estrutura genética espacial	71
3.5	CONCLUSÕES.....	71
4	CAPÍTULO 2: DIVERSIDADE E ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES ESPONTÂNEAS E NA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE <i>Anacardium occidentale</i> L. ECÓTIPO DO CERRADO	73
	RESUMO	73
	ABSTRACT	74
4.1	INTRODUÇÃO.....	74
4.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	77
4.2.1	Amostragem genética	77
4.2.2	Estrutura genética populacional	79
4.2.3	Padrão espacial da estrutura genética.....	80
4.2.4	Deteção de sinais de gargalo genético	81
4.3	RESULTADOS	81
4.3.1	Variabilidade genética para populações espontâneas.....	81
4.3.2	Distribuição geográfica de parâmetros genéticos atribuídos para as populações espontâneas.....	82
4.3.3	Estrutura genética para as populações espontâneas	84
4.3.4	Autocorrelação espacial para populações espontâneas	87
4.3.5	Teste de gargalo genético para as populações espontâneas	88
4.3.6	Variabilidade e estruturação genética de progênies da Coleção de germoplasma	89
4.4	DISCUSSÃO.....	92
4.4.1	Variabilidade genética das populações espontâneas	92
4.4.2	Estruturação genética das populações espontâneas.....	94
4.4.3	Padrão espacial da diferenciação genética	96
4.4.4	Variabilidade e estrutura genética de progênies da Coleção de germoplasma.....	97
4.5	CONCLUSÕES.....	98
5	CAPÍTULO 3: EFEITOS DO PADRÃO DA PAISAGEM SOBRE A VARIABILIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE <i>Anacardium occidentale</i> L. ECÓTIPO DO CERRADO	99
	RESUMO	99
	ABSTRACT	100
5.1	INTRODUÇÃO.....	100
5.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	102
5.2.1	Áreas amostradas.....	102
5.2.2	Obtenção de dados e parâmetros genéticos	104
5.2.3	Obtenção das métricas de paisagem.....	105
5.2.4	Análises estatísticas	106
5.3	RESULTADOS	107
5.3.1	Caracterização da paisagem e genética	107
5.3.2	Características da paisagem e variação genética.....	108

5.3.3	Diferenciação genética e efeitos da paisagem	111
5.4	DISCUSSÃO.....	116
5.5	CONCLUSÕES.....	119
6	CONCLUSÕES GERAIS	121
7	REFÊNCIAS	122
	APÊNDICES	145

LISTA DE FIGURAS

- Figura 2.1** Exemplares da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, demonstrando ocorrência em solo concrecionário (A) e na fitofisionomia cerrado sentido restrito (B). Fotos: Leciane Oliveira 38
- Figura 2.2** Tipo de floração da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, evidenciando as diferentes cores de flores em uma panícula. Fotos: Leciane Oliveira..... 39
- Figura 2.3** Fruto e pseudofruto da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado em desenvolvimento. Fotos: Leciane Oliveira..... 40
- Figura 3.1** Distribuição geográfica de 142 árvores adultas e juvenis da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, em área amostrada no município de Cocalzinho de Goiás – Goiás 49
- Figura 3.2** Distribuição de frequência das distâncias de dispersão de pólen em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado 59
- Figura 3.3** Números de paternidades atribuídas aos indivíduos adultos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, no município de Cocalzinho – Goiás 60
- Figura 3.4** Distância de dispersão de pólen em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, destacando a árvore que teve maior contribuição na doação de pólen (A 60) e, no círculo, as árvores matriz que tiveram maior percentual de autofecundações (M10 e M 11). As linhas indicam a distância entre A 60 e a árvore mais distante que recebeu seu pólen (M9), com 133 metros, e a árvore M17 que recebeu a maior quantidade de pólen fecundados 61
- Figura 3.5** Árvores que contribuíram para o *pool* de pólen recebido por uma árvore matriz (M09) em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, evidenciando a distância que ocorreu o fluxo de pólen. As linhas demonstram a distância geográfica entre os doadores e a matriz..... 62
- Figura 3.6** Distância de dispersão de pólen em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado 63
- Figura 3.7** Atribuição dos parentais para três indivíduos juvenis de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, evidenciando a distância de dispersão das sementes, com base na localização dos parentais. As linhas indicam a distância dos juvenis de seus prováveis pais..... 64
- Figura 3.8** Relação entre parentesco (F_{ij}) e distância geográfica para 56 indivíduos juvenis de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, ao longo de 10 classes de distância (metros). As barras verticais indicam o erro padrão..... 66
- Figura 3.9** Relação entre parentesco (F_{ij}) e distância geográfica para 81 indivíduos adultos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, ao longo de doze classes de distância (metros). As barras verticais indicam o erro padrão 66
- Figura 3.10** Relação entre parentesco (F_{ij}) e distância geográfica, ao longo de 10 classes de distância (metros), para 137 indivíduos adultos e juvenis de uma

população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. As barras verticais indicam o erro padrão..... 67

Figura 4.1 Pontos de coleta da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado para análise de diversidade e estruturação genética. Sendo as populações espontâneas: 1P- MAT; 2P- FAI; 3P- CAL; 4P- BSA; 5P- JAR; 6P- GOI; 7P- LBU; 8P- SIL₃; 9P- SIL₁; 10P- SIL₂; 11P- COA; 12P- VPR; 13P- MIM; 14P- NIQ; 15P- AHO; 16P- MUT; 17P- ITP; 18P- SRO; 19P- ALV; 20P- BAR. Coleção de Germoplasma: 1- JAR; 2- MAT₁; 3- MAT; 4- FAI; 5- CAX; 6- CAL; 7- GIN; 8- VNP; 9- SIL_Q; 10- SIL_C; 11- ORZ; 12- GOI; 13- VPR; 14- COA; 15- PBE; 16- ITP; 17- PIL; 18- STZ; 19- AHO; 20- MAR; 21- MUT; 22- SRO; 23- BAR; 24- ARU; 25- BSA..... 78

Figura 4.2 Padrão de distribuição geográfica dos parâmetros genéticos, H_e , A_r e f , estimados em vinte populações espontâneas de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. A- Mapa com delimitação da distribuição do ecótipo do Cerrado (em laranja) e seu ponto central em azul; B- coeficiente de endogamia; C- riqueza alélica e D- diversidade genética de Nei 84

Figura 4.3 Atribuição de grupos genéticos para indivíduos de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, com base na estatística Bayesiana. Cada linha vertical indica um indivíduo e as cores são os coeficientes de coancestria para cada grupo. A) Distribuição dos indivíduos em três grupos, B) Distribuição dos indivíduos em cinco grupos 86

Figura 4.4 Correlograma de Mantel multivariado construído com base nas distâncias genéticas (F_{ST}) entre pares de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, ao longo de sete classes de distâncias geográficas. A unidade de distância é o logaritmo da distância em Km. A faixa vermelha indica o intervalo de confiança (95 %) e pontos vermelhos indicam as correlações de Pearson (r) para cada classe de distância 87

Figura 4.5 Autocorrelação espacial das frequências alélicas de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado para seis classes de distâncias (em Km). As barras verticais indicam o erro padrão 88

Figura 4.6 Distância genética entre progênies de 25 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado que compõem a coleção de Germoplasma da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás 92

Figura 5.1 Área do Cerrado no estado de Goiás com localização de 17 populações da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, amostradas para estudos genéticos populacionais..... 103

Figura 5.2 Relação entre coeficiente de endogamia (f) com tipo de matriz predominante em torno de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, utilizando GLM entre tipo de matriz e F_{IS} . As linhas grossas dentro das caixas representam as medianas, os *Whiskers* representam os valores máximos e mínimos 109

Figura 5.3 Relação entre riqueza alélica (A_r) com o tipo de matriz predominante e percentual de remanescente de vegetação natural em torno de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. A- Teste utilizando GLM entre %

remanescente e *Ar*; B- teste utilizando GAM entre % remanescente e *Ar*; C- Teste utilizando GLM entre tipo de matriz e *Ar*, as linhas grossas dentro das caixas representam as medianas, os *Whiskers* representam os valores máximos e mínimos observados; D- teste utilizando MLe entre % remanescente e *Ar* 110

Figura 5.4 *Whisker plot* do teste de correlação entre riqueza alélica e tipo de matriz predominante em torno de 15 populações de *Anarcadium occidentale*, utilizando o modelo GLM. As linhas grossas dentro das caixas representam as medianas, os *Whiskers* representam os valores máximos e mínimos observados 111

Figura 5.5 Atribuição de grupos genéticos, pelo método Bayesiano, para indivíduos de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. A) Grupos para K = 4; B) Grupos para K = 6. Os grupos estão diferenciados pelas cores, cada linha vertical indica um indivíduo e a atribuição nos grupos 112

Figura 5.6 Triangulação pela rede Delaunay para dezessete populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado 113

Figura 5.7 Descontinuidade genética, pela rede Delaunay, entre oito pares de populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. As linhas pretas indicam presença de descontinuidade entre as populações 114

Figura 5.8 Autocorrelação espacial das frequências alélicas de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado para cinco classes de distâncias (em Km). As barras verticais indicam o erro padrão 115

LISTA DE TABELAS

Tabela 3.1	Caracterização de oito locos microssatélite utilizados em análise genética dos indivíduos de uma população de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado	55
Tabela 3.2	Variabilidade genética para indivíduos de uma população de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado em três fases de vida	56
Tabela 3.3	Padrão do sistema reprodutivo e endogamia em uma população de <i>A. occidentale</i> no Cerrado brasileiro	57
Tabela 3.4	Caracterização do sistema reprodutivo para vinte famílias de uma população de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado	58
Tabela 3.5	Número efetivo de doadores de pólen (N_p) para vinte árvores matriz de uma população de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado e número de autofecundações	60
Tabela 3.6	Distância de dispersão de semente em uma população de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado	64
Tabela 3.7	Estruturação genética espacial de indivíduos adultos e juvenis em uma população de <i>A. occidentale</i> ecótipo do cerrado	65
Tabela 4.1	Caracterização genética de vinte populações espontâneas de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado, para doze locos microssatélites	83
Tabela 4.2	Correlações lineares, com r de Pearson, entre parâmetros genéticos (H_e , A_r e f) de vinte populações de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado com a Latitude, a Longitude e a distância do centro de distribuição do ecótipo	83
Tabela 4.3	Teste de Wilcoxon para detecção de gargalo genético em cinco grupos, formados com base na análise bayesiana a partir de vinte populações espontâneas de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado. O teste foi feito com três modelos mutacionais: modelo de infinitos alelos (I.A.M.), modelo de mutação <i>stepwise</i> (S.M.M.), modelo mutacional <i>two-phase</i> (T.P.M.) com proporção de 70% para S.M.M.	89
Tabela 4.4	Teste de Wilcoxon para detecção de gargalo genético em vinte populações espontâneas de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado, utilizando teste de Wilcoxon sob três modelos mutacionais: modelo de infinitos alelos (I.A.M.), modelo de mutação <i>stepwise</i> (S.M.M.), modelo mutacional <i>two-phase</i> (T.P.M.) com proporção de 70% para S.M.M.	89
Tabela 4.5	Caracterização da variabilidade genética de progênies que compõem a Coleção de germoplasma de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás, utilizando doze locos microssatélites	90
Tabela 4.6	Estruturação da variabilidade genética dentro e entre progênies que compõem a coleção de germoplasma de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás	91
Tabela 5.1	Localização geográfica de dezessete populações de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado, com códigos, tamanho amostral, latitude, longitude e altitude	103

Tabela 5.2 Parâmetros genéticos estimados para dezessete populações de <i>A. occidentale</i> ecótipo do Cerrado, usando doze locos microssatélites e características da paisagem de <i>buffers</i> de 2 e 5 km.....	108
Tabela 5.3 Seleção de modelo para riqueza alélica (A_r) em 15 populações de <i>Anarcadium occidentale</i> , utilizando critério de Akaike	111
Tabela 5.4 Correlação entre F_{ST} par a par e características da paisagem, utilizando teste de Mantel parcial	115

RESUMO GERAL

Oliveira, L. K. **Estrutura genética, fluxo gênico e sistema reprodutivo em *Anacardium occidentale* L. do Cerrado**. 2014. 205 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.¹

Devido à constante degradação, as populações do Cerrado podem estar perdendo variabilidade genética, com isso, a permanência delas em seu habitat natural pode ser comprometida. Visando gerar informações úteis para a implantação de programas de conservação *in situ* e *ex situ* para *Anacardium occidentale* L. ecótipo do Cerrado (cajuzinho-do-campo), este trabalho teve como objetivo: avaliar, com base em marcadores microssatélites, o sistema reprodutivo, padrão espacial do fluxo gênico intrapopulacional, estrutura genética de populações espontâneas e da coleção de germoplasma da Universidade Federal de Goiás e a influência da paisagem na estrutura genética das populações. Devido à diferença na escala e tipo de análise, o trabalho foi dividido em três capítulos. No primeiro, com o título "Sistema reprodutivo, estrutura genética espacial e fluxo gênico contemporâneo em *Anacardium occidentale* L.", foram feitas análises buscando responder perguntas relacionadas ao sistema reprodutivo e processos evolutivos que ocorrem dentro de uma população da espécie, para isso, foram amostrados indivíduos de três fases de vida. Como resultado, foi observado que a espécie possui sistema reprodutivo predominantemente alógamo, em que a diferença da taxa de cruzamento multiloco e uniloco foi positiva e significativa, indicando que 16,4% de fecundação cruzada entre indivíduos aparentados. Apenas 0,05 % das sementes foram provenientes de autofecundações. Foi atribuída a paternidade de 45 % das sementes, em todas as matrizes foi observada paternidade múltipla, com número efetivo de doadores de pólen de 6,7 por matriz. O *pool* de pólen recebido pelas matrizes teve diferença significativa ($\phi_{FT} = 0,124$). A dispersão do pólen ocorreu em maior proporção a curtas distâncias (41 m), mas podendo chegar a distâncias maiores que 130 m. A área efetiva de polinização foi de 9410 m² e o tamanho efetivo de vizinhança foi de 18 indivíduos. Provavelmente a dispersão de sementes ocorre em distâncias maiores que a área amostrada, o que limitou as atribuições de pais dos indivíduos juvenis. Foi encontrada alta diversidade genética dentro da população, com redução dos indivíduos adultos para as sementes e com aumento da endogamia. Os indivíduos adultos apresentaram grande vizinhança genética (262 indivíduos), decorrente da fraca estruturação genética espacial. No segundo capítulo, intitulado "Diversidade e estruturação genética em populações espontâneas e na coleção de germoplasma de *Anacardium occidentale* L. ecótipo do Cerrado", foram analisadas populações distribuídas no Cerrado e a coleção de germoplasma, em que buscou-se avaliar a variabilidade genética e sua estruturação genética no espaço e avaliar a representatividade da coleção quanto à variabilidade existente. Como resultado, foi observado que as populações possuem alta variabilidade genética e endogamia significativa. A distribuição geográfica da diversidade genética e riqueza alélica apresentou padrão central – periférico. A diferenciação genética entre as populações foi fraca, porém significativa ($R_{ST} = 0,095$). A diferenciação das populações ocorreu em decorrência do

¹ Orientadora: Prof^a Dr^a Mariana Pires de Campos Telles. ICB-UFG
Coorientadora: Prof^a Dr^a Rosane Garcia Collevatti. ICB-UFG

isolamento por distância. As populações com distância de até 140 m foram mais semelhantes que o esperado ao acaso. Não houve sinais significativos de gargalo genético. Os indivíduos da coleção de germoplasma apresentaram alta similaridade genética, a diferenciação genética foi maior entre as progênies do que entre as populações ($\theta_S = 184$ e $\theta_P = 0,014$, respectivamente). A variabilidade da coleção é representativa quanto à variabilidades existente nas populações espontâneas. Por fim, no terceiro capítulo com o título, "Efeitos do padrão da paisagem local a variabilidade e estrutura genética em populações de *Anacardium occidentale* L. ecótipo do Cerrado", foi analisada a estrutura genética na escala da paisagem para populações do estado de Goiás. Foi observado que o principal tipo de matriz em torno das populações são remanescente de vegetação natural ou pastagem. Houve relação entre a variação da riqueza alélica e percentual de remanescente de vegetação natural e tipo de matriz predominante em torno das populações, em que os menores valores foram encontrados quando o tipo de matriz predominante é a pastagem. A endogamia apresentou relação com a paisagem quando caracterizada para a escala de 2 km, em que foi observada maior endogamia quando o tipo de matriz predominante é a pastagem. As populações localizadas em áreas com maiores transformações antrópicas na paisagem tiveram descontinuidade genética. Estes resultados indicam que a fragmentação e mudança no uso do solo estão influenciando na variabilidade genética e fluxo gênico das populações.

Palavras chave: dispersão, fecundação cruzada, variabilidade genética, padrão espacial, paisagem.

GENERAL ABSTRACT

Oliveira, L. K. **Genetic structure, gene flow and mating system in *Anacardium occidentale* L. from Cerrado**. 2014. 205 f. Thesis (Doctorate in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.¹

Because constant degradation of the Cerrado the persistence of long-term populations in their natural habitat may be compromised, as a result of loss of genetic variability. To generate useful information for the implementation of conservation programs *in situ* and *ex situ* to *Anacardium occidentale* L. ecotype from Cerrado, species popularly known as cajuzinho-do-campo. This work had the objective: evaluate, based on microsatellite markers, the mating system, spatial pattern of gene flow intra-population, genetic structure of spontaneous populations and the germplasm collection of the Federal University of Goiás and the landscape influence the genetic structure of populations. For the difference in scale and type of analysis of populations, the work was separated into three chapters. In the first, titled "Mating system, space genetic structure and contemporary gene flow in *Anacardium occidentale* L.", analyzes were made to answer questions related to the reproductive system and evolutionary processes that occur within a population of the species, individuals were sampled three stages of life. As a result it was observed that the species has mating system predominantly outcrossing, the difference between multilocus and single locus outcrossing rate was positive and significant, indicating 16.4% of outcrossing between related individuals. Only 0.05% of the seeds were from selfing. Was assigned paternity to 45% of the seeds. In all matrices multiple paternity was observed with 6.7 effective number of pollen donors in each matrix. The pollen pool received by matrix had significant difference ($\phi_{FT} = 0.124$). The pollen dispersal occurred in greater proportion to short distances (41 m), but may reach distances greater than 130 m. The effective area of pollination was 9410 m² and the effective size of the neighborhood of 18 individuals. The seed dispersal probably occurs at distances greater than the sampled area, which limited the powers of parents of juvenile individuals. Found high genetic diversity within the population with reduction the values of adults for seeds and increased inbreeding. The adults showed high genetic neighborhood (262 individuals), resulting from weak spatial genetic structure. In the second chapter, titled "Diversity and genetic structure of spontaneous populations and germplasm collection of *Anacardium occidentale* L. ecotype from Cerrado", populations were analyzed distributed in the Cerrado to assess the genetic variability and its structure between populations, was also analyzed the germplasm collection as the variability and its representation compared to the population. Was observed that the populations have high genetic variability and significant inbreeding. The geographical distribution of genetic diversity and allelic richness showed pattern central - peripheral. Genetic differentiation was weak and significant ($R_{ST} = 0.095$), with a pattern

¹ Adviser: Prof^a Dr^a Mariana Pires de Campos Telles. ICB-UFG
Coadviser: Prof^a Dr^a Rosane Garcia Collevatti. ICB-UFG

of isolation by distance. Populations with distance of up to 140 m are more similar than expected by chance. There were no significant signs of genetic bottleneck. Individuals in the germplasm collection showed high genetic similarity, genetic differentiation was higher among offspring than between populations ($\theta_S = 184$ and $\theta_P = 0.014$, respectively). The variability of the collection is representative as the existing variability in spontaneous populations. Finally, in the third chapter titled "Effects pattern of landscape on the variability and genetic structure of populations *Anacardium occidentale* L. ecotype from Cerrado", we analyzed the genetic structure at the landscape scale to Goiás state populations. Was observed that the main type of matrix around the populations are remaining natural vegetation and pasture, with great variation in the remaining percentage. There was a relationship between the change in allelic richness and remaining percentage of natural vegetation and predominant matrix around the populations in the lowest values were found when the predominant type of matrix is the pasture. Inbreeding was related to landscape when characterized for 2 km scale, where there was a higher inbreeding when the predominant type of matrix is the pasture. Due to anthropogenic changes in the landscape there was genetic discontinuity between eight pairs of populations. These results indicate that the fragmentation and change in land use are influencing the genetic variability and gene flow of populations.

Key words: dispersion, outcrossing, genetic variability, spatial pattern, landscape

1 INTRODUÇÃO

Os habitats estão passando por constantes alterações, em decorrência principalmente de fatores climáticos e ações antropogênicas. A perda de habitat e a fragmentação podem causar redução da diversidade genética e gerar maior diferenciação entre as populações (Lowe et al., 2005; Aguilar et al., 2008). Isto ocorre pelo fato de existir forte interação entre as características da paisagem e os processos microevolutivos responsáveis pela manutenção da variabilidade (Manel et al., 2003; Mcrae & Beier, 2007). Manter a variabilidade genética é de fundamental importância, pois ela é a base para a evolução e adaptação das espécies aos variados tipos de habitats e às alterações climáticas, além de ser a base para programas de melhoramento genético.

O Cerrado é bastante rico quanto à sua flora, sendo considerado um dos 25 *hotspots* da biodiversidade (Myers et al., 2000). No entanto, as espécies podem estar em risco de extinção devido à degradação do bioma. Diante disso, torna-se urgente concentrar esforços para a conservação *in situ* e *ex situ* destas espécies. Avaliar a estruturação genética das populações podem gerar informações úteis para a implantação de programas de conservação. Com o desenvolvimento da genética da paisagem, é possível avaliar como as alterações na paisagem, influenciam a estruturação genética das populações (Manel et al., 2003), auxiliando ainda mais nas tomadas de decisões para definir estratégias de conservação.

A conservação *ex situ* das espécies do Cerrado é comumente feita com a construção de coleções de germoplasma *in vivo* (Santos & Salomão, 2007). Grande parte destas espécies é um potencial econômico para a região, devido ao comercialização de frutos e castanhas (Agostini-Costa et al., 2006a).

A espécie *Anacardium occidentale* L. é polimórfica composta por dois ecótipos, do Cerrado e do Nordeste do Brasil. O ecótipo do Cerrado, conhecido popularmente como cajuzinho-do-campo é bastante apreciado devido ao sabor agradável,

. A exploração do fruto é feita por extrativismo para a comercialização do fruto e pseudofruto (Agostini-Costa et al., 2006). É uma das espécies frutíferas nativas mais promissoras para cultivo, em razão do seu uso múltiplo, alta taxa de germinação de sementes e estabelecimento de mudas (Agostini-Costa et al., 2006; Paiva et al., 2009; Borges et al., 2013; Cavalcanti et al., 2013). Visando conservação *ex situ*, foi instalada a coleção de germoplasma na escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (Borges et al., 2013).

Este trabalho teve como objetivo geral, caracterizar por meio de marcadores microsatélites o sistema reprodutivo de *A. occidentale* L. ecótipo do Cerrado, o padrão espacial do fluxo gênico dentro e entre populações, a variabilidade genética nas populações e na coleção de germoplasma e a estruturação genética. Por fim, investigar a relação entre as características da paisagem com os padrões genéticos das populações. Os objetivos específicos foram:

- Caracterizar o sistema reprodutivo, com base na taxa aparente de fecundação cruzada;
- Atribuir de paternidade para sementes e juvenis dentro de uma população;
- Caracterizar os padrões de dispersão via pólen e via semente intrapopulacional, por meio de estimativas diretas e indiretas;
- Avaliar a estruturação genética espacial intrapopulacional;
- Caracterizar a variabilidade e estrutura genética em populações e na Coleção de Germoplasma da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás;
- Avaliar o fluxo gênico histórico entre populações, utilizando parâmetro de diferenciação genética (F_{ST});
- Avaliar a similaridade genética das populações que compõem a coleção de germoplasma da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás;
- Avaliar os padrões de distribuição geográfica central periférica da variabilidade genética em populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado;
- Caracterizar a paisagem em torno de populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado no estado de Goiás e relacioná-las com parâmetros genéticos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 SISTEMA REPRODUTIVO

As espécies de plantas podem se reproduzir de maneira assexuada e/ou sexuada. A forma assexuada ocorre pela propagação vegetativa, por meio de gemas, propágulos ou plântulas. Já a reprodução sexuada, envolve a união de gametas durante a fase reprodutiva da planta, exigindo mecanismo de dispersão do pólen para que ocorra a fecundação.

A fase reprodutiva tem importância particular, pois representa a única fase do ciclo de vida da planta em que é possível a movimentação de alelos entre as populações, que ocorre por meio da dispersão de pólen e de sementes (Levin & Kerster, 1974). Com isso, a reprodução sexuada possibilita a variabilidade genética na espécie.

O sistema reprodutivo é controlado por características reprodutivas da planta, como mecanismos de autoincompatibilidade, fenologia e síndromes de dispersão (Barret & Harder, 1996). O padrão do sistema reprodutivo de uma espécie é bastante complexo, podendo ser influenciado pela densidade de árvores adultas, intensidade de floração, sincronia de floração, mecanismos de autoincompatibilidade, comportamento de forrageamento dos polinizadores e o aborto seletivo de frutos (Murawski & Hamrick, 1991; Boshier et al., 1995; Franceschinelli & Bawa, 2000; Lee, 2000).

Foi observado existe forte influência de fatores genéticos e ambientais no sistema reprodutivo de plantas tropicais (Lemes et al., 2007). Estudos demonstram que em plantas tropicais existe tendência da reprodução ocorrer por meio de fecundação cruzada (ex.: Marshall & Folsom, 1991; Murawski & Hamrick, 1991; Loveless et al., 1998), algumas plantas apresentam níveis significativos de autofecundação (Murawski & Hamrick, 1992). Estas observações foram associadas à alta frequência de dioicia e autoincompatibilidade para as espécies hermafroditas (Bawa, 1992).

Considerando o mecanismo de reprodução, as espécies de plantas podem ser classificadas em cinco tipos de sistema reprodutivo: predominantemente autógamo, predominantemente alógamo, sistema misto, parcialmente apomítica e parcialmente autógamas (Brown, 1989). Avaliando 345 espécies de angiospermas (Goodwillie et al., 2005), foi observado que a maior parte é predominantemente alógama ou possui sistema misto, um pequeno percentual das plantas apresentaram sistema predominantemente autógamo. Geralmente, as plantas com sistema misto são polinizadas por insetos e não apresentam autoincompatibilidade (Endress, 2001).

Com o hábito séssil, as plantas necessitam de agentes para realizar a dispersão do pólen (Karasawa, 2009). Para obter sucesso reprodutivo as plantas com flores desenvolveram variadas estratégias para a polinização ser realizada com eficácia. O desenvolvimento destas estratégias gerou a evolução de adaptações florais que são associadas com o tipo de vetor utilizado para dispersar o pólen (Barrett, 2003). Isso pode explicar o fato das espécies com desenhos florais e características de exibições parecidas apresentarem padrões de cruzamento equivalentes. Um exemplo é a influência da distância entre o estigma e a antera na taxa de cruzamento das espécies que são autocompatíveis (ex.: Belaoussoff & Shore, 1995; Brunet & Eckert, 1998).

A caracterização do sistema reprodutivo é baseada na relação genética entre gametas masculinos e femininos nos zigotos recém-formados (Ritland, 1983), avaliando a proporção de sementes resultantes de fecundação cruzada ou autofecundação (Murawski & Hamrick, 1991). Com o uso dos marcadores genéticos a caracterização do sistema reprodutivo é realizada com a estimativa das taxas de autofecundações (s) e de fecundação cruzada ($t = 1 - s$) dentro das populações. Também é determinada a contribuição relativa dos indivíduos para a geração seguinte, por meio dos gametas femininos e masculinos. Para a maioria das espécies tropicais, ainda são desconhecidos estes parâmetros do sistema reprodutivo. dentre estas populações muitas são ameaçadas de extinção e o conhecimento do sistema reprodutivo seria fundamental para implantar estratégias de conservação (Fuchs & Hamrick, 2011).

Baseado em modelos evolutivos foi proposto que, cruzamentos realizados predominantemente com fecundações cruzadas (alógamo) ou cruzamento proveniente de autofecundações (autógamo) são os pontos estáveis da evolução do sistema reprodutivo em plantas (Lande & Schemske, 1985; Charlesworth et al., 1990). Em uma espécie o sistema reprodutivo passa por alterações com base com a história evolutiva da planta, por exemplo,

a redução na abundância dos polinizadores está relacionada ao aumento das taxas de autofecundação (Thomann et al., 2013). Além disso, este aumento na taxa de autofecundação pode indicar que a longo prazo ocorre também mudanças na relação entre planta e polinizador, causadas pelas modificações desencadeadas na morfologia floral (Devaux et al., 2014).

O sistema reprodutivo tem função definitiva na história de vida da espécie, por determinar como ocorre a passagem das frequências alélicas de uma geração para a geração seguinte (Ritland, 1988). O modo de reprodução de uma espécie tem grande influência em como a variabilidade genética é distribuída dentro e entre as populações, desempenhando um papel fundamental na determinação dos padrões espaciais e temporais da diversidade (Loveless & Hamrick, 1984; Brown, 1989; Lowe et al., 2005). O sistema reprodutivo também tem função fundamental na manutenção da diversidade genética de populações, pois a diversidade está intimamente relacionada ao padrão de fluxo gênico da espécie (Clegg, 1980).

2.2 FLUXO GÊNICO

Fluxo gênico é o processo microevolutivo responsável pela homogeneização da variabilidade genética entre as populações, se contrapondo aos efeitos dos outros processos que geram diferenciação das populações, como a seleção natural, mutação e deriva genética (Wright, 1951; Slatkin, 1995). O fluxo gênico pode ser definido como todo mecanismo que proporciona a movimentação de genes dentro de populações e entre elas (Slatkin, 1995).

Nas plantas o fluxo gênico é realizado por meio de dispersão do pólen e da semente. Estes dois mecanismos de dispersão são de importância fundamental nas populações, levando novos alelos até elas. Com o aumento do número de alelos na população, o tamanho efetivo populacional também é aumentado (Slatkin, 1995). O fluxo gênico de sementes tem uma característica a mais, permite que a espécie possa colonizar novas áreas, ampliando sua área de ocorrência e possibilitando o aumento da taxa de sobrevivência dos novos indivíduos, uma vez que a competição entre as árvores será menor (Martins et al., 2011).

O fluxo gênico via pólen e via semente diferem em relação a alguns aspectos, como na ploidia, em que o pólen é uma célula germinativa haploide e a semente é diploide.

Outra diferença, é que o fluxo gênico via pólen está relacionado ao sistema reprodutivo da espécie (Manoel et al., 2012), para as sementes não existe esta relação. Existe diferença também quanto ao alvo a ser atingido, o pólen objetiva a flor, mais precisamente o estigma, e o alvo da semente é um ambiente favorável para germinar. Também há diferença quanto ao tempo viável, em que a dispersão do pólen está limitada ao período receptivo do estigma, já para sementes este período representa o tempo em que ela estiver viável. Por fim, a dispersão de pólen necessita de árvores próximas para que haja fecundação, isso não é necessário para as sementes.

A dispersão da semente é caracterizada de acordo com a síndrome de dispersão, quando feita por animais é classificada como zoocórica, pelo vento é dispersão anemocórica e por autocórica para a auto dispersão. Assim como ocorre nas flores, os frutos dispersados por cada classe de dispersor possui um padrão característico. Na dispersão feita por animais, o fruto tende a ser carnoso, com cores atrativas e bastante nutritivo, como uma recompensa para os animais. Sementes dispersas pelo vento têm como característica, serem leves e com formatos que contribuem para o voo. De forma geral, é importante que as sementes sejam dispersas para longe dos adultos, evitando assim a competição com as árvores já existente. Existem evidências de que a dispersão pode muitas vezes ser direcionada, favorecendo o assentamento das sementes em locais favoráveis (Nathan, 2008).

A dispersão de pólen pode ocorrer por meio de diferentes vetores, sendo eles bióticos ou abióticos. Dentre os dispersores abióticos estão o vento (anemofilia) e água (hidrofilia), estes meios têm como característica dispersões a longas distâncias (ex.: Bittencour & Sebbenn, 2008). Como agentes bióticos tem-se os animais, estes dispersores são subdivididos em classes de acordo com o meio de locomoção e classe, por exemplo, se a dispersão é por abelhas (melitofilia), por aves (ornitofilia), por morcegos (quiropterofilia) ou por animais terrestres. Quando a planta é dispersa por animais existe algumas características florais relacionadas a este fator, as flores são mais coloridas e os grãos de pólen têm estruturas adaptadas para atrair os polinizadores, tais como a cor chamativa, o formato e o odor, além de fornecer o néctar e no pólen como recompensa.

Apesar de existirem adaptações evolutivas que permitem a compatibilidade entre a morfologia da flor e do polinizador, em muitas espécies de plantas a especificidade não é restrita a apenas uma espécie de polinizador (Waser et al., 1996). Esta característica é vantajosa, por permitir maior chance de distribuição do pólen, isto tem grande valor para as

populações em habitat degradado, onde pode existir perda considerável de polinizadores (McConkey et al., 2012).

O padrão do fluxo gênico via pólen de uma espécie pode ser influenciado por diversos fatores, como sistema reprodutivo, autocompatibilidade e comportamento de forrageamento dos animais polinizadores (Govindaraju, 1988). Além destes fatores, há a influencia de fatores ecológicos, como densidade e distribuição das árvores dentro da população. A distribuição e densidade das árvores podem modificar o comportamento dos polinizadores e, com isso, alterar o fluxo gênico na população (Ghazoul, 2005). Foi observado que em áreas com menor densidade e maior distância entre as árvores, a dispersão tende a ocorrer em distâncias mais longas quando comparado a área com maior densidade (Nason et al., 1997; Dick, 2008). Outro fator é o porte dos animais, os dispersores voadores com porte maior percorrem distâncias mais longas que os pequenos voadores (Dick et al., 2003).

Espécies que têm alguma tolerância a autofecundações podem apresentar maior resistência às perturbações ambientais, pois conseguem se reproduzir na escassez de polinizadores (Lemes et al., 2007). Em paisagens fragmentadas, as populações sofrem risco de extinção a curto prazo por causa da redução da fertilidade, que está relacionada à disponibilidade limitada de pólen e à depressão endogâmica (Frankham et al., 2002). Em uma situação contrária, a intensa dispersão de pólen dentro de populações contínuas pode aumentar a diversidade genética, o número efetivo de doadores de pólen e o tamanho efetivo da população (Manoel et al., 2012).

Comumente é observado que o fluxo gênico via pólen atinge distâncias mais longas do que a distância do fluxo gênico das sementes, apesar de algumas exceções terem sido encontradas (Ashley, 2010). Foi demonstrado que o fluxo via semente tem a mesma importância que fluxo de pólen para moldar a estruturação genética (Jordano et al., 2007; Freeland et al., 2012;). Determinar o padrão do fluxo gênico para estes dois meios de dispersão é de grande importância, pois permite compreender com maior detalhe o padrão de estruturação populacional e a interação dos dispersores com os fatores ecológicos.

A estimativa do fluxo gênico ocorrido ao longo da história de vida da espécie é um método indireto, em que os níveis de dispersão são estimados com base na distribuição da diversidade genética entre populações (Hamrick & Nason, 1996). Os métodos utilizados para esta estimativa são a partir do valor de F_{ST} , da autocorrelação espacial e da Coalescência (Kingman, 1982; Beerli & Felsenstein, 2001; Diniz-Filho & Telles, 2002;

Oliveira et al., 2006; Diniz-Filho & Bini, 2012). Para a estimativa utilizando o F_{ST} , o fluxo gênico é obtido pelo número de migrantes por geração (Nm), para isso é assumido que a estruturação genética das populações seguem o modelo de ilhas (Wright, 1931), ou seja, há equilíbrio entre migração e deriva genética. Partindo deste pressuposto, o valor do F_{ST} é considerado como uma função do Nm (Slatkin, 1987; Sork et al., 1999).

As estimativas dos padrões de fluxo gênico contemporâneo, o fluxo gênico que ocorre sobre as condições atuais das populações, podem ser obtidas de forma direta ou indireta para pólen e de forma direta para o fluxo via semente. A forma direta é baseada na observação da movimentação dos dispersores, podendo ser realizada por teste de paternidade de sementes utilizando marcadores moleculares (ex.: Braga & Collevatti, 2011). Com este método a distância do fluxo gênico é obtida por meio da distância espacial entre a árvore matriz e o doador do pólen, identificado pelo teste de paternidade. Comumente a paternidade é atribuída pelas probabilidades de paternidade categórica (Meagher, 1986). A estimativa indireta de fluxo gênico contemporâneo também utiliza marcadores moleculares, é obtida pela distribuição da variância da frequência alélica do pool de pólen entre as matrizes (Robledo-Arnuncio et al., 2006). Devido ao alto nível de polimorfismo, os marcadores microsatélites são muito úteis para estas estimativas (Ashley, 2010).

Com base no fluxo gênico de pólen obtido com a atribuição de paternidade, é possível determinar o número efetivo de doadores de pólen de cada árvore mãe (Dick et al., 2003; Smouse & Sork, 2004; Wang et al., 2010; Braga & Collevatti, 2011; Fuchs & Hamrick, 2011). Assim como, estimar o tamanho populacional efetivo das progênies (Gaino et al., 2010; Moares & Sebbenn, 2011). O tamanho efetivo indica o número de árvores necessárias para a coleta de sementes, esta informação importante para projetos de conservação das populações e para o melhoramento genético para produção de cultivares (Manoel et al., 2012).

2.3 ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA POPULACIONAL

A origem variabilidade genética nas populações de uma espécie é devido a eventos de recombinação, mutação e fluxo gênico. Conservar esta variabilidade é fundamental para as espécies, pois, possibilita às populações alto potencial adaptativo e evolutivo para contrapor os efeitos gerados pelas estocasticidades ambientais (Geburek &

Konrad, 2008). Conhecer a composição genética de uma espécie e como ela está estruturada entre as populações é uma etapa crucial para iniciar programas que visem conservação, manejo e uso da espécie (Vencovsky et al., 2007).

Em análise genética das populações, a variabilidade genética é caracterizada por parâmetros estimados com base em informações das frequências dos alelos, por meio de marcadores moleculares. Os principais parâmetros utilizados são o número de locos polimórficos, número de alelos dos locos, riqueza alélica (Mousadik & Petit, 1996), heterozigosidade observada e heterozigosidade esperada sob o equilíbrio de Hardy – Weinberg (Nei, 1978). A riqueza alélica (A_r) é obtida pelo método de rarefação adaptado para estudos de genética populacional, permitindo comparar o número de alelos entre amostras de tamanhos desiguais (Mousadik & Petit, 1996). A heterozigosidade esperada ou diversidade genética (Nei, 1978), é calculada pela soma de todos os heterozigotos possíveis em um loco, assumindo-se Equilíbrio de Hardy-Weinberg, sendo assim, a maior equidistribuição dos alelos aumentará a diversidade genética da população.

A estruturação da variabilidade genética entre as populações tem estreita relação com os processos microevolutivos, como o fluxo gênico, mutação e deriva genética (Wright, 1931). Por exemplo, entre populações grandes com constante fluxo gênico, provavelmente existirá pouca diferenciação, enquanto que em pequenas populações com pouco fluxo gênico a diferenciação tende a ser alta, por não existir equilíbrio migração - deriva. O grau de diferenciação de populações é dependente do nível de fluxo gênico, o qual também influencia o tamanho efetivo da população (Slatkin, 1995).

O fluxo gênico é fortemente relacionado ao sistema reprodutivo da espécie (Govindaraju, 1988). Em geral, nas espécies que realizam fecundação cruzada ocorrem maior fluxo gênico entre as populações e, com isso, é mantida maior variação genética dentro do que entre as populações. Enquanto que as espécies com alto grau de autofecundação demonstram menor fluxo gênico entre populações (Hamrick et al., 1979).

Dentre os modelos de fluxo gênico que podem explicar a estruturação genética das populações, alguns se destacam: o modelo de ilhas (Wright, 1931), propõe que o fluxo gênico ocorre ao acaso entre um grupo de pequenas populações; o modelo continente ilhas propõe que o fluxo gênico é unidirecional, em que a migração ocorre de uma população grande para uma população pequena e isolada; o modelo *stepping-stones* (Kimura & Weis, 1964) propõe que cada população recebe migrantes somente de populações vizinhas; por

fim, o modelo de isolamento por distância (Wright, 1943) propõe que o fluxo gênico ocorre entre vizinhos, sendo que as populações têm distribuição contínua.

Os métodos de estudo da estruturação genética são baseados em modelo teórico. O modelo teórico ideal mais utilizado é o de cruzamento ao acaso, proposto pelo teorema de Hardy-Weinberg, que é a base da teoria genética evolutiva. A partir deste modelo, foram desenvolvidas as estatísticas F de Wright (1951). Posteriormente também foram desenvolvidos os métodos estatísticos de diversidade genética, propostos por Nei (1973), e as análises de variância das frequências alélicas proposta por Weir & Cockerham (1984). Os três métodos são similares e complementares, possibilitando explorar de maneira ampla os fatores evolutivos envolvidos na diferenciação das populações.

As estatísticas F avaliam a distribuição da variabilidade genética entre populações por meio do F_{ST} . Este parâmetro está diretamente relacionado à variação da frequência dos alelos entre as populações e inversamente relacionado ao grau de semelhança entre os indivíduos dentro das populações, sendo então uma medida de diferenciação genética (Holsinger & Weir, 2009). O parâmetro F_{IT} mede a correlação entre duas unidades gaméticas na população total. O F_{IS} é a medida de correlação de gametas dentro de subpopulações.

Os Coeficientes de coancestria, propostos por Weir & Cockerham (1984), usam componentes de variância para avaliar a variação nas frequências alélicas. Esta variação é relacionada com o coeficiente de endogamia e a coancestralidade, permitindo avaliar a diferenciação genética nos diferentes níveis hierárquicos com base não viesada. Neste método são estimados $\theta = F_{ST}$, $f = F_{IS}$, $F = F_{IT}$.

O uso de marcadores moleculares permite a caracterização de forma rápida e fácil da variabilidade genética das populações. Fornecem dados que auxiliam na compreensão dos processos microevolutivos que estão atuando na diferenciação das populações (Avice, 2000). Uma atenção maior deve existir quando marcadores microssatélites são utilizados, pois as altas taxas de mutação destes locos podem influenciar nas estimativas da diferenciação genética das populações. Sendo assim, é necessária a utilização de estatísticas que levam em consideração as taxas mutacionais destes locos. Neste sentido, Slatkin, (1995) propôs o parâmetro R_{ST} , que segue o modelo de mutação *stepwise*, corrigindo a elevada taxa de mutação. As estimativas deste parâmetro são baseadas nos quadrados médios que levam em consideração as diferenças no número

repetições das bases nucleotídicas entre os alelos de cada loco (Slatkin, 1995; Rousset, 1996).

O conhecimento dos padrões de distribuição da variabilidade genética de uma espécie é um dos principais aspectos a serem avaliados quando se pretende realizar programa de conservação e manejo sustentável. Com as informações genéticas das populações é possível a adoção de estratégias conservacionistas mais eficientes (Frankham, 2010).

Com base na distribuição da variabilidade genética sobre a área geográfica de ocorrência da espécie, é possível também conhecer os processos de evolução, especiação e biogeografia da planta (Keller et al., 2010). A relação entre distribuição da variabilidade genética e evolução é feita com base na hipótese central –periférica. Esta hipótese propõe que as populações das margens da área da distribuição geográfica da espécie terão diversidade genética menor (ex.: Diniz-Filho et al., 2009) em relação às localizadas no centro de distribuição de distribuição do ecótipo (Kawecki, 2008; Keller et al., 2010). Esta redução ocorre devido a uma ligação entre a marginalidade geográfica e fatores ambientais (Galpern et al., 2011; Gaston, 2003; Kawecki, 2008; Sagarin et al., 2006; Sexton et al., 2009). Também está relacionado ao fato de que as populações centrais apresentam maior tamanho efetivo e maior taxa de fluxo gênico do que populações periféricas (Eckert et al., 2008; Sagarin & Gaines, 2002; Soulé, 1973).

2.3.1 Genética da paisagem

Genética da paisagem é a junção da genética de populações e a ecologia da paisagem, que é o estudo da interação entre padrão espacial e processos ecológicos (Manel et al., 2003). Existe forte interação entre as características da paisagem e os processos microevolutivos (Manel et al., 2003; Mcrae & Beier, 2007). Baseado nisso, a genética da paisagem tem como objetivo, avaliar a influência das características da paisagem sobre os processos microevolutivos que definem a estruturação genética existente nas populações (Holderegger et al., 2010).

A abordagem de genética de paisagem em estudos de populações tornou-se possível com o avanço e disponibilidade de algumas ferramentas, como o acesso ao banco de dados de georeferenciamento em escala regional, ao grande número de marcadores

moleculares disponíveis e as inovações estatísticas para análises espaciais (Telles & Bastos, 2009). Normalmente, os dados de paisagem são acoplados a estudos genéticos para avaliar o fluxo gênico entre as populações e relacioná-lo às alterações do habitat (Fischer & Lindenmayer, 2007; Cushman & Landguth, 2010).

Nesta abordagem, é possível avaliar como as alterações na paisagem, que são causadas principalmente por ações antropogênicas e alterações climáticas, influenciam a estruturação genética das populações (Manel et al., 2003; Mcrae & Beier, 2007). A perda de habitat e a fragmentação das populações tendem a alterar o padrão espacial da dispersão de sementes e de pólen entre as populações (Kramer et al., 2011; Mcconkey et al., 2012), podendo gerar maior diferenciação entre as populações e redução da diversidade genética (Lowe et al., 2005; Aguilar et al., 2008).

A conectividade entre as populações é o resultado da interação entre a capacidade de movimentação da espécie realizada pelos dispersores e polinizadores. A movimentação depende da estrutura da paisagem e como ela influencia o fluxo gênico, preservá-la é uma preocupação para os programas de conservação (Luque et al., 2012). Manter a conectividade depende da combinação de vários fatores, como quantidade e arranjo do habitat, qualidade e permeabilidade da matriz, comportamento dos dispersores e polinizadores e densidade populacional (Luque et al., 2012), além da abundância de dispersores (Mcconkey et al., 2012).

Foi observado que fragmentos pequenos que mantêm conectividade com remanescente da vegetação natural, apresentam maior densidade e riqueza de espécies de plantas nativas, de floração e também maior abundância de espécies de abelhas de grande porte, que são polinizadores de uma grande quantidade de plantas (Wray et al., 2014).

Estudos empíricos com espécies de plantas evidenciam a influência das alterações na paisagem sobre os parâmetros genéticos e o fluxo gênico. Para a espécie *Dipteryx alata* houve descontinuidades genéticas entre as populações de regiões com expansão sócio-econômica recente e com alta densidade populacional (Soares et al., 2008). Em *Caryocar brasiliense*, o aumento dos níveis de endogamia foi relacionado à intensa ocupação humana recente (Diniz-Filho et al., 2009). Para *Trifolium montanum* L. as áreas de pastagem e estradas, juntamente com a altitude influenciaram a diferenciação genética entre populações (Han et al., 2013).

A forma e a intensidade que a fragmentação do habitat influencia a estruturação genética das populações dependem das características da espécie e dos

recursos disponíveis dentro do fragmento e fora dele (Herrera & García, 2008). Quanto maior a variedade de estratégias de dispersão uma espécie de planta tiver, maior é sua capacidade de resiliência diante da fragmentação (Purschke et al., 2014). Devido às idiosincrasias das espécies vegetais e animais envolvidos na dispersão e polinização, não é possível fazer generalizações robustas dos resultados esperados quanto ao fluxo gênico em habitat fragmentado (Mcconkey et al., 2012).

Apesar de estar elucidada a influência da paisagem sobre a dinâmica das populações, ainda não é clara a extensão espacial da influência das características da paisagem. Com isso, existe o desafio em determinar a escala da paisagem biologicamente relevante a ser incluída nas análises e nas tomadas de decisões para definir áreas em programas de conservação (Jackson & Fahrig, 2014). No entanto, isso não impede que a genética da paisagem seja utilizada como uma ferramenta para projetos de conservação.

A genética da paisagem é uma importante ferramenta para a conservação da natureza e um campo em rápida evolução. Atualmente esta área está sendo bastante útil para avaliar as interações entre o ambiente e variação genética adaptativa. Esta abordagem tem um crescente interesse devido às recentes inovações referente à geração de dados, em que é possível acessar grande conjunto de dados genômicos e ambientais, aliado a isso houve mais sofisticação nos métodos de análise (Schoville et al., 2012). Quantidades consideráveis de dados genéticos e ambientais podem agora ser gerados, mas ainda existe desafio em explorar melhor os dados, requerendo grandes avanços na análise dos dados (Parisod & Holderegger, 2012). Estes avanços requeridos para as análises são o próximo passo para a genética da paisagem (Manel & Holderegger, 2013).

2.4 COLEÇÃO DE GERMOPLASMA

A variabilidade genética é a base para que as populações persistam às adversidades e se mantenham em longos prazos, é também a base para iniciar programas de melhoramento. Sendo assim, é fundamental que existam esforços para conservá-la, podendo ser feito duas formas, pela conservação de germoplasma *in situ* e *ex situ*.

Na conservação *in situ* as plantas são preservadas em seus habitats naturais, com o objetivo de garantir proteção aos conjuntos de genes e ao ecossistema. Esta forma de conservação tem a vantagem de manter as pressões seletivas que ocorrem naturalmente sobre a espécie (Scariot & Sevilha, 2007). Em alguns casos este é o método mais eficiente

para conservação, no entanto, para que seja eficiente é necessário o conhecimento empírico da biologia reprodutiva, ecologia, padrão de distribuição das espécies, além de conhecimento prévio da variabilidade genética nas populações e sua distribuição (Changtragoon, 2003; Volis & Blecher, 2010).

A conservação *ex situ* tem como objetivo a conservação e a manutenção da variabilidade genética fora do habitat natural da espécie (Nass, 2001). Este método de conservação pode ser feito de diferentes formas, em coleções permanentes de pólen, por sementes, por cultura de tecido ou mantido *in vivo*. A escolha de qual método ser utilizado está relacionada às características da espécie e dos objetivos do programa de conservação.

Quando a coleção é mantida por meio de sementes, o armazenamento tem como principal objetivo conservá-las buscando preservar a qualidade física, fisiológica e sanitária, para que posteriormente possam ser semeadas obtendo plantas saudáveis. Este método de conservação é adaptado para o objetivo e as características da semente, podendo ser mantida em períodos curtos ou longos.

A conservação *ex situ* teve como pioneiro Nikolai Vavilov, que iniciou a prática no início do século XX. Vavilov compreendeu a importância e os benefícios que poderiam ser alcançados ao ter sob domínio o germoplasma da maior quantidade possível de espécies, e para isso as amostras deveriam ser mantidas de forma organizadas e sistematizadas em coleções. Seus esforços foram primordiais para dar suporte para outras coleções serem montadas (Nass, 2001). Atualmente existem aproximadamente 1300 coleções de germoplasma de diversas espécies, armazenando mais de seis milhões de acessos (Upadhyaya et al., 2006).

Para que um banco de germoplasma seja efetivamente representativo, é necessário que a maior parte da variabilidade genética da espécie esteja representada. Por isso, a necessidade de caracterizar os acessos do banco, pois desta forma é possível avaliar quanto da variabilidade genética está sendo representada. Com estas avaliações é possível também identificar problemas como sistemas alélicos autoincompatíveis, perda de alelos provocados por deriva genética e depressão endogâmica e mutações que podem prejudicar a população ou até mesmo levar a espécie à extinção (Cruz et al., 2011).

2.4.1 Banco de Germoplasma do Caju

Para o caju, o primeiro banco de germoplasma do Brasil foi formado na década de 1950, estabelecido na Estação Experimental de Pacajus (Barros, 2006). Este banco foi iniciado com amostras de populações espontâneas de *A. occidentale* ecótipo do Nordeste dos municípios das regiões litorâneas e transição litoral - Caatinga do estado do Ceará (Almeida et al., 1993). Posteriormente o banco foi completado com mais acessos do ecótipo do Nordeste, do tipo comum, que foram introduzidos por propagação vegetativa (Almeida et al., 1993). Em seguida foram inseridos acessos de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado e outras espécies de caju do Centro-Oeste e Norte do país (Almeida et al., 1993).

Hoje o banco de germoplasma do Brasil é composto por 621 acessos representando diferentes espécies do gênero *Anacardium*. No entanto, a maioria destes acessos, cerca de 70%, são oriundos do estado do Ceará, o que limita a representatividade em termos de origem (Paiva; et al., 2009). As principais características conservadas neste banco são de interesse para o melhoramento genético, como porte baixo, precocidade e adaptabilidade a estresses como toxidez de alumínio no solo e tolerância à seca e a doenças. Algumas características vistas como problema para o cultivo, como porte da planta, precocidade, ciclo de frutificação e produtividade foram resolvidos por meio de melhoramento e estabelecimento de clones (Barros et al., 1999). O principal produto obtido pelo cultivo dos clones deste banco é a castanha, o pseudofruto também é utilizado para a produção de sucos.

Visando a produção da castanha, também foi implantado um banco de germoplasma na Índia. A conservação do germoplasma foi iniciada em 1986, com a implantação do banco de germoplasma no Centro Nacional de Pesquisa de Caju (NRCC) em Puttur – Karnataka (Paiva; et al., 2009). No mesmo ano de implantação do banco foi iniciada a atividade de cultivo, desta forma, a variabilidade genética contida no banco é um importante suporte para o melhoramento genético. Este banco de germoplasma é formado por 419 acessos clonados, que servem de base para a produção de mudas da maioria das plantações de caju na Índia, algumas destas plantações já possuem mais de 30 anos (Bhaskara Rao & Swamy, 2002).

Além do Brasil e da Índia, foi construído um banco na Nigéria. O caju foi introduzido na Nigéria no século 16 pelos portugueses (Venkataramah, 1976; Mitchell & Mori, 1987), foi utilizado inicialmente para a arborização e o controle de erosão (Aliyu & Awopetu, 2007a). Na década de 1950 foi iniciado o cultivo com a introdução de sementes da Índia (Sanwo, 1974). Visando melhoramento genético, em 1971 foi construído o banco

de germoplasma pelo Instituto de Pesquisa do Cacau da Nigéria (CRIN) (Aliyu & Awopetu, 2007a). O banco foi montado com clones das culturas locais e por acessos indianos exóticos (Akinwale & Esan, 1989). Posteriormente, visando aumentar a base genética do banco foram introduzidos novos acessos da Índia e materiais brasileiros provenientes de cultura privada (Faenza et al., 1982). Atualmente o banco de germoplasma da Nigéria é composto por 59 acessos, os quais geraram aumento relevante na produção da cultura no país (Aliyu, 2012).

Foi construída na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás uma Coleção de Germoplasma de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado em 2011 (Borges et al., 2013). A coleção é mantida *in vivo*, sendo formada por progênies oriundas de matrizes de 25 localidades do estado de Goiás. Sua construção foi pensada para a conservação, uma vez que as populações correm risco de perda da variabilidade devido a fragmentação do bioma, e para dar início a programa de melhoramento visando a produção para consumo *in natura*, produção de doces, compotas e sucos. Os programas de melhoramento de espécies do Cerrado usualmente têm recorrido à variabilidade genética das coleções de germoplasma e seleção de materiais superiores para a produção de cultivares.

A construção de banco de germoplasma para espécies com alta heterozigose, como o caju, requer altos gastos, por precisar de grandes amostras para representar a variabilidade genética contida nas populações (Agostini-Costa et al., 2006). Devido a isso, nem sempre são empregados todos os procedimentos tradicionais de um programa de conservação *ex situ*, como a recolha, caracterização, avaliação e utilização. Esta situação se enquadra aos bancos de germoplasma de caju, pois existe a dificuldade do pequeno retorno econômico obtido em curto prazo (Paiva et al., 2003).

2.5 MARCADORES MICROSSATÉLITES

Os marcadores microssatélites são sequências repetitivas simples (SSR). A grande parte dos SSR constitui a parte não codificante do DNA, porém, muitas sequências com repetições mais curtas são localizadas em genes que codificam proteínas (Li et al., 2004; Morgante et al., 2002). Estes marcadores não são regularmente distribuídos dentro do genoma, varia de acordo com a diferença entre frequências das sequências codificantes e não codificantes (Wilder & Hollocher, 2001) e se tem alguma função.

Em um mesmo loco SSR pode existir vários alelos quando avaliado em uma população, fazendo com que esta classe de marcador seja muito útil para discriminar indivíduos (OLIVEIRA et al., 2006). Os diferentes alelos distinguem-se pelo número de unidades (motivos) de repetição que apresentam nos cromossomos homólogos (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Nas plantas, a repetição mais comumente encontrada é o triplo AAG (Li et al., 2004). Devido ao tipo de sequência de repetição podem ser classificados como perfeito, imperfeito, interrompido ou composto.

Os SSR têm maiores taxas de mutação do que o resto do genoma, podendo variar entre 10^{-2} a 10^{-6} nucleótidos por loco em uma geração (Sia et al., 2000). Sugere-se que os principais mecanismos responsáveis pela alta taxa de mutação são os erros durante a recombinação, crossing-over desigual e deslizamento da DNA polimerase durante a replicação ou no processo de reparo (Strand et al., 1993). De acordo com Kruglyak et al. (1998), SSR curto provavelmente tem taxas de mutação mais baixas do que as espécies com SSR mais longos.

As principais características dos marcadores SSR são: codominância, ser multialélico, ter extensa cobertura do genoma, é local específico, são altamente reprodutíveis, são baseados em reação da polimerase em cadeia (PCR), receptividade à automatização da análise e genotipagem do fragmento (Oliveira et al., 2006). Estas características permitem que os SSR sejam utilizados em diversos campos da genética, incluindo a conservação genética, genética de populações, melhoramento genético e testes de paternidade (Li et al., 2004).

Para as análises em genética de populações, uma questão importante ao utilizar dados de SSR, é definir qual modelo teórico de mutação deve ser aplicado para estimar corretamente os parâmetros genéticos. Normalmente podem ser utilizados quatro modelos de mutação nestas estimativas: modelo de Infinitos Alelos, em que cada mutação cria aleatoriamente um novo alelo, com isso, a proximidade do número de repetições de alelos não indica maior relação filogenética (Wright, 1931); modelo *o modelo stepwise*, em que um alelo é criado pelo ganho ou perda de um motivo, os alelos são mais próximos filogeneticamente quanto mais próximos são o número de repetições do motivo; *modelo two phase* é uma extensão do modelo *stepwise*, em que a maioria dos eventos mutacionais resultam do aumento o diminuição de um único motivo e que as alterações envolvendo muitos motivos de uma só vez são muito raras; modelo *k-alleles*, em que é definida a

existência dos possíveis k alelos em um loco, com uma probabilidade de mutação é dada por $\mu/(k-1)$, sendo μ é a taxa de mutação (Oliveira et al., 2006).

A alta taxa de mutação dos SSR pode desviar os dados das premissas utilizadas em algumas análises de estrutura populacional, que estão relacionada à taxa de homoplasia e ao processo de mutação (Estoup et al., 2002). Quando esses efeitos são ignorados a taxa de fluxo gênico pode ser superestimada (Balloux et al., 2000). Com isso, Slatkin (1995) propôs uma medida de diferenciação genética, o R_{ST} (análogo ao F_{ST}), que é baseado no modelo de mutação *stepwise*. e geralmente é o indicado para avaliar a estruturação populacional por meio dos SSR. No entanto, o R_{ST} pode ser viciado quando o padrão de mutação do loco é o alelos infinitos (Slatkin, 1995).

A comparação da estimativa do R_{ST} e F_{ST} é especialmente relevante para comparação crítica e cuidadosa da interpretação dos dados e permite obter informações importantes sobre a estrutura genética de uma população. Alguns estudos fizeram a comparação dos dois parâmetros quando utilizaram locos SSR, encontrando diferenças significativas entre eles, em que o R_{ST} foi maior que o F_{ST} (ex.: Collevatti et al., 2001).

Os locos SSR são bastante utilizados nas análises genéticas, porém, possuem algumas desvantagens, como a presença de bandas *stutter* e alelos nulos. É necessário ter cuidado especial nas análises quando algum desses problemas é encontrado (Wang et al., 2009).

2.6 *Anacardium occidentale*

2.6.1 Origem e Distribuição Geográfica

Pertencente à família *Anacardiaceae* e ao gênero *Anacardium*, a espécie *Anacardium occidentale* L. é a mais conhecida dentre as dez descritas até o momento para o gênero (Correa et al., 2008). O gênero foi originado na região Neotropical, está distribuído desde a América Central, a partir de Honduras, até sul do Paraná e leste do Paraguai (Mitchell & Mori, 1987). Dados evidenciam que provavelmente o centro de origem é o Brasil (Crisóstomo et al., 1995), tendo a região amazônica como principal centro de diversidade do gênero e o Cerrado em segundo lugar, contemplando quatro espécies (Paiva et al., 2003). De modo geral, as espécies são encontradas em dois habitats distintos, sendo eles florestas e savanas.

As populações de *A. occidentale* ocorrem em regiões de savanas, podendo ser encontrada nas áreas de restinga do Nordeste e no Cerrado brasileiro. Devido a seu cultivo, a espécie foi disseminada por toda América latina e países intertropicais (Johnson, 1973). O centro de origem e a rota de distribuição não são bem conhecidos, no entanto há fortes indícios de que tenha originado no Brasil Central e dispersa para a região Nordeste do país (Mitchell & Mori, 1987).

Diferenças existentes entre exemplares das regiões do Cerrado e Nordeste levaram alguns autores classificá-los como duas espécies distintas, em que o caju proveniente do Cerrado foi classificado como *Anacardium othonianum* Rizz (Rizzini, 1969). Entretanto, na ultima listagem das espécies de plantas do Cerrado feita pela Embrapa, *A. othonianum* foi classificado como *A. occidentale* (Ribeiro et al., 2008). De acordo com Mitchel & Mori (1987), trata-se de uma espécie polimórfica dividida em dois ecótipos. O ecótipo do Cerrado possui pseudofruto menor e mais ácido quando comparado ao do Nordeste (Agostini-Costa et al., 2006), mas ambos apresentam porte arbóreo, medindo em torno de 2,75 metros (Naves, 1999) (Figura 2-1).

No Cerrado a espécie é conhecida popularmente como cajuzinho-do-campo, ela é de distribuição restrita, presente nas fitofisionomias cerrado sentido restrito, cerradão e campo sujo (Mendonça et al., 1998). Tem como característica, ocorrência em solos concrecionários (Naves, 1999) (Figura 2-1). A distribuição é de forma contínua (Ratter et al., 2003; Gomes et al., 2011; Lemos et al., 2013) e as populações têm alta densidade, principalmente em localidades em que o solo tem maior acidez (Naves, 1999).

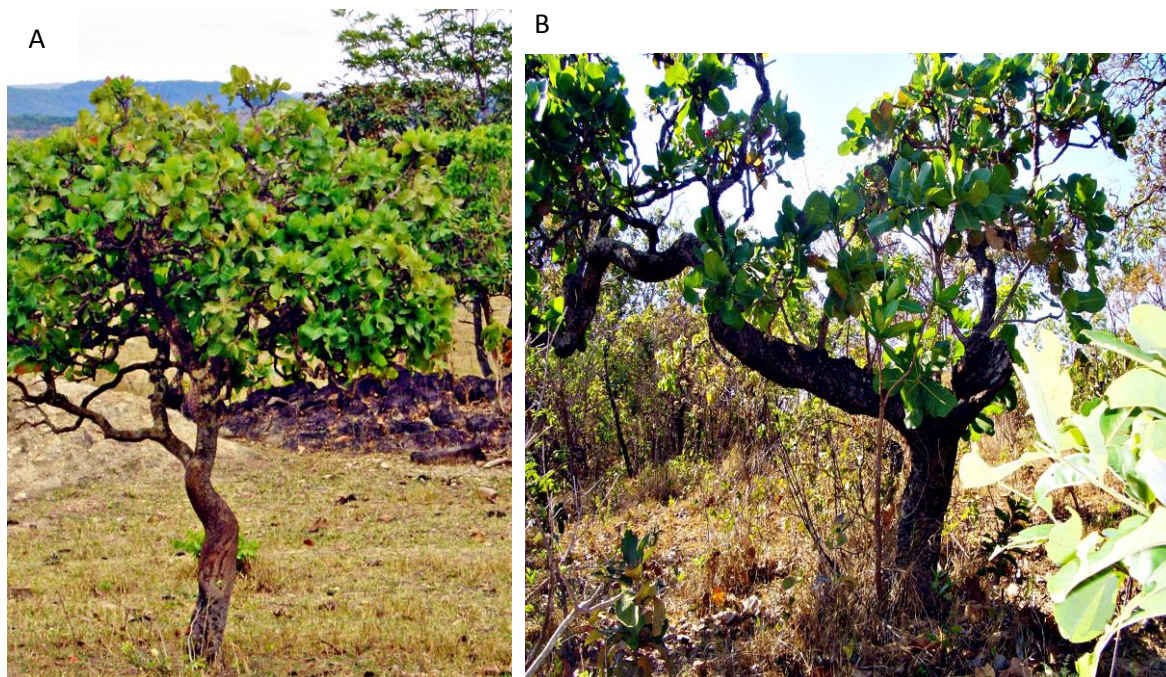


Figura 2.1 Exemplares da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, demonstrando ocorrência em solo concrecionário (A) e na fitofisionomia cerrado sentido restrito (B). Fotos: Leciane Oliveira

2.6.2 Morfologia floral, fenologia e dispersão

Quanto à morfologia floral, *A. occidentale* possui inflorescências tipo panículas terminais ou axilares (Figura 2-2), com flores estaminadas e hermafroditas de coloração avermelhada ou rósea (Agostini-Costa et al., 2006). A floração acontece gradualmente e é duradoura, podendo permanecer por até três meses (Paiva et al., 2009). Michell & Mori (1987), descreveram que os vetores de polinização são abelhas e borboletas. Para o ecótipo do Cerrado, Silva et al. (2001) citam abelhas e vespas como os polinizadores. Em um levantamento das espécies polinizadas por abelhas, foi relatado que atualmente o principal polinizador do ecótipo do Cerrado é a espécie não nativa *Apis mellifera*. (Almeida et al., 2003), assim como ocorre com o ecótipo do Nordeste (Paulino, 1992; Freitas & Paxton, 1998; Lorenzi et al., 2006).

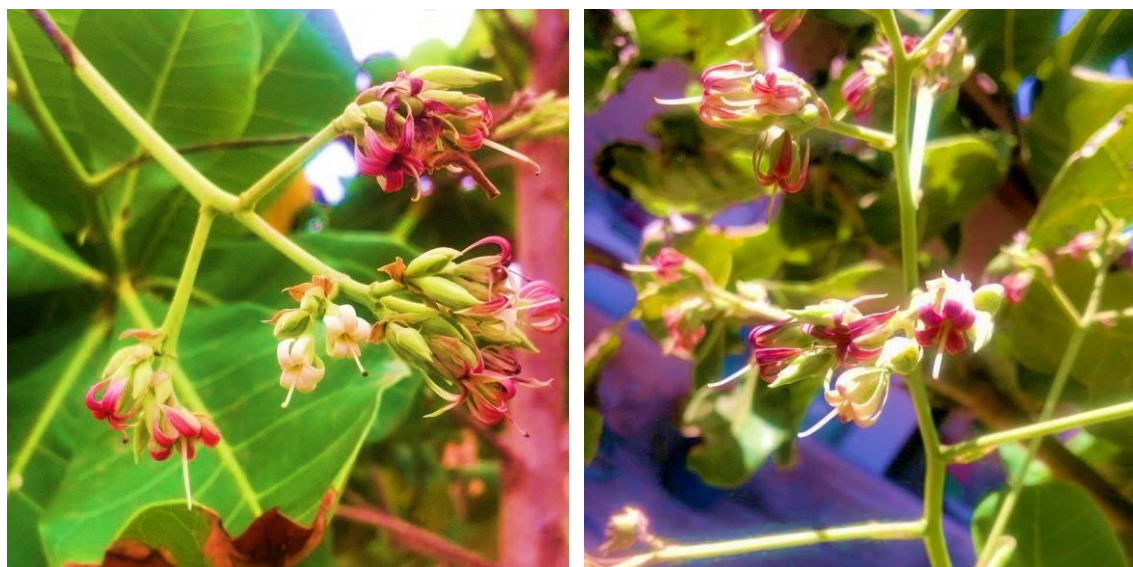


Figura 2.2 Tipo de floração da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, evidenciando as diferentes cores de flores em uma panícula. Fotos: Leciane Oliveira

Foi observado que a espécie é andromonóica (Rao & Hissan, 1957) e não existe autoincompatibilidade (Faluyi, 1983; Barros, 1995; Holanda-Neto et al., 2002; Aliyu, 2008). No entanto, há recursos que favorecem a fecundação cruzada (Sedgley & Griffin, 1989). A autopolinização é dificultada pelo fato do estigma das flores hermafroditas geralmente serem mais longo que os estames (Paiva et al., 2009) e somente o pólen proveniente de estames maiores são viáveis e participantes do processo reprodutivo (Freitas & Paxton, 1996). Com isso, a perda de aptidão atribuída à endogamia é reduzida (Sedgley & Griffin, 1989).

Após a fecundação o pedicelo da flor aumenta de tamanho, formando um pedúnculo suculento originando o pseudofruto. O fruto verdadeiro é formado por drupa rígida (Figura 2-3), sua maturação acontece primeiro que a do pedúnculo (Mitchell & Mori, 1987). O fruto do ecótipo do Cerrado tem peso de aproximadamente 1,84g, comprimento de 19,34mm, largura 15,39 mm e espessura do fruto 9,98, o peso do pseudofruto é maior, com aproximadamente 7,15g (Correa et al., 2008).

A espécie possui mecanismo de aborto seletivo, em que são descartados os frutos de autopolinização, evitando assim depressão endogâmica (Holanda-Neto et al., 2002). Durante o ciclo de crescimento da planta, geralmente são alternados um ciclo vegetativo com uma fase reprodutiva.

A dispersão dos frutos é feita comumente por morcegos frugívoros (Jhonson, 1974), principalmente da espécie *Artibeus lituratus* (Bredt et al., 2012).



Figura 2.3 Fruto e pseudofruto da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado em desenvolvimento. Fotos: Leciane Oliveira

2.6.3 O genoma e variabilidade genética

Por meio de avaliação citológica, foi observado que *A. occidentale* é uma espécie diploide, sendo encontradas células diplóides e haploides com número de cromossomos igual a $2n = 42$ e $n = 21$, respectivamente (Aliyu & Awopetu, 2007a).

Em análise mais detalhada, utilizando marcadores moleculares, foi construído o mapa genético da espécie. O mapa masculino demonstrou a existência de 23 grupos de ligação, representando 64 % do genoma total e o feminino com 19 grupos cobrindo 68 % do genoma. A homologia entre os dois mapas foi estabelecida entre 13 grupos de ligação.

Quanto à variabilidade genética, foi descrito na maioria dos trabalhos que a espécie possui alta variabilidade genética, esta observação foi feita tanto em trabalhos realizados com características morfológicas, quanto para dados moleculares.

Um estudo avaliando oito características da castanha em três populações com ampla variabilidade genética, Faluyi (1987) encontraram alta variação nas características. O mesmo foi observado para análises de variáveis morfológicas e dados moleculares, realizadas em acessos do banco de germoplasma de Pacajus e em uma população espontânea do ecótipo do Nordeste (Pessoni, 2007).

Para os acessos do Banco de germoplasma da Nigéria as análises demonstraram grande variação entre os acessos, formando vários grupos distintos para

análise multivariada com dados moleculares e morfológicos. A diferenciação foi relacionada à origem dos acessos, à ampla distribuição ecogeográfica e a diferenças genéticas, sendo que os exemplares do Brasil demonstraram maior diferenciação (Aliyu & Awopetu, 2007b). As características do fruto foram os parâmetros morfológicos que mais diferenciaram os acessos. Em outro trabalho com o banco de germoplasma da Nigéria, foi identificada moderada diversidade genética ao analisar 59 acessos de três populações cultivadas (Aliyu & Awopetu, 2007c).

Foi encontrada grande variação genética em quatro populações avaliadas no Malawi, em que foram utilizados caracteres quantitativos e qualitativos (Chipojola et al., 2009). Em 49 indivíduos intimamente relacionados também do Malawi, foi encontrado alto polimorfismo quando testados marcadores microssatélites, de 65 marcadores testados 21 foram polimórficos (Croxford et al., 2006).

Contrapondo todos os resultados observados, uma análise com 91 indivíduos de quatro populações de acessos da Índia, utilizando marcadores de Polimorfismo de Comprimento de Fragmento Amplificado (AFLP) e dados morfométricos, apresentou baixa diversidade genética. No entanto, este resultado relacionado ao estreito parentesco entre os indivíduos que foram introduzidos (Archak et al., 2009).

A variabilidade e a elevada heterozigose de *A. occidentale* são atribuídas, em parte, ao sistema reprodutivo, que é classificado como preferencialmente alógamo, e também ao tipo de propagação que é por meio de sementes (Araújo & Silva, 1995).

2.6.4 Germinação e conservação da semente

Com base em estudos realizados sobre a viabilidade das sementes de *A. occidentale*, foi observado que as sementes com maior densidade tiveram maior taxa de germinação, melhor crescimento da parte aérea, maior peso de massa seca e favoreceu a formação de mudas mais vigorosas, com rápido crescimento e florescimento (Barros, 2002).

De acordo com, Cavalcanti Júnior & Chaves (2001), as sementes germinam entre o 12º e 20º dia após a semeadura, as variações nesse tempo podem ter influência da umidade e temperatura, que tem valores ideais entre 30°C e 35°C. Sementes que germinam com prazo acima de 25 dias tendem a apresentar baixo vigor (Cavalcanti Júnior & Chaves,

2001). O melhor meio para a germinação das sementes de caju é o substrato composto de solos minerais e matérias orgânicas (Barros, 2002).

Existe variação do comportamento das sementes durante o armazenamento, isto ocorre pela influência de fatores que afetam sua conservação, como a temperatura, umidade relativa do ar, grau de umidade das sementes e tipo de embalagem utilizada (Carneiro & Aguiar, 1993). Para armazenamento por períodos mais longos, de seis a doze meses, é aconselhável o armazenamento em temperaturas amenas, em torno de 20°C, desta forma é possível obter uma germinação próxima a 95% (Barros, 2002). O armazenamento em condições impróprias contribui para a redução da qualidade fisiológica das sementes.

Baseado na sensibilidade das sementes ao dessecamento, Roberts (1974) as classificou como ortodoxas e recalcitrantes. As sementes ortodoxas suportam a desidratação a níveis de 2% a 5% de umidade sem qualquer dano, podendo serem armazenadas sob baixas temperaturas por períodos de 100 ou mais anos, sobrevivem de forma previsível, apresentando uma relação negativa entre o grau de umidade e a longevidade.

Todas as espécies do gênero *Anacardium* podem ser propagas sexualmente e assexuadamente, por meio de gemas e nós dos colmos, a sua utilização em programas florestais ou para pomares comerciais exige a produção contínua da muda e em grande escala de mudas. A produção de mudas em condições naturais e em viveiros tem limitações devido a germinação irregular e lenta, com isso, uma opção que esta sendo implantada é a micropropagação, tanto para o ecótipo do Nordeste quanto para o do Cerrado (Assis et al., 2012).

2.6.5 Importância Econômica

Dentre a grande diversidade do Cerrado, existem espécies frutíferas com potencial de uso em sistemas tradicionais, tais como *A. occidentale*. O pseudofruto e fruto são consumidos de diferentes formas, *in natura*, suco, doces, compotas e castanhas (fruto), com grande valor nutricional.

O caju é uma importante fonte de vitamina C, em menor quantidade de pró-vitamina A, vitamina B1, vitamina B2 e niacina (Rodriguez-Amaya, 1996). Além de fibras dietéticas, solúveis (22%) e insolúveis (78%) (Lima et al., 2014).

Foi observado alto valor energético na castanha do caju, apresentou também 18,8 % de proteínas, sendo estas formadas na grande maioria por aminoácidos essenciais e valor considerável de minerais (Freitas & Naves, 2010; Cristina et al., 2014). Também foi encontrado valor considerável de ácido ascórbico no suco do caju (Lima et al., 2014), este composto é importante para a produção e manutenção de colágeno, cicatrização, redução da susceptibilidade às infecções, na formação de ossos e dentes, absorção de ferro e prevenção do escorbuto. Compostos antioxidantes, que também auxiliam na no combate contra doenças, como ação antitumoral, também foram encontrados (Lima et al., 2014; Moo-Huchin et al., 2015).

A utilidade do caju vai além da alimentícia, ele é bastante explorado na medicina popular. O pedúnculo é considerado como anti-sifilítico, a casca do caule é usado como antidiarreico, usado por meio de infusão ou decocção. As flores são expectorantes, e usadas como infusão (Silva et al., 2001). Devido à ação anti-inflamatória de compostos encontrados na casca do caule (Olajide et al., 2013), a espécie é bastante explorada na indústria farmacêutica. Foram desenvolvidos comprimidos à base de goma produzida com polímeros extraídos da castanha do caju (Gowthamarajan et al., 2012). A goma do caju também é explorada na produção de nano estruturas, que podem ser utilizadas na área médica como em sensores eletroquímicos (Araújo et al., 2012). Além disso, a preferência desta espécie por ambientes concrecionários faz com que ela seja de potencial interesse para preservação e manejo de grandes áreas do Cerrado (Agostini-Costa et al., 2006).

2.6.6 Produção do caju

Todo cultivo do caju é feito a partir de clones do ecótipo do Nordeste, que foram obtidos por programas de melhoramento. Desde sua implantação, o cultivo está aumentando bastante, isso é devido à produção de castanha que está em constante crescimento. Em 2012 a área utilizada para plantio da espécie expandiu para 779,8 ha, com a produção chegando até 377 kg/ha no ano de 2013 (IBGE, 2013). O cultivo é realizado somente na região Nordeste, com maior concentração no estado do Ceará (IBGE, 2013). No ranque mundial, em 2012 o Vietnã liderou a produção de castanha, com participação em 28 % da produção. A Índia ficou em segundo lugar contribuindo com 20 % da produção, seguida pela Nigéria com 17%, o Brasil participou com 6 % da produção (FAO, 2012).

Devido ao seu potencial para a geração de emprego e renda em áreas com poucas alternativas economicamente viáveis, o caju foi introduzido em diversos agroecossistemas. A contínua expansão das áreas cultivadas requerem clones adaptados a novos ambientes, exigem coleção de base com alta diversidade genética, no entanto, um problema é que existem poucos clones estabelecidos e não suprem a necessidade de diversidade genética necessária (Barros et al., 2000).

A prática de cultivo para o cajueiro ecótipo do Cerrado na região Centro- Oeste não foi determinada (Agostini-Costa et al., 2006), a produção ainda é feita por extrativismo de forma exploratória nas populações em remanescentes da vegetação. A exploração é feita por pequenos produtores rurais, que utilizam da comercialização do fruto e pseudofruto, feita em beira de estrada, ou com pequenas produções de compotas, doces e pingas, para complementar a renda familiar. A produção nas populações podem variar bastante entre os anos, por exemplo, em 2010 a produção foi baixa devido a baixa precipitação pluviométrico no estágio de florescimento (Crisóstomo, 2011). Diversas questões dificultam o sucesso da fruticultura como negócio, entre elas estão em destaque o tempo para o início da produção, tempo de estabilização da produção, produtividade, qualidade do produto, porte das plantas, formato e uniformidade de copa, precocidade e resistência a doenças (Barros et al., 1999).

3 Capítulo 1: SISTEMA REPRODUTIVO, ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL E FLUXO GÊNICO CONTEMPORÂNEO EM *Anacardium occidentale* L.

RESUMO

O sistema reprodutivo tem grande influência na variabilidade genética da espécie e em como ela é distribuída em uma população. Avaliar o sistema reprodutivo juntamente com o fluxo gênico é fundamental para compreender a estrutura genética espacial intrapopulacional. O objetivo deste trabalho foi avaliar o sistema reprodutivo, o comportamento de dispersão de pólen e semente e a estrutura genética espacial em uma população de *Anacardium occidentale* L. ecótipo do Cerrado (cajuzinho-do-campo). Baseado em oito marcadores microssatélites foi observado que a espécie possui sistema reprodutivo predominantemente alógamo, a diferença da taxa de cruzamento multiloco e uniloco combinada indicou 16,4% de fecundação cruzada entre indivíduos aparentados. Com base na atribuição de paternidade e na análise Kindist foi observado fluxo gênico via pólen em maior proporção a curtas distâncias (41 m), mas podendo chegar a distâncias maiores que 130 m. A área efetiva de polinização foi de 9410 m² e o tamanho efetivo de vizinhança de 18 indivíduos. Houve paternidade múltipla em todas as matrizes, com média de 6,7 doadores por matriz. O *pool* de pólen recebido pelas matrizes teve diferença significativa ($\phi_{FT} = 0,124$). A dispersão de sementes provavelmente ocorre em distâncias maiores que da área amostrada, o que limitou a atribuições de pais dos indivíduos juvenis. Foi encontrada alta diversidade genética dentro da população, com redução dos valores dos indivíduos adultos para as sementes e aumento da endogamia. A vizinhança genética dos adultos foi grande (262 indivíduos), decorrente da fraca estruturação genética espacial.

Palavras chave: dispersão, densidade populacional, fecundação cruzada, vizinhança genética.

ABSTRACT

MATING SYSTEM, SPACE GENETIC STRUCTURE AND CONTEMPORARY GENE FLOW IN *Anacardium occidentale* L.

The mating system has great influence on genetic variability and how it is distributed in a population. Evaluates it together with gene flow are important for understanding the spatial genetic structure intrapopulation. The objective of this study was to evaluate the reproductive system, pollen and seed dispersal behavior and spatial genetic structure in a population of *Anacardium occidentale* L. ecotype from Cerrado (cajuzinho-do-campo) Based in eight microsatellite markers was observed that the species has mating system predominantly allogamous, with a difference of outcrossing rate multilocus and single locus combined positive and significant, indicating the occurrence of 16.4% of outcrossing between related individuals. Based on the allocation of paternity and KinDist analysis showed that the pollen gene flow occurred in greater proportion to short distances (41 m), but may reach distances greater than 130 m. The effective area of pollination was 9410 m² and the effective size of the neighborhood of 18 individuals. The seed dispersal probably occurs at distances greater than the sampled area, which limited the powers of parents of juvenile individuals. Found high genetic diversity within the population with reduction the values of adults for seeds and increased inbreeding. The adults showed high genetic neighborhood (262 individuals), resulting from weak spatial genetic structure.

Key words: dispersion, population density, genetic neighborhood, outcrossing.

3.1 INTRODUÇÃO

O sistema reprodutivo e o fluxo gênico são processos que têm forte influência na manutenção e distribuição da variabilidade genética dentro e entre populações (Wright, 1940; Loveless & Hamrick, 1984; Vekemans & Hardy, 2004). Estes dois processos também estão relacionados ao nível de endogamia das populações (Wang et al., 2010). Sendo assim, conhecer como estes processos ocorrem em uma espécie permite compreender como funciona a distribuição dos alelos dentro e entre populações.

Nas plantas o sistema reprodutivo é determinado por características como autocompatibilidade, forrageamento de polinizadores, aborto seletivo, fenologia de floração e densidade (Marshall & Folsom, 1991). O sistema reprodutivo pode ser

caracterizado utilizando marcadores genéticos (Ritland, 2002), desta forma são descritos com maior detalhamento os componentes de cruzamento.

Quando as características evolutivas da espécie favorecem o sistema reprodutivo preferencialmente alógamo, a espécie tem como característica manter maior variabilidade genética dentro das populações (Ritland & Jain, 1981; Ward et al., 2005).

Nas plantas o fluxo gênico é definido pela distância de dispersão de semente e pólen, que estão relacionados ao comportamento e à capacidade de movimentação dos animais polinizadores e dispersores de semente (Barrett, 2003). O fluxo gênico via pólen está estreitamente relacionado ao sistema reprodutivo da espécie (Manoel et al., 2012). Quando há redução do fluxo de pólen, decorrente da diminuição da abundância dos polinizadores, é reduzido o sucesso reprodutivo (Nason & Hamrick, 1997; Dick et al., 2003; Thomann et al., 2013). Outros fatores que influenciam o fluxo gênico são a distribuição espacial das árvores, a densidade populacional e a fenologia floral (Ghazoul, 2005; Dick et al., 2008).

A estruturação genética espacial está relacionada aos fatores ecológicos que influenciam a população e mecanismo de dispersão e pelo sistema reprodutivo (Collevatti et al., 2010). Assim como, a capacidade da colonização de nova área está relacionada aos padrões do fluxo gênico (Martins et al., 2011).

Conhecer os padrões do sistema reprodutivo e do fluxo gênico é fundamental para o desenvolvimento de estratégias de conservação mais consistentes. Conhecendo a distância de dispersão do pólen, é possível determinar a vizinhança efetiva de polinização (Austerlitz & Smouse, 2002), e, com isso, calcular o número de árvores matrizes para coleta de sementes, como parte de programas de conservação (Hamrick, 2004; Bessega et al., 2012). Com esta perspectiva, é importante conhecer como o padrão do sistema reprodutivo e do fluxo gênico de espécies com populações sob forte degradação.

A. occidentale L. ecótipo do Cerrado, popularmente conhecido como cajuzinho-do-campo, é uma espécie com distribuição contínua em uma faixa do Cerrado (Ratter et al., 2003; Gomes et al., 2011; Lemos et al., 2013), ocorre em alta densidade (Lemos et al., 2013). O sistema reprodutivo ainda não foi caracterizado com precisão (Cavalcanti et al., 2013), observações feitas em experimentos de campo demonstram que existe alogamia (ex.: Paiva et al., 1998; Freitas & Paxton, 1998; Holanda-Neto et al., 2002; Aliyu, 2008). Pode ocorrer geitonogamia na espécie, uma vez que não existe sistema de autoincompatibilidade (Faluyi, 1983; Barros, 1995), porém há maior taxa de aborto em

sementes autofecundadas (Holanda-Neto et al., 2002). A espécie é andromonóica (Rao & Hissan, 1957), com floração gradual e duradoura, podendo durar até três meses (Paiva et al., 2009). A polinização é feita comumente por abelhas, um dos principais polinizadores atualmente é a abelha introduzida *Apis mellifera* (Freitas & Paxton, 1998; Silva et al., 2001; Lorenzi et al., 2006). A dispersão de semente é realizada por morcegos (Mitchel & Mori, 1987), principalmente os da espécie *Artibeus lituratus* (Bredt et al., 2012).

Este trabalho teve como objetivo avaliar o sistema reprodutivo, a distância de dispersão de pólen e semente e a existência de estrutura genética espacial dentro de uma população de *A. occidentale*. Tendo a hipótese de trabalho que, o sistema reprodutivo é preferencialmente alógamo, a distância de dispersão de pólen ocorra entre vizinhos e as sementes são dispersas a longas distâncias, havendo então equilíbrio na distribuição espacial dos alelos dentro da população.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Área de coleta e material amostrado

Para este trabalho foi amostrada uma população da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado no estado de Goiás, mais precisamente no município de Cocalzinho. O local foi escolhido por ter alta densidade da espécie, além de ter de fácil acesso e apresentado boa frutificação no ano da coleta (em 2011). Para a amostragem, foi delimitada uma área de 11.576 m², antropizada, com fitofisionomia do cerrado sentido restrito, relevo plano com poucas ondulações e solo concrecionário. Foram amostradas todas as árvores da área, que foram classificadas como: juvenis, árvores não reprodutivas (com porte ainda pequeno e sem cicatrizes de inflorescência), totalizando 59 árvores; adultas, árvores reprodutivas sem frutificação ou que possuíam poucos frutos, total de 63 árvores, e, matrizes (árvores adultas apresentando pelo menos 16 frutos), totalizando vinte árvores. Também foram coletados, aproximadamente, 16 frutos em cada matriz, com total de 364 sementes. As árvores foram georeferenciadas, com base nas informações das coordenadas geográficas (Apêndice P) obtidas por Sistema de Posicionamento Global (GPS) e então mapeadas (Figura 3.1), com auxílio do programa ArcGis versão 9.3.

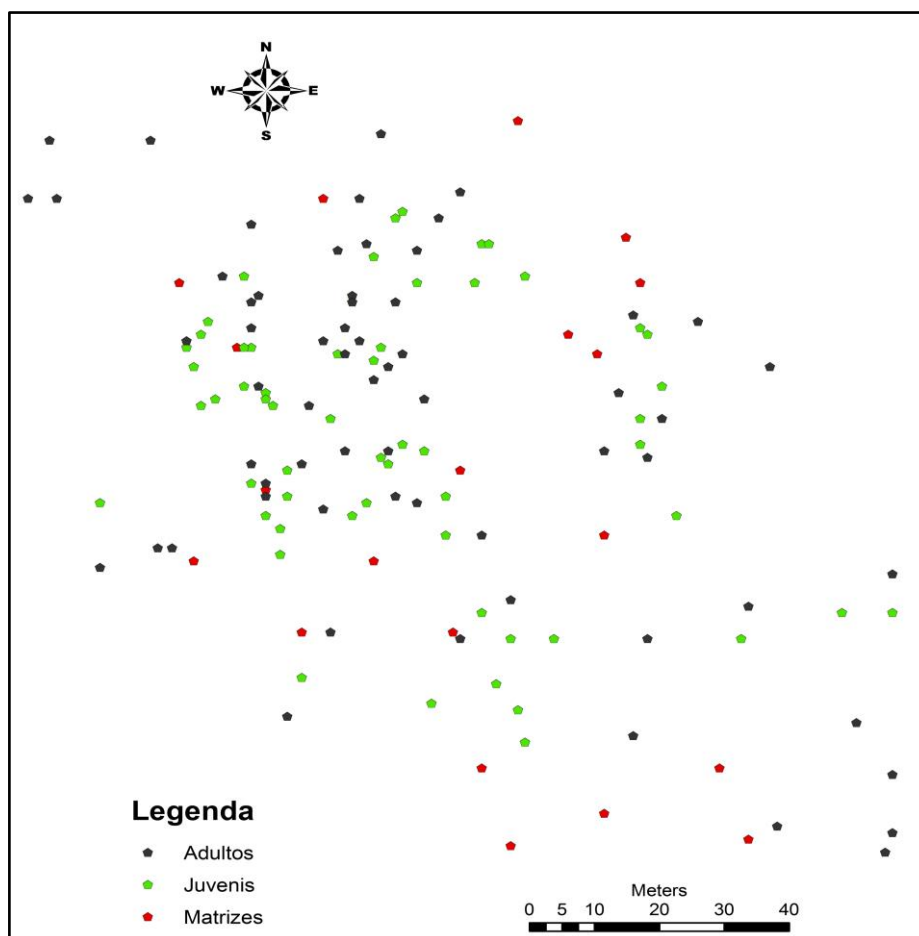


Figura 3.1 Distribuição geográfica de 142 árvores adultas e juvenis da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, em área amostrada no município de Cocalzinho de Goiás – Goiás

3.2.2 Obtenção dos dados genéticos

O DNA genômico foi obtido a partir de material foliar para as árvores e do endosperma para os frutos, conforme protocolo *Cationic Hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB), descrito por Doyle & Doyle (1987). No entanto, para obter DNA do endosperma com maior pureza, foi acrescentado uma lavagem com clorofórmio-álcool isoamílico (1:24) e uma precipitação com NaCl a 1 M.

O polimorfismo nos indivíduos foi acessado utilizando oito pares de oligonucleotídeos para locos microssatélites desenvolvidos para esta espécie (Croxford et al., 2006), sendo eles Maor3, Maor6, Maor11, Maor16, Maor17, Maor41, Maor42 e Maor52. As informações sobre sequências dos oligonucleotídeos, como motivos e temperatura de anelamento podem ser observadas no Apêndice A.

As reações em cadeia da polimerase foram feitas contendo, 15 ng de DNA genômico, 1X Tampão da enzima, 1,6 mM MgCl₂, 0,21 mM dNTPs, 0,21 µg BSA (*Bovine*

Serum Albumin), 0,26 μ M oligonucleotídeo (sense e antisense) e 1U de *Taq* DNA polimerase sob as condições de desnaturação inicial com 5 min a 94 °C, 30 ciclos com: 1 min a 94°C, 1 min com temperatura de anelamento específica de cada *oligonucleotídeo* (°C), 1 minuto a 72 °C e extensão final com 30 minutos a 72 °C. Os fragmentos foram analisados em eletroforese capilar, utilizando analisador automático ABI-3100 (*Applied Biosystems, CA*). Os alelos foram nomeados no programa GeneMapper 3.5 (*Applied Biosystems, CA*), utilizando o marcador padrão GeneScan™ 500 Rox™ Size Standard (*Applied Biosystems, CA*).

3.2.3 Caracterização da variabilidade genética

Para caracterizar a variabilidade genética existente nos locos foram estimados, o número médio de alelos por loco (A), coeficiente de endogamia (f), heterozigotidade esperada sob equilíbrio de Hardy-Weinberg (He) e heterozigotidade observada (Ho). Estes parâmetros também foram utilizados para caracterizar a variabilidade existente nas três fases de vida amostradas (adulto, juvenil e semente). Também foi estimado o coeficiente de endogamia para cada família (matriz e progênie), buscando identificar evidências de alelo nulo. Estas análises foram realizadas com o auxílio do programa FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002).

A partir das frequências alélicas foram estimados os parâmetros que determinam o poder de discriminação de indivíduos de cada loco em análise, estes parâmetros são de grande importância em estudos de parentesco e paternidade, sendo eles: a probabilidade de identidade genética (I) (Paetkau et al., 1995), que é a probabilidade de dois indivíduos amostrados ao acaso apresentarem o mesmo genótipo em um mesmo loco e a probabilidade de exclusão de paternidade (Q), que corresponde ao poder de um loco em excluir da paternidade um indivíduo aleatório que não seja o verdadeiro pai. Em seguida, foram estimados os valores combinados de cada parâmetro, utilizando o programa Identity v.1.0 (Wagner & Sefc, 1999).

3.2.4 Avaliação do sistema reprodutivo

Para avaliar o sistema reprodutivo foram estimados os parâmetros baseados nos modelos de cruzamento misto (Ritland & Jain, 1981) e cruzamentos correlacionados (Ritland, 1989), no programa MLTR (Ritland, 2002). O modelo misto segue os pressupostos que o conjunto de pólen é homogêneo para o cruzamento de todos os

genótipos maternos, a fecundidade é uniforme entre as plantas, os alelos dos diferentes locos segregam de forma independente e por fim que os locos não passaram por seleção ou tiveram mutação no período entre a fertilização e as análises.

Os parâmetros estimados foram as frequências alélicas de óvulo e pólen; o índice de fixação nas matrizes ($\hat{F}_{mat}$); a taxa populacional de cruzamento multiloco ($\hat{t}_m$); a taxa populacional de cruzamento uniloco ($\hat{t}_s$); a taxa de cruzamento entre indivíduos aparentados ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$); a correlação multiloco de paternidade ($\hat{r}_{p(m)}$) e a correlação uniloco de paternidade ($\hat{r}_{p(s)}$). O desvio padrão foi obtido com 1.000 *bootstraps* e intervalo de confiança de 95% de probabilidade. Foi estimada também a proporção média de pares de irmãos de autofecundação ($\hat{P}_{IA} = \hat{S}$), irmãos-completos ($\hat{P}_{IC} = \hat{t}_m \hat{r}_p$) e meios-irmãos ($\hat{P}_{MI} = \hat{t}_m(1 - \hat{r}_p)$).

3.2.5 Atribuição de paternidade

Foi feito teste de atribuição de paternidade para as sementes e para os juvenis amostrados. Sendo que, para as sementes buscou-se determinar os possíveis doadores de pólen, considerando que a mãe de cada semente (Matriz) é conhecida. Para os juvenis, as análises foram realizadas buscando determinar os dois parentais. As duas análises foram realizadas utilizando o método de alocação categórica (Jones & Ardren, 2003).

Este método infere a paternidade pela razão de verossimilhança (*likelihood ratio*, *LR*) entre as probabilidades das hipóteses alternativas: H1- candidato a doador de pólen ser verdadeiro e H0 - candidato a doador de pólen ser de ocorrência aleatória na população. Para cada candidato é calculada a *LR* total, estimada pela multiplicação das *LR* de cada loco, sendo assumido que os locos segregam de forma independente. O *LOD score* positivo (logaritmo da chance) do *LR* total indica que o candidato é mais provável de ser o doador de pólen verdadeiro que outro candidato selecionado aleatoriamente. Quando dois ou mais candidatos apresentaram *LOD score* positivo é utilizado a estatística Δ (delta) para determinar qual é o doador de pólen. Esta estatística consiste na diferença dos *LOD score* do doador mais provável e do segundo doador de pólen mais provável, a significância dos valores de Δ foram testada por testes de paternidade simulados, no final da simulação são gerados valores críticos de Δ . O candidato a doador de pólen com o maior *LOD score* será indicado a ser o provável pai se a diferença entre o seu *LOD score* e o do segundo candidato a doador de pólen (Δ score) for maior do que o Δ crítico.

Esta análise foi realizada utilizando duas simulações, ambas assumindo que: a proporção de árvores adultas amostradas foi 80%, a proporção de locos genotipados foi de 100% e a taxa de erro de genotipagem foi de 0,01. Na primeira simulação, a determinação do doador de pólen foi realizada com intervalo de confiança restrito de 99% e relaxado de 95%. Em seguida, a simulação foi repetida alterando os níveis de confiança para o restrito de 85% e o relaxado de 80%. As simulações foram feitas no programa CERVUS 3.0 (Kalinowski et al., 2007), utilizando 5.000 repetições.

Após o conhecimento dos doadores de pólen foi gerada a distribuição de frequência das distâncias de dispersão de pólen e comparada com a distância entre os indivíduos adultos. A diferença entre as distribuições foi feita pelo teste de Kolmogorov - Smirnov (Sokal & Rohlf, 1995), programa Systat® software, Inc. 2007.

3.2.6 Vizinhança genética

Com base no coeficiente de parentesco (F_{ij}) e na utilizando a inclinação da regressão b foi estimado o tamanho da vizinhança genética (Nb), seguindo o modelo de isolamento por distância, como proposto por Vekemans & Hardy (2004).

3.2.7 Estimativa indireta de fluxo gênico contemporâneo

A distância de dispersão de pólen foi estimada a partir dos genótipos das matrizes (mãe) e das sementes (progênie), utilizando o programa Kindist (Robledo-Arnuncio et al., 2006, 2007). O programa estima a curva de dispersão de pólen com base na medida normalizada da correlação de paternidade entre pares de matrizes. Tendo como premissa o decaimento da correlação de paternidade entre pares de matrizes com o aumento da distância geográfica (Robledo-Arnuncio et al., 2007). Embora a obtenção de uma estimativa exata da densidade efetiva de doadores de pólen seja difícil, o programa Kindist permite uma estimativa mais precisa da dispersão de pólen (Robledo-Arnuncio et al., 2006).

3.2.8 Diferenciação do conjunto de pólen recebido pelas matrizes

Para avaliar a estruturação do conjunto de pólen entre as árvores matrizes, foi estimado o parâmetro ϕ_{FT} (Austerlitz & Smouse, 2001; Smouse et al., 2001). Este parâmetro representa a diferenciação das frequências alélicas entre o conjunto de pólen recebido pelas árvores matrizes. O ϕ_{FT} permite avaliar se o conjunto de pólen recebido por

uma matriz ocorre de forma aleatória ou se existe diferenciação entre o recebimento de pólen de acordo com a localização geográfica da matriz. Este parâmetro foi obtido para o conjunto de matrizes e entre os pares, utilizado o programa TWOGENER (Austerlitz & Smouse, 2001; Smouse et al., 2001).

Para avaliar se a diferenciação do conjunto de pólen aumenta com a distância geográfica das matrizes, foi realizado teste de Mantel com base nos valores de ϕ_{FT} par a par e distância geográfica.

3.2.9 Vizinhaça genética

A área efetiva média de vizinhaça de polinização ($\hat{A}_{ep}$) foi calculada para cada árvore matriz a partir da variância da dispersão de pólen (σ^2), assumindo uma área circular central ao redor da árvore matriz. A variância de dispersão de pólen foi estimada a partir da distância entre as árvores matrizes que originaram as sementes e seus respectivos doadores de pólen alocados pela análise de paternidade. Também foi estimado o tamanho efetivo de vizinhaça (N_e), baseando na área efetiva e na densidade efetiva de indivíduos reprodutivos. Com base nesses dois parâmetros, foi feita estimativa direta do número de migrantes por geração N_{em} , de acordo com Trapnell & Hamrick (2005).

3.2.10 Estrutura genética espacial

A estruturação genética das famílias foi determinada pela estimativa da diferenciação genética utilizando o F_{ST} , de acordo com o modelo de análise de variância de frequências alélicas conforme Weir & Cockerham (1984). Para esta análise foi utilizado o programa FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002).

A estrutura genética espacial foi determinada a partir do coeficiente de parentesco de Nason F_{ij} (Loiselle et al., 1995), que corresponde à probabilidade de amostrar aleatoriamente dois alelos em dois indivíduos e eles serem idênticos por descendência. Para testar a estruturação espacial do parentesco, foi feita autocorrelação dos valores de F_{ij} em função da distância espacial entre classes de distância (em metros).

Esta análise foi realizada separadamente para os indivíduos adultos, em doze classes de distâncias, com os limites superiores de 17, 25, 32, 392, 45, 52, 59, 66, 76, 90, 106 e 174. Para os indivíduos juvenis a análise foi feita com dez classes de distâncias com os limites de 12, 21, 28, 34, 40, 47, 55, 63, 74, 112. E por fim, a análise com adultos e juvenis juntos ao longo de dez classes de distância, 16, 25, 32, 40, 47, 55, 63, 74, 92, 174.

Dessa forma foi possível fazer comparações entre os dois estágios de vida e avaliar como a distância espacial está influenciando o parentesco.

As análises foram realizadas no programa *Spatial Pattern Analysis of Genetic Diversity*, SPAGeDI 1.2, (Hardy & Vekemans, 2002). Os teste foram feitos com 10.000 permutações. Para verificar a significância do parentesco em todas as classes de distância foi estimada a regressão do intervalo de confiança dos valores de F_{ij} , usando *jackknife*, entre os locos. A intensidade da estrutura espacial foi quantificada pelo parâmetro genético $\hat{S}_p$, estimado com base no coeficiente médio de parentesco entre os indivíduos da primeira classe de distância e a inclinação da regressão (Vekemans & Hardy, 2004). Os correlogramas foram construídos com o auxílio do programa Systat® software, Inc. 2007. A diferença entre a distribuição espacial dos indivíduos adultos e juvenis foi testada com base nas distribuições das frequências de distância entre pares de indivíduos (entre adultos, juvenis), que foram comparadas e testadas utilizando teste de Kolmogorov – Smirnov (Sokal & Rohlf, 1995) programa Systat® software, Inc. 2007.

3.3 RESULTADOS

3.3.1 Caracterização dos locos microsatélites

Todos os locos estão em equilíbrio de ligação, eles demonstraram ser independentes quando testado o desequilíbrio de ligação ($p < 0,00075$). Apresentaram alto poder de exclusão de paternidade ($QC = 0,99855$) e baixa probabilidade de identidade ($IC=6,677e^{-009}$).

O polimorfismo foi alto, com número de alelos variando de 7 a 13 para os locos Maor41 e Maor42, respectivamente, e média igual a 10,75 (Tabela 3.1). A heterozigosidade observada foi menor que a esperada em equilíbrio de Hardy-Weinberg para a maioria dos locos, somente para o loco Maor17 o H_o foi maior (Tabela 3.1). Com isso, a endogamia também foi significativa para a maioria dos locos, exceto para os locos Maor42 e Maor17 (Tabela 3.1). Comparando os níveis de endogamia dentro de cada família (matriz e progênie) não foram encontradas evidências de alelo nulo.

Tabela 3.1 Caracterização de oito locos microssatélite utilizados em análise genética dos indivíduos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

Locos	A	Ar	He	Ho	f	Q	I
Maor11	10	9,976	0,760	0,715	0,265*	0,623648	0,063585
Maor16	11	11,000	0,537	0,474	0,271*	0,497479	0,118774
Maor3	12	12,000	0,880	0,573	0,161*	0,749496	0,028073
Maor42	13	12,897	0,800	0,693	0,024	0,681410	0,045281
Maor6	11	9,973	0,679	0,467	0,306*	0,501798	0,114347
Maor17	10	9,285	0,634	0,824	-0,244	0,295718	0,263767
Maor41	7	6,711	0,287	0,263	0,235*	0,199093	0,445487
Maor52	12	11,727	0,801	0,781	0,068*	0,660343	0,051766
Média	10,75	10,448	0,679	0,598	0,127	QC=0,99855	IC=6,677e ⁻⁰⁰⁹

*valor de p significativo ($p \leq 0,0063$). A número de alelos, Ar riqueza alélica, He heterozigosidade esperada sob equilíbrio de Hardy-Weinberg, Ho heterozigosidade observada, f coeficiente de endogamia, Q probabilidade de exclusão de paternidade e I probabilidade de identidade.

3.3.2 Variabilidade genética da população

Para as três fases de vida analisadas foram encontrados níveis semelhantes de alelos e diversidade genética. O nível mais alto de diversidade genética foi observado nos indivíduos adultos com valor igual a 0,692 (Tabela 3.2). A heterozigosidade observada também teve maior nível nos indivíduos adulto e mais baixo nas sementes, que também apresentaram endogamia significativa (Tabela 3.2). Os valores de diversidade genética encontrado para os adultos e juvenis tiveram diferença significativa ($p = 0,031$). Já a diversidade genética das sementes não foi significativamente diferente dos valores encontrados para os adultos e para os juvenis, com valores de p iguais a 0,303 e 0,279, respectivamente. A endogamia e a heterozigosidade observada encontradas para as sementes apresentaram diferença significativa em relação aos valores encontrados para os juvenis ($p = 0,009$ e $p = 0,006$, respectivamente) e adultos ($p = 0,019$ e $p = 0,019$, respectivamente). A endogamia e a heterozigosidade observada dos adultos e juvenis não apresentaram diferença significativa ($p = 0,259$ e 0,664, respectivamente). A diversidade genética das matrizes foi semelhante à das progênies (sementes), com valor igual a 0,662, no entanto, a heterozigosidade observada foi maior, com valor igual a 0,721 e a endogamia não foi significativa (Tabela 3.2).

Tabela 3.2 Variabilidade genética para indivíduos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado em três fases de vida

Fases	<i>N</i>	<i>A</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>f</i>
Adulto e Matriz	81	70	0,692	0,671	0,030
Matriz	20	52	0,662	0,727	-0,098
Juvenil	56	61	0,639	0,659	-0,032
Semente	369	78	0,664	0,554	0,166*

*valor de *p* significativo ($p \leq 0,0021$). *A* número de alelos, *He* diversidade genética (Nei, 1978), *Ho* heterozigosidade observada, *f* coeficiente de endogamia.

3.3.3 Sistema reprodutivo

Foram encontradas taxas altas de cruzamento multiloco ($\hat{t}_m = 0,945$, DP = 0,024) e uniloco ($\hat{t}_s = 0,781$, DP = 0,045) para o conjunto de famílias (matrizes e sementes), sendo que todos os valores foram significativos (Tabela 3.3). A estimativa da diferença entre a taxa de cruzamento multiloco e uniloco combinada para todas as famílias também foi positiva e significativa (Tabela 3.3), indicando a ocorrência de 16,4% ($\hat{t}_m - \hat{t}_s = 0,164$, DP = 0,028) de cruzamento entre indivíduos aparentados. A correlação de autofecundação foi positiva e significativa ($r_s = 0,246$, DP = 0,238), explicando a variação na taxa de cruzamento entre as matrizes (Tabela 3.3). De acordo com a correlação de paternidade ($r_{p(m)} = 0,206$), pode-se concluir que 20,6 % dos cruzamentos são biparentais, com base nesta estimativa é possível determinar que o número efetivo de doadores de pólen em cada matriz é de 4,85 (Tabela 3.3). Foi observada também que existe maior proporção de meios irmãos (75 %), quando comparado às proporções de irmãos germanos (19,4 %) e de autofecundação (0,055 %).

Tabela 3.3 Padrão do sistema reprodutivo e endogamia em uma população de *A. occidentale* no Cerrado brasileiro

Parâmetros	Valores
Número total de matrizes	20
Número total de sementes	364
Endogamia nos parentais	0,190 (0,027)
Endogamia nas sementes	0,166
Taxa de cruzamento multiloco ($\hat{t}_m$)	0,945 (0,024)
Taxa de cruzamento uniloco ($\hat{t}_s$)	0,781 (0,045)
Taxa de cruzamento entre parentes ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$)	0,164 (0,028)
Correlação de autofecundação (r_s)	0,246 (0,238)
Correlação multiloco de paternidade ($r_{p(m)}$)	0,206 (0,049)
Cruzamento envolvendo árvores polinizadoras parentes ($r_{p(s)} - r_{p(m)}$)	0,032 (0,047)
Número médio de árvores doadores ($N_{ep} = 1/r_{p(m)}$)	4,854
Proporção de irmãos-germanos ($PIC = r_{p(m)}t_m$)	0,194
Proporção de meios-irmãos ($P_{MI} = t_m(1-r_{p(m)})$)	0,750
Proporção de irmãos de autofecundação ($P_{IA} = 1-t_m$)	0,055

Para a maior parte das famílias foram encontrados valores baixos de cruzamento entre indivíduos aparentados ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$). Apenas para as famílias das matrizes 12 e 13 foram encontrados valores mais altos, iguais a 0,529 e 0,540, respectivamente (Tabela 3.4).

Tabela 3.4 Caracterização do sistema reprodutivo para vinte famílias de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

Família	N	$\hat{t}_m$	$\hat{t}_s$	$\hat{t}_m - \hat{t}_s$
Matriz 1	21	0,950	0,813	0,137
Matriz 2	18	1,0	0,832	0,393
Matriz 3	21	0,950	0,777	0,484
Matriz 4	19	1,0	1,008	0,192
Matriz 5	17	1,0	0,959	0,241
Matriz 6	21	1,0	0,876	0,324
Matriz 7	20	0,904	0,732	0,173
Matriz 8	20	1,0	0,818	0,382
Matriz 9	21	1,0	0,888	0,312
Matriz 10	20	0,800	0,523	0,277
Matriz 11	19	0,531	0,200	0,330
Matriz 12	21	0,858	0,330	0,529
Matriz 13	20	1,0	0,660	0,540
Matriz 14	20	0,950	0,868	0,082
Matriz 15	21	0,879	0,859	0,02
Matriz 16	18	1,0	0,981	0,219
Matriz 17	19	0,953	0,884	0,069
Matriz 18	19	0,954	0,912	0,041
Matriz 19	12	1,0	0,807	0,393
Matriz 20	17	1,0	0,832	0,368

N número de indivíduos em cada família, $\hat{t}_m$ taxa de cruzamento muliloco, $\hat{t}_s$ taxa de cruzamento uniloco e $\hat{t}_m - \hat{t}_s$ diferença entre a taxa de cruzamento multiloco e uniloco

3.3.4 Atribuição de Paternidade para as sementes e distância de dispersão de pólen

Baseado na análise de probabilidade de paternidade categórica foi possível determinar os prováveis doadores de pólen para 176 sementes (49 %), do total de 364 sementes. Destas atribuições 125 foram obtidas com Δ score superior ao Δ crítico de 1,22 no nível de 85 % de probabilidade, mais 51 candidatos foram atribuídos com Δ score superior ao delta crítico de 0,69 com 80 % de probabilidade.

Pela distância entre os pais atribuídos e as matrizes foi estimada a distância de dispersão de pólen, que variou entre 0 e 134 metros (Figura 3.2 e Apêndice O), com média igual a 56,5 metros. A proporção de autofecundações (distância 0) foi igual a 17 % e ocorreram em sete árvores matrizes, sendo elas Matrizes 7, 8, 10, 11, 12, 13, 14. A maior proporção de dispersões de pólen ocorreu entre 50 – 95 metros (42,04 %), as dispersões entre 1 – 45 metros ocorreu em 25,5 % e acima de 100 metros para 14,2 % (Figura 3.2).

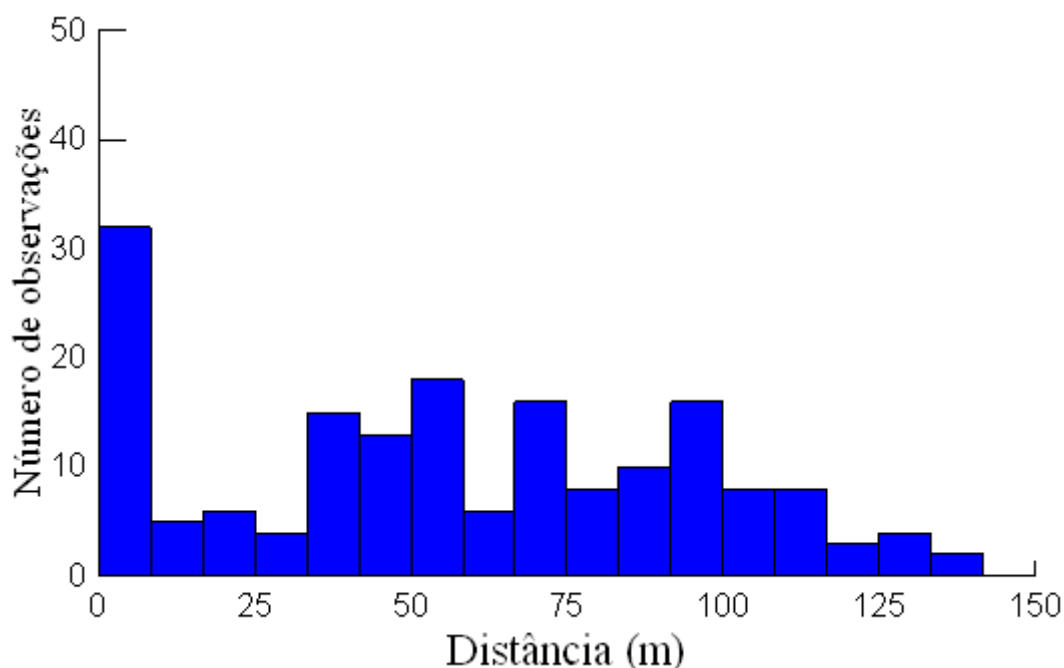


Figura 3.2 Distribuição de frequência das distâncias de dispersão de pólen em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

A distribuição das frequências das distâncias de dispersão de pólen foi significativamente diferente da distribuição dos indivíduos adultos na população, com teste Kolmogorov – Smirnov = 0,176 e valor de $p < 0,001$. A diferença entre frequências das distâncias dos vizinhos mais próximos e distância de dispersão de pólen também foi significativa, teste Kolmogorov – Smirnov = 0,746 valor de $p < 0,001$.

Dos 81 indivíduos adultos, 56 participaram da fecundação das 176 sementes, sendo que 4 indivíduos contribuíram em maior proporção, sendo eles as Matrizes 11 e 12 e os Adultos 1 e 60 (Apêndice O). Houve múltipla paternidade em todas as famílias (Tabela 3.5), com grande variação no número efetivo de polinizadores de pólen entre as matrizes. O indivíduo Adulto 60 teve a maior proporção de pólen doados (Figura 3.3 e Apêndice O), fecundando 19 sementes. Este indivíduo também teve os pólen dispersados em maior distância, com 134,08 m (Figura 3.4). A contribuição dos prováveis pais para o *pool* de pólen de cada matriz foi de aproximadamente um pólen por matriz (1,43 pólen/matriz, DP $\pm 0,54$). A grande contribuição da matriz 11 na fecundidade é devido à alta ocorrência de autofecundação, com 84,61 % (Tabela 3.5).

A Matriz 9 recebeu pólen do maior número de doadores, com um total de 13 doadores (Tabela 3.5), sendo que a maior parte destes doadores estão em distância mais longas, quando comparado a distância dos doadores das outras matrizes (Figura 3.5).

Tabela 3.5 Número efetivo de doadores de pólen (N_p) para vinte árvores matriz de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado e número de autofecundações

Matriz	Número de sementes	N_p	Número de autofecundações
Matriz 1	7	5	2
Matriz 2	10	8	-
Matriz 3	10	8	3
Matriz 4	10	10	-
Matriz 5	3	3	1
Matriz 6	12	11	-
Matriz 7	9	7	-
Matriz 8	9	8	-
Matriz 9	13	13	-
Matriz 10	8	4	3
Matriz 11	14	5	9
Matriz 12	13	5	7
Matriz 13	6	4	1
Matriz 14	8	8	1
Matriz 15	10	9	-
Matriz 16	4	2	-
Matriz 17	8	4	-
Matriz 18	10	9	-
Matriz 19	6	6	-
Matriz 20	6	5	2
Média	8,8±2,94	6,7±2,79	1,45±2,40

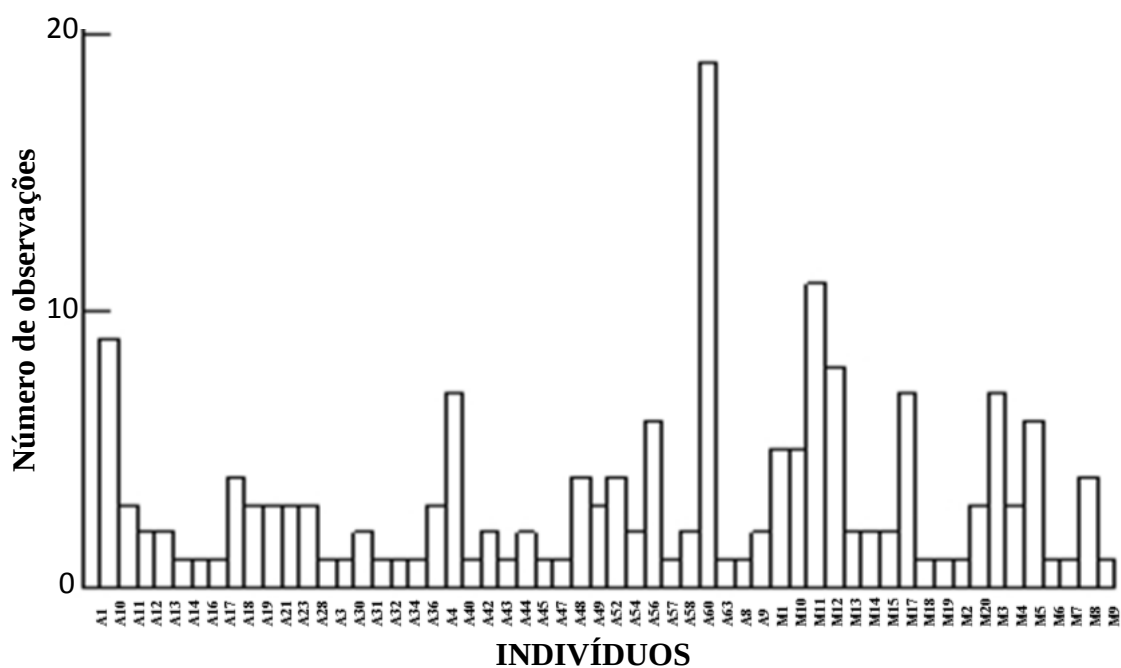


Figura 3.3 Números de paternidades atribuídas aos indivíduos adultos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, no município de Cocalzinho – Goiás

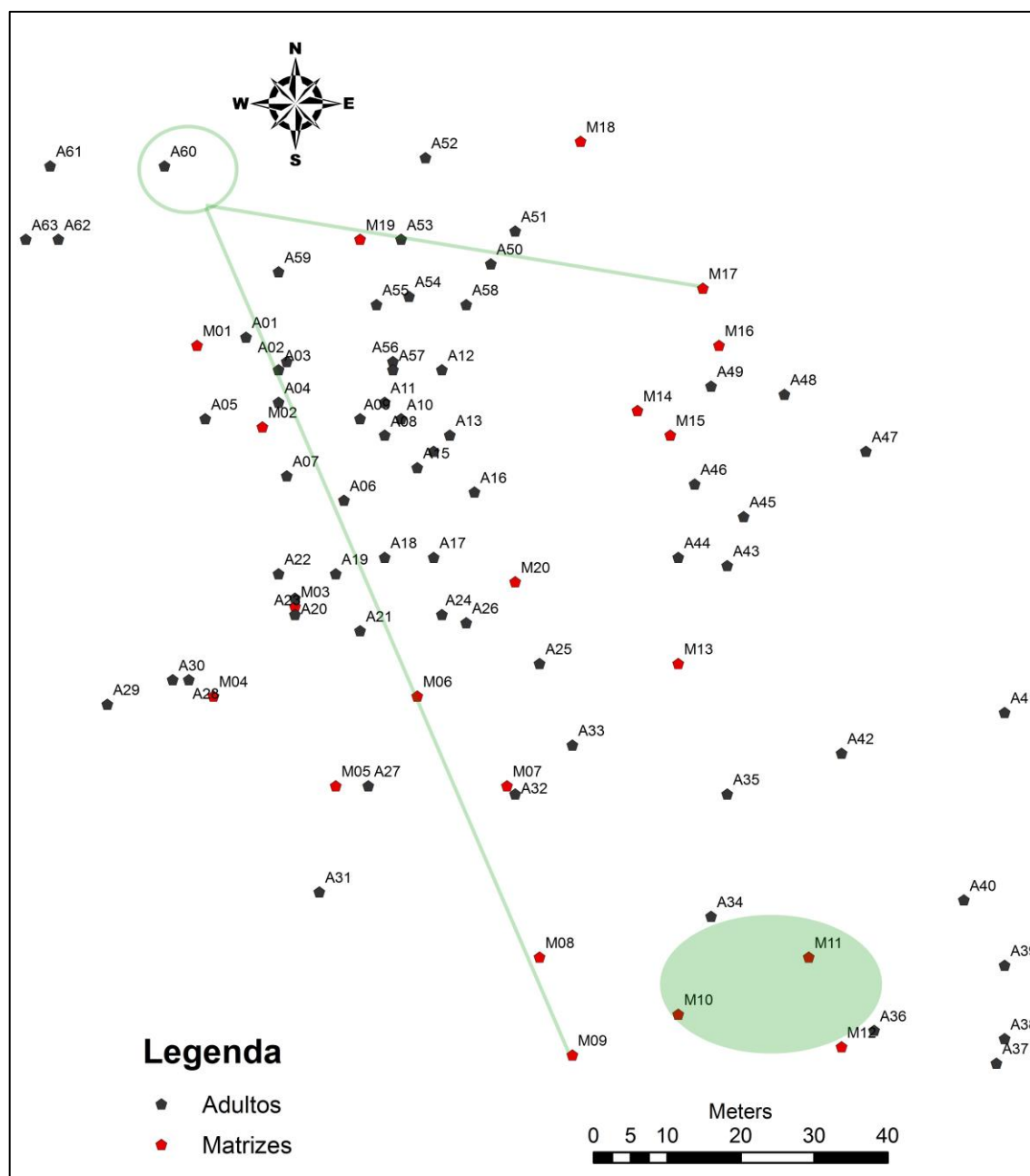


Figura 3.4 Distância de dispersão de pólen em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, destacando a árvore que teve maior contribuição na doação de pólen (A 60) e, no círculo, as árvores matriz que tiveram maior percentual de autofecundações (M10 e M 11). As linhas indicam a distância entre A 60 e a árvore mais distante que recebeu seu pólen (M9), com 133 metros, e a árvore M17 que recebeu a maior quantidade de pólen fecundados

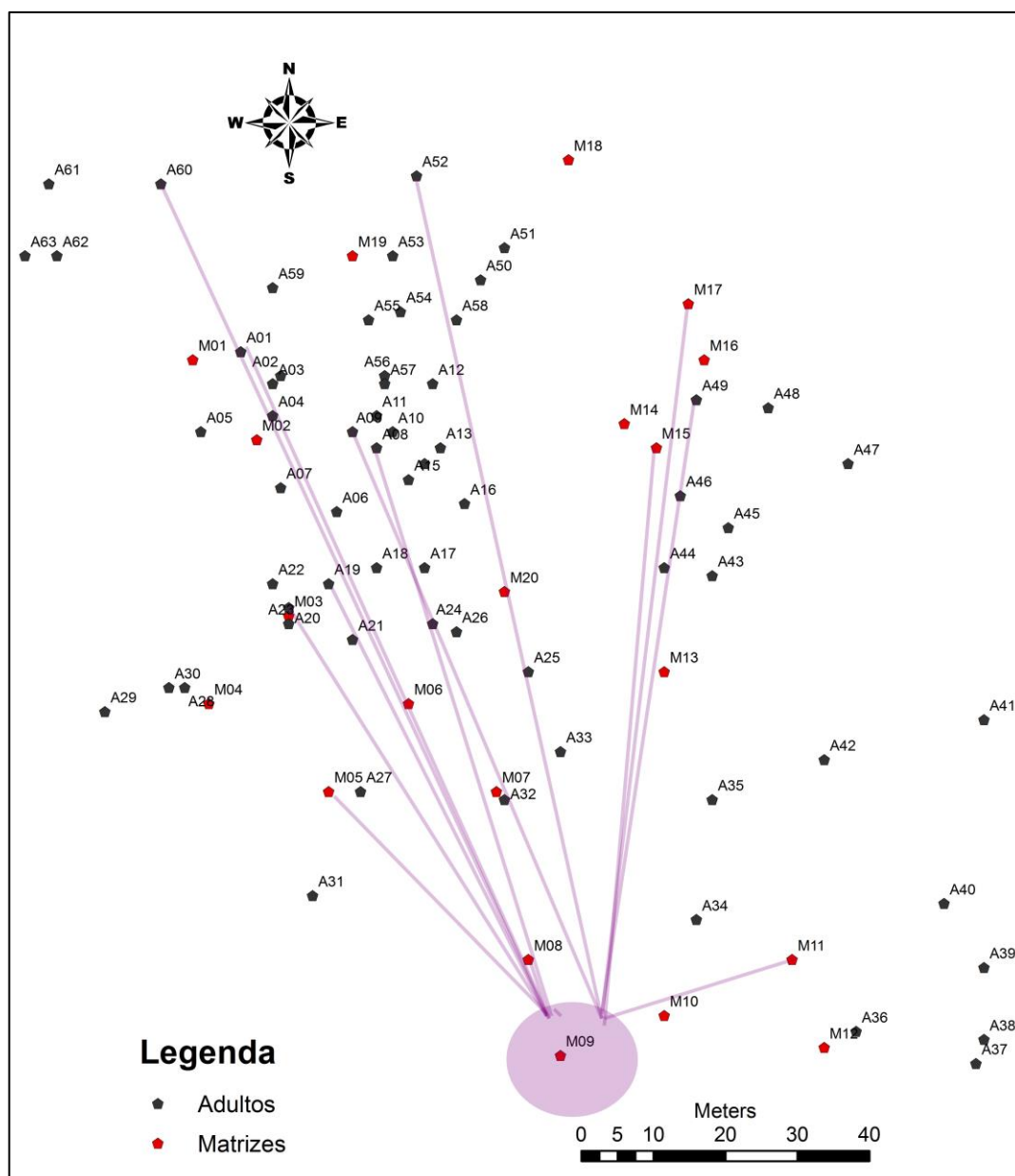


Figura 3.5 Árvores que contribuíram para o *pool* de pólen recebido por uma árvore matriz (M09) em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, evidenciando a distância que ocorreu o fluxo de pólen. As linhas demonstram a distância geográfica entre os doadores e a matriz

3.3.5 Distância de dispersão de pólen

Pela análise Kindist foi identificado que a distância de dispersão de pólen, com base na correlação de paternidade e distância espacial, ocorre com valor aproximado em 40 metros (Figura 3.6).

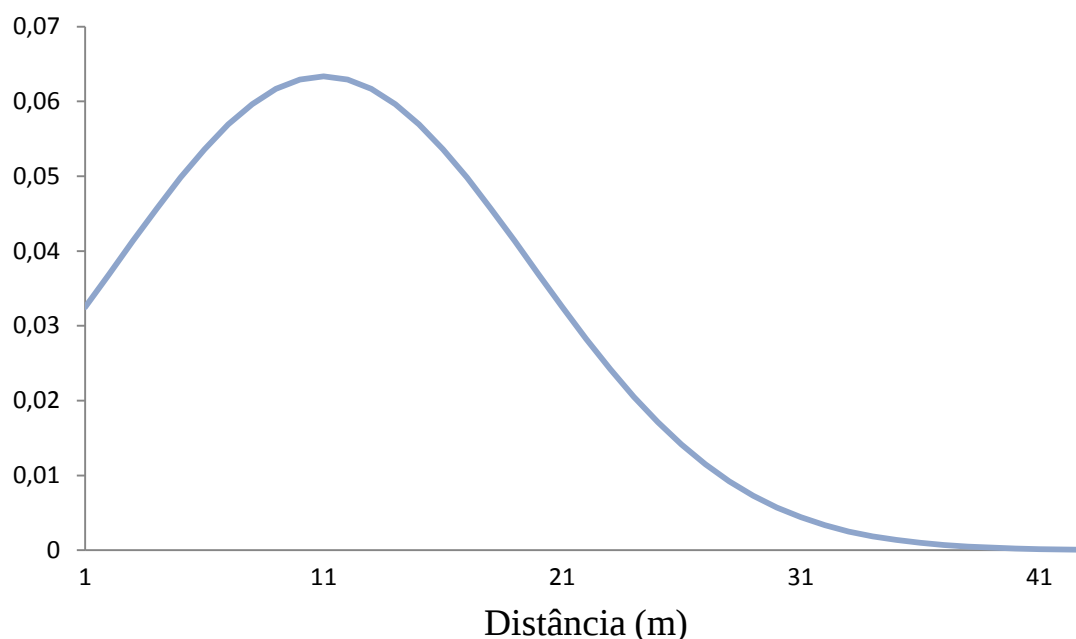


Figura 3.6 Distância de dispersão de pólen em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

3.3.6 Diferenciação genética entre *pool* de pólen recebido pelas matrizes

Foi observado que existe diferenciação genética entre o *pool* de pólen recebido pelas matrizes, com ϕ_{FT} total igual a 0,124. No entanto, esta diferenciação não está relacionada com a distância espacial ($r = 0,101$, $p = 0,112$).

3.3.7 Área efetiva de polinização e tamanho efetivo de vizinhança

Com base na distância de dispersão de pólen foi encontrada área efetiva de polinização (A_e), com valor igual a 9410 m². O tamanho efetivo de vizinhança genética (N_e) foi igual a 18 indivíduos. Considerando esses valores, o número de migrantes por geração ($N_e m$) foi estimado em 4,61.

3.3.8 Atribuição de Paternidade para juvenis e dispersão de semente

Para os juvenis foi possível atribuir os dois parentais (genitores masculino e feminino) para 5 % dos indivíduos, totalizando 3 indivíduos do total de 56. A atribuição foi estabelecida para o indivíduo juvenil 48 com Δ score superior ao Δ crítico de 3,17 no nível de 85 % de probabilidade, para os indivíduos juvenil 5 e 56 o Δ score superior ao delta crítico de 2,62 com 80 % de probabilidade. A distância média de dispersão das sementes

foi de 66,33 metros, variando entre 27,08 - 106,77 metros (Tabela 3.6), sendo que a distância mais longa foi entre o adulto 60 e juvenil 48 (Figura 3.7).

Tabela 3.6 Distância de dispersão de semente em uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

Juvenis	Parental 1	Distância de dispersão (m)	Parental 2	Distância de dispersão (m)	Média
Juvenil 5	Adulto 17	27,08	Matriz 13	61,72	44,4
Juvenil 48	Adulto 39	61,07	Adulto 60	106,77	83,92
Juvenil 56	Matriz 6	52,32	Matriz 8	89,40	70,86
Total	-	-	-	-	66,39

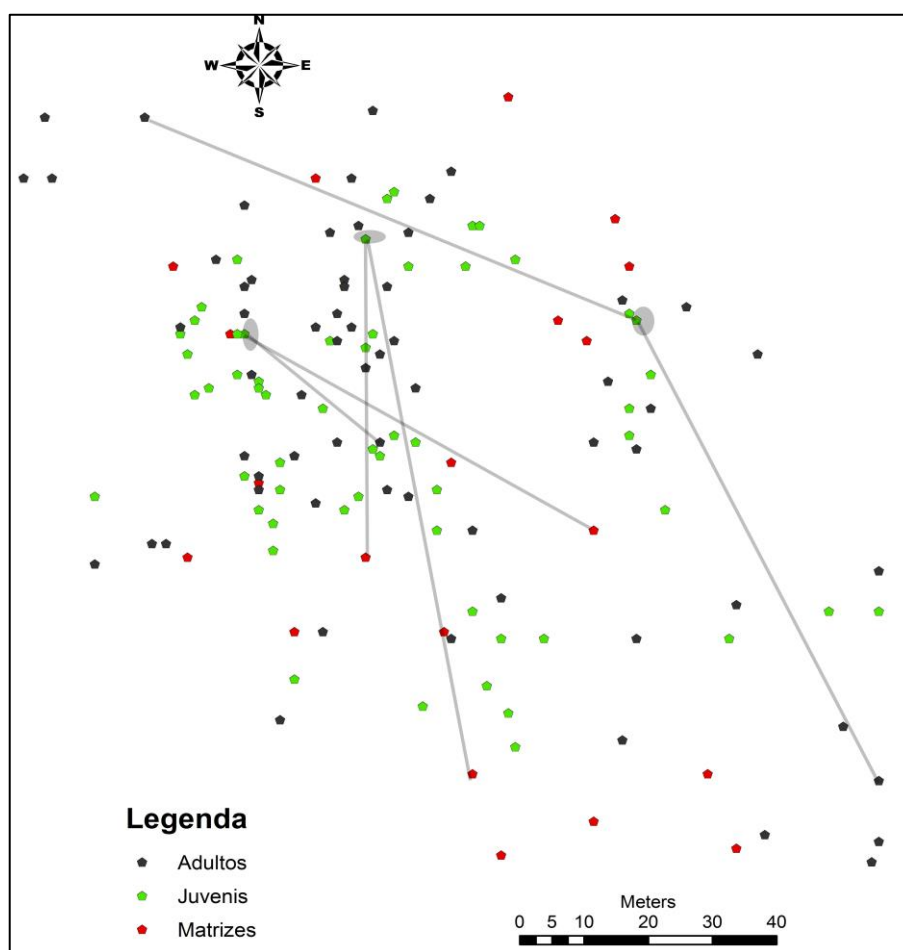


Figura 3.7 Atribuição dos parentais para três indivíduos juvenis de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, evidenciando a distância de dispersão das sementes, com base na localização dos parentais. As linhas indicam a distância dos juvenis de seus prováveis pais

3.3.9 Estrutura genética espacial

Foi encontrada estruturação genética significativa entre as famílias, o F_{ST} teve valor igual a 0,198 ($p < 0,001$). Houve correlação significativa entre parentesco (F_{ij}) e distância espacial para os indivíduos adultos em duas classes de distância, para as classes de distância 2 (25,4 metros) e 5 (45,6 metros) o parentesco foi negativo (Figura 3.8). Porém, o coeficiente de determinação foi baixo ($R^2 = 0,0005$), e, além disso, a força da estruturação espacial foi negativa ($S_p = -0,00381$) (Tabela 3.7). Para os juvenis e para o conjunto de juvenis e adultos, a autocorrelação espacial não foi significativa (Tabela 3.6 e Figuras 3.9 e 3.10). As diferenças das distâncias par a par entre os indivíduos juvenis foram significativamente diferentes das distâncias dos adultos (Kolmogorov – Smirnov = 0,171, $p < 0,001$), a média de distância entre juvenis foi de 4,24 metros e para os adultos foi de 5,64 metros.

O tamanho da vizinhança genética e distância de dispersão não puderam ser estimados para os juvenis e para o conjunto dos adultos e juvenis devido à falta de estrutura genética espacial significativa. Entretanto, para os adultos que tiveram estruturação significativa, o tamanho da vizinhança genética foi de 262 indivíduos (Tabela 3.7).

Tabela 3.7 Estruturação genética espacial de indivíduos adultos e juvenis em uma população de *A. occidentale* ecótipo do cerrado

Fase de vida	N	$b \pm SE$	R^2	F_{ij}	S_p	Nb
Juvenil	56	$-0,0003^{ns} \pm 0,0039$	0,5338	0,0096	-	-
Adulto	81	$0,00381^* \pm 0,0025$	0,0005	-0,00013	-0,00381	262,33
Adulto e Juvenil	137	$0,00033^{ns} \pm 0,0014$	0,4340	0,0046	-	-

*não significativo. N número de indivíduos, b inclinação da regressão, R^2 coeficiente de determinação, F_{ij} parentesco da primeira classe de distância, S_p força da estruturação espacial e Nb vizinhança genética

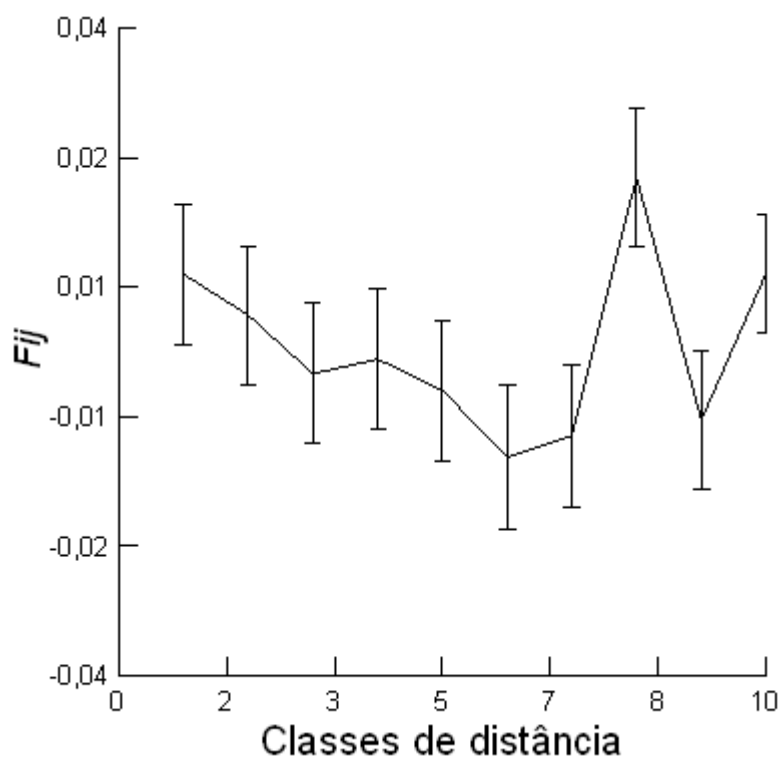


Figura 3.8 Relação entre parentesco (F_{ij}) e distância geográfica para 56 indivíduos juvenis de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, ao longo de 10 classes de distância (metros). As barras verticais indicam o erro padrão

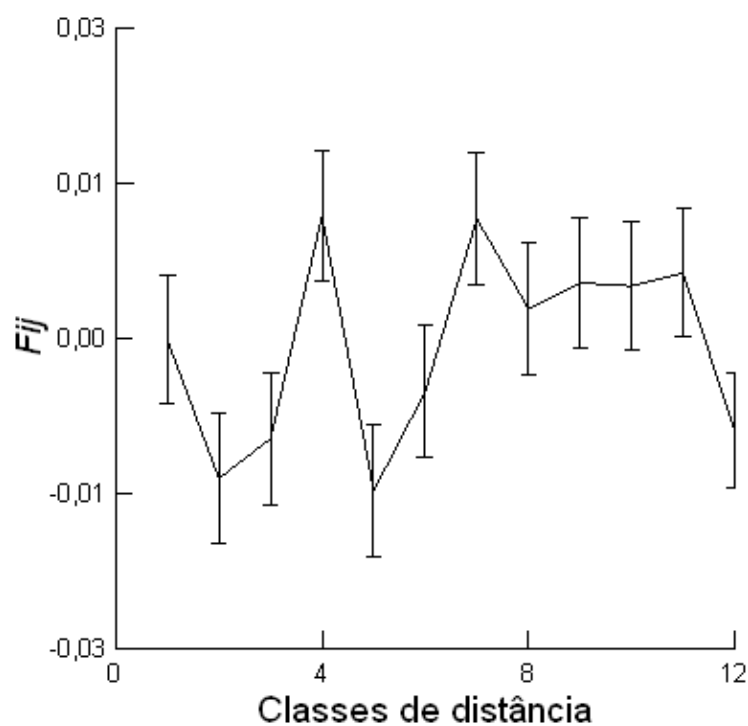


Figura 3.9 Relação entre parentesco (F_{ij}) e distância geográfica para 81 indivíduos adultos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, ao longo de doze classes de distância (metros). As barras verticais indicam o erro padrão

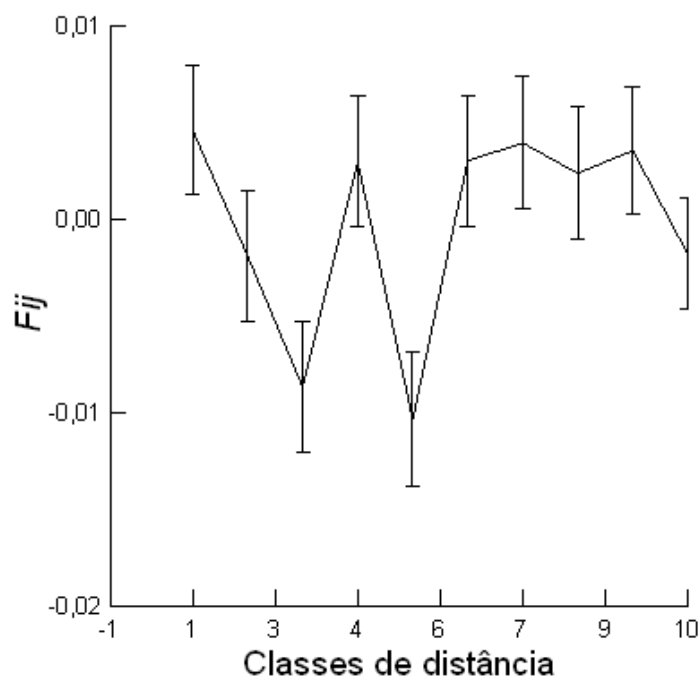


Figura 3.10 Relação entre parentesco (F_{ij}) e distância geográfica, ao longo de 10 classes de distância (metros), para 137 indivíduos adultos e juvenis de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. As barras verticais indicam o erro padrão

3.4 DISCUSSÃO

3.4.1 Caracterização dos locos microsatélite

O conjunto de loco analisados demonstrou alto nível de polimorfismo, como o esperado para locos microsatélites (Goldstein & Schlotterer, 1999). O polimorfismo encontrado neste trabalho, com média igual a 10,75, foi maior que o encontrado para *Anacardium humile* em trabalhos que utilizaram os mesmos marcadores moleculares, com valores iguais a 5,08 alelos/loco (Soares et al., 2013) e 5,4 alelos/loco (Cota et al., 2012). Apesar de considerado alto, o polimorfismo de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado apresentou valor menor que de algumas espécies do Cerrado, como exemplo, *Caryocar brasiliense* com média de 18,2 alelos/loco (Collevatti et al., 2010b) e *Tabebuia aurea* com 36 alelos/loco (Braga & Collevatti, 2011).

O conjunto de locos demonstrou ser ideal para as análises realizadas neste trabalho, o alto polimorfismo juntamente com a baixa probabilidade de identidade e o alto poder de exclusão de paternidade, permitem caracterizar de forma eficiente a variabilidade genética existente na população, assim como, identificar com maior precisão os parentais.

3.4.2 Sistema reprodutivo

O sistema reprodutivo das plantas é uma característica biológica importante por ser um fator determinante para a diversidade genética, estrutura populacional e potencial evolutivo das populações de plantas. O método utilizado para caracterizar o sistema reprodutivo a partir de marcadores genéticos (Ritland, 2002), descreve com maior detalhamento os componentes de cruzamento, levando em consideração os eventos de autopolinização e migração.

Com base nos valores de endogamia biparental ($\hat{t}_m - \hat{t}_s$) observados em todas as famílias avaliadas neste trabalho, sugere-se que a reprodução na população ocorre predominantemente por fecundação cruzada, como proposto por Lee (2000) e Ritland (2002). Baseando nos resultados encontrados neste trabalho e nas informações contidas na literatura (Barros, 1995; Crisóstomo et al., 1995; Aliyu & Awopetu, 2007; Aliyu, 2008), é possível sugerir que *A. occidentale* possui sistema reprodutivo predominantemente alógamo. Este resultado ajuda a explicar o nível alto de variabilidade genética encontrada na população, uma vez que, a variabilidade está intimamente relacionada ao sistema de cruzamento (Ward et al., 2005).

Como a espécie é hermafrodita e autocompatível, seria esperado encontrar alta taxa de autofecundações. No entanto, a proporção de autofecundação foi baixa, indicando que a maior parte dos cruzamentos ocorre por fecundação cruzada. Sendo assim, provavelmente a endogamia é devido ao cruzamento entre indivíduos aparentados. Este resultado está relacionado à morfologia floral, em que os estigmas das flores hermafroditas são maiores que os estames, impossibilitando autofecundações na mesma flor (Paiva et al., 2009). Além disso, foi observado que somente os pólenes de estames maiores são viáveis (Freitas & Paxton, 1996), contribuindo também para a fecundação cruzada. Outro fator que deve ser levado em conta é a maior taxa de aborto das sementes provenientes de autofecundação (Holanda-Neto et al., 2002). A taxa de cruzamento biparental, estimada pela correlação de paternidade foi baixa, sugerindo que o número de polinizadores não é restrito.

Em espécies de planta hermafrodita, como o caju, a taxa de fecundação cruzada é bastante variável, causada principalmente pela autoincompatibilidade. Pelo fato de não existir autoincompatibilidade em *A. occidentale*, a variação da taxa de fecundação cruzada foi pequena, ocorrendo provavelmente devido a outros fatores, como por exemplo

aborto seletivo de sementes endogâmicas, protoginia e protandria ou mesmo pelo comportamento do polinizador (Murawski & Hamrick, 1991).

3.4.3 Variabilidade genética

A população apresentou alta variabilidade genética, este resultado é consequência da alta taxa de fecundação cruzada. A variabilidade foi congruente com os níveis encontrados em outros estudos realizados para a espécie, tendo como base acessos de bancos de germoplasma (Archak et al., 2009; Pessoni, 2007). Houve diferença significativa entre os níveis de heterozigosidade e endogamia entre as três fases de vida. Uma hipótese para explicar os baixos níveis de heterozigosidade e endogamia significativa para as sementes é a redução do fluxo gênico entre populações, como consequência da fragmentação do habitat (Aguilar et al., 2008; Lowe et al., 2005). Em outras espécies do Cerrado também foi relatado a influência da fragmentação e perturbações antropogênicas no aumento da endogamia nas populações (ex.: Collevatti et al., 2001; Moreira et al., 2009; Braga & Collevatti, 2011).

3.4.4 Fluxo gênico via pólen e semente

Com base na atribuição de paternidade, foi observado que para a grande maioria das matrizes houve paternidade múltipla, com número efetivo de doadores de aproximadamente sete indivíduos por matriz. Este resultado explica o alto percentual de meios irmãos (75 %) entre as sementes e indica que o fluxo gênico dentro da população está ocorrendo de forma intensa, provavelmente devido a abundância dos polinizadores. A abundância de polinizadores é um fator importante para a população, pois garante o sucesso reprodutivo, contribuindo para a persistência da população a longo prazo. Estudos demonstram que algumas populações de plantas estão tendo perdas genéticas ocasionadas pela redução do número de polinizadores, esta redução é atribuída às perturbações que ocorreram no habitat (Thomann et al., 2013).

O número de atribuições de pais para as sementes foi baixo, provavelmente existem indivíduos em torno da população que contribuíram com o *pool* de pólen e não foram amostrados. Isso pode ter ocorrido pelo fato da espécie apresentar distribuição contínua, tornando difícil amostrar todos os possíveis pais. Além disso, apesar da polinização por abelha ocorrer principalmente entre árvores vizinhas, elas podem realizar voos a longas distâncias, com isso, alguns pais podem não ter sido amostrados. Outro fator

que deve ser levado em conta, é que a probabilidade de exclusão de paternidade dos locos ($Q = 0,99855$), apesar de apresentar valor alto (Moreira et al., 2009), foi abaixo do valor considerado ótimo para as análises de paternidade, desta forma, o conjunto de loco utilizado pode não ter sido suficiente para discriminar todos os pais candidatos.

O número efetivo de doadores de pólen apresentou variação entre as matrizes, sendo que a matriz 9 recebeu o maior número de doadores. Esta matriz também recebeu pólen proveniente das dispersões mais longas que foram encontradas na população, uma hipótese que pode explicar isso é que os pólen das árvores mais próximas não foram viáveis ou receberam poucas visitas dos polinizadores. O fato das matrizes 10 e 11, que estão próximas à matriz 9, terem a maior parte das sementes provenientes de autofecundações sustentam essa hipótese.

Apesar de grande parte das dispersões terem ocorrido em distâncias menores, muitas matrizes receberam pólen de árvores mais distantes, com distância de até 134 metros, que é a maior distância possível na área amostrada. Os pólen da árvore adulta 60 foram os que percorreram maior distância, este resultado pode estar relacionado ao fato desta árvore estar mais afastada em local com menor densidade de árvores. Com isso, foi visitada por maior quantidade de polinizador, por não haver competição com outras árvores. Em estudo realizado com a abelha *Apis mellifera*, atualmente o principal polinizador do caju, foi observada alta capacidade de voo, sendo que os mais longos ocorreram em paisagens menos densas para buscar de recurso (Dick et al., 2003). Em áreas intactas ou remanescentes o forrageamento ocorre preferencialmente entre vizinhos (Dick et al., 2003; Dick et al., 2008).

Usando a análise Kindist, assumindo função de dispersão normal, foi estimada uma distância média de 40 metros para a dispersão de pólen, esta distância está relacionada não somente ao polinizador, mas também a distribuição da espécie e fenologia. Desta forma, a curta distância de dispersão é compreendida, já que as populações de caju ocorrem em alta densidade e sua floração é sincronizada e de longa duração, favorecendo as visitas em vizinhos próximos devido a alta disponibilidade de recurso. A diferenciação do pool de pólen recebido entre as matrizes (Φ_{FT}) foi significativa, de acordo com o teste de Mantel não está relacionada à distância espacial entre as matrizes. Isso indica que a distância não é um fator limitante para o fluxo gênico, sendo assim, todas as matrizes tem probabilidade de receber pólen de um mesmo doador.

Para os indivíduos juvenis foi atribuído os parentais somente para três indivíduos. Esta é uma atribuição mais difícil, por estar buscando atribuição para o par de parentais, com isso, caso um dos pais não estiver entre os indivíduos analisados a atribuição não é feita. Sendo assim pode-se concluir que por diferentes motivos, pelo menos um dos pais dos juvenis não foram amostrados. Podendo ter ocorrido por um dos parentais ter morrido ou por estar fora da área amostrada, ou ainda por falha na atribuição de paternidade.

Baseado nos três pares de parentais encontrados, foi observado que as sementes não germinam perto de sua matriz, isso pode ser atribuído ao fato dos frutos serem dispersos por morcegos *Artibeus lituratus*, que têm a capacidade de voo a longas distâncias, podendo chegar a quilômetros (Menezes Jr. et al., 2008; McCulloch et al., 2013). As longas distâncias de voo desta espécie de morcegos pode ser mais uma evidência de que os pais dos juvenis não estão dentro da área amostrada.

3.4.5 Estrutura genética espacial

Em um levantamento de espécies Neotropicais, foi observado que muitas apresentam estruturação genética espacial (Bittencourt & Sebbenn, 2007, 2008; Born et al., 2008; Braga & Collevatti, 2011; Collevatti et al., 2010b, 2014; Gaino et al., 2010; Martins et al., 2006; Moreira et al., 2009; Sebbenn et al., 2011). No entanto, não são raros estudos em que não houve estruturação espacial (Doligez & Joly, 1997; Epperson & Alvarez-Buylla, 1997; Gonçalves et al., 2010). No presente trabalho, embora tenha ocorrido correlação significativa entre parentesco e duas classes de distância para os indivíduos adultos a estruturação foi fraca, indicando que a dispersão de semente e pólen é espacialmente ampla, com grande número de indivíduos que reproduzem ao acaso.

A existência de autocorrelação espacial pouco intensa é plausível para espécies que apresentam dispersão de semente a longa distância. De acordo com Kalisz et al. (2001), quando a dispersão do pólen é localizada, mas a semente é dispersa a longa distância, espera-se que não exista estruturação genética espacial.

3.5 CONCLUSÕES

Com os resultados obtidos neste trabalho pode ser concluído que

Os locos analisado apresentam alto polimorfismo e são adequados para análise de parentesco e fluxo gênico.

A. occidentale ecótipo do Cerrado possui sistema reprodutivo preferencialmente alógamo, com baixa taxa de autofecundação.

A população possui alta variabilidade genética.

O fluxo gênico via pólen ocorre preferencialmente entre vizinhos, mas com frequente dispersão a distâncias maiores. Havendo paternidade múltipla em cada árvore.

Provavelmente a distância de dispersão de semente ocorre a longas distâncias, devido a isso não foi possível encontrar os pais para a maior parte dos juvenis.

Existe diferenciação entre o *pool* de pólen recebido pelas matrizes, no entanto não esta estruturado no espaço, assim como o parentesco dos indivíduos não está estruturado espacialmente.

4 **CAPÍTULO 2: DIVERSIDADE E ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES ESPONTÂNEAS E NA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE *Anacardium occidentale* L. ECÓTIPO DO CERRADO**

RESUMO

Anacardium occidentale L., é uma espécie polimórfica constituída por dois ecótipos, um de zonas de restinga do Nordeste e um do Cerrado. No Cerrado a espécie é conhecida popularmente como cajuzinho-do-campo, é bastante explorada na região pelo sabor agradável de seu fruto e pseudofruto. Devido à constante degradação do bioma, a permanência das populações pode estar comprometida. Diante disso, foi realizada a caracterização da variabilidade e estruturação genética de vinte populações do Cerrado e da Coleção de Germoplasma da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (EA-UFG) de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, visando gerar informações úteis para implementar programas de conservação *in situ* e *ex situ*. Com base em doze marcadores microsatélite foi observado, que as populações possuem alta variabilidade genética e endogamia significativa. A distribuição geográfica da diversidade genética e riqueza alélica apresentou padrão central – periférico. A diferenciação genética foi fraca e significativa ($R_{ST} = 0,095$), em decorrência do isolamento por distância. As populações com distância de até 140 m são mais semelhantes que o esperado ao acaso. Não houve sinais significativos de gargalo genético. Os indivíduos da coleção de germoplasma apresentaram alta similaridade genética, a diferenciação genética foi maior entre as progênes do que entre as populações ($\theta_S = 184$ e $\theta_P = 0,014$, respectivamente). A variabilidade da coleção é representativa quanto à variabilidades existente nas populações espontâneas.

Palavras chave: conservação, diversidade genética, distribuição espacial, fluxo gênico.

ABSTRACT

DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE OF SPONTANEOUS POPULATIONS AND GERMPLASM COLLECTION OF *Anacardium occidentale* L. ECOTYPE FROM CERRADO

Anacardium occidentale L., is a polymorphic species consists of two ecotypes, a of restinga areas of the Northeast and the Cerrado. In the Cerrado is popularly known as cajuzinho-do-campo, it is quite explored in the region by the pleasant taste of its fruit and pseudofruit. With the constant degradation of the biome, the persitência of long-term populations may be compromised. Therefore, the characterization of variability and genetic structure of twenty populations Cerrado and Germplasm Collection at the School of Agronomy of the Federal University of Goiás (UFG-EA), was carried out to produce useful information to implement conservation programs *in situ* and *ex situ*. Based on twelve microsatellite markers, we observed that the populations have high genetic variability and significant inbreeding. The geographical distribution of genetic diversity and allelic richness showed pattern central - peripheral. Genetic differentiation was weak and significant ($R_{ST} = 0.095$), according to the isolation for distance. Populations with distance of up to 140 m are more similar than expected by chance. There was no significant signs of genetic bottleneck. Individuals in the germplasm collection showed high genetic similarity, genetic differentiation was higher among offspring than between populations ($\theta_S = 184$ and $\theta_P = 0.014$, respectively). The variability of the collection is representative as the variability of spontaneous populations.

Key words: conservation, genetic diversity, spatial distribution, gene flow.

4.1 INTRODUÇÃO

A variabilidade genética de uma espécie e a forma como ela está estruturada dentro e entre as populações está fortemente relacionada à vários fatores, como ao sistema reprodutivo e aos processos microevolutivos, tais como: fluxo gênico, deriva genética, mutação e seleção natural (Wright, 1951), podendo gerr grande diferenciação entre as populações. No entanto, estes processos microevolutivos são fortemente influenciados pelo

tamanho das populações, pelos aspectos demográficos e pela distribuição espacial das populações.

A distribuição espacial da espécie é determinada pelo seu modo de dispersão (Travis et al., 2010), o qual é considerado o principal fator determinante na colonização e na estrutura genética em larga escala (Fayard et al., 2009). Além da dispersão, as mudanças climáticas ocorridas no passado, também podem influenciar a estruturação das populações atuais e o nível de diversidade genética (Chung et al., 2013). Um exemplo do efeito da mudança climática na estruturação genética é o das oscilações glacial e interglacial no Quaternário, em que geraram alterações no deslocamento e expansão das espécies de plantas, devido a isso determinaram a atual distribuição da variabilidade genética (Willis & Niklas, 2004).

As diferenças ecológicas existentes na área de distribuição de uma espécie entre regiões centrais e periféricas podem traçar um padrão de distribuição das características genéticas (Gaston, 2003; Sagarin et al., 2006), seguindo o modelo evolutivo central – periférico (Sexton et al., 2009; Paul et al., 2011), apesar de que em algumas espécies esse padrão não é observado (Lira-Noriega & Manthey, 2013). Com base nesta teoria, foi proposto que o centro de origem de uma espécie é a região de elevada riqueza e diversidade genética (Harris et al., 2002; Barnett et al., 2006).

A redução do tamanho populacional pode causar perda da variabilidade genética devido a ação da deriva genética e diminuir o valor adaptativo da população (Nei, 1978; Young et al., 1996; Frankham, 1996; Piry et al., 1998; Lowe et al., 2005). Manter a variabilidade genética é de grande importância para as espécies, pois proporciona às populações um alto potencial adaptativo e evolutivo para contrapor os efeitos gerados pelas variações ambientais aleatórias (Geburek & Konrad, 2008). Conhecer o padrão de distribuição da variação genética, assim como, detectar precocemente a redução do tamanho efetivo populacional é fundamental para a execução eficiente de ações voltadas para conservação.

Os estudos voltados para a conservação é de particular importância para as espécies do Cerrado, que é um bioma considerado um dos *hotspot* da biodiversidade. No entanto, este bioma passa por constante degradação. Uma abordagem promissora para lidar com este desafio é manter a diversidade genética conservada *ex situ*, por meio de coleções de germoplasma (Frankham, 2010; Guarino et al., 2010). Este método é complementar à

conservação *in situ*, que devem ser aplicados em paralelo para que espécies selvagens continuem a evoluir na natureza (Jarvis et al., 2008).

Além da conservação, o material genético contido na coleção facilita pesquisas, melhoramento e a reintrodução nos casos de erosão genética (Linington & Pritchard, 2001). Ampliando o conhecimento do valor sócio-econômico das populações e seu potencial para o melhoramento, é possível atender a necessidade em aumentar o rendimento e implantar novas opções de plantas para cultivo devido ao crescente aumento da população mundial (Babben et al., 2014). Neste sentido, é imprescindível a caracterização da variabilidade genética e o padrão de estruturação de populações das espécies do Cerrado, as quais têm grande potencial econômico e estão sob pressão de ações antropogênicas.

Anacardium occidentale L., é uma espécie típica do Centro-Oeste e Nordeste do Brasil (Mitchell & Mori, 1987). O ecótipo do Cerrado (cajuzinho-do-campo) tem distribuição restrita e contínua, ocorrendo nas fitofisionomias cerrado sentido restrito, cerradão e campo sujo, (Naves, 1999; Ratter et al., 2003; Gomes et al., 2011; Lemos et al., 2013), ocorre em alta densidade nas populações (Lemos et al., 2013). Possui sistema reprodutivo predominantemente alógamo (Freitas & Paxton, 1998), sem sistema de autoincompatibilidade (Barros, 1995). A polinizadora é feita principalmente por abelhas (Mitchell & Mori, 1987), sendo abelhas nativas e a espécie introduzida *Apis mellifera* (Paulino, 1992; Freitas & Paxton, 1998; Lorenzi et al., 2006;). A dispersão de semente é realizada por morcegos principalmente da espécie *Artibeus lituratus* e pelo homem desde o pré-colombiano (Freitas & Paxton, 1998; Mitchel & Mori, 1987).

Devido ao sabor agradável, *A. occidentale* ecótipo do Cerrado é bastante apreciado na região e explorada por extrativismo para a comercialização (Agostini-Costa et al., 2006). Visando explorar melhor o potencial da espécie e a conservação *ex situ*, foi instalada a coleção de germoplasma de cajuzinho-do-campo, visando inicialmente avaliar a taxa de germinação de sementes e o desenvolvimento inicial das plantas em campo (Borges et al., 2013).

Este trabalho teve como finalidade conhecer a variabilidade genética e seu padrão de estruturação entre populações espontâneas no Cerrado e progênies que compõem uma coleção de germoplasma da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. Diante do padrão de distribuição da espécie e os potenciais níveis de fluxo gênico. O trabalho foi conduzido sob a hipótese de que houve alto fluxo gênico histórico gerando fraca

estruturação genética populacional, decorrente do isolamento por distância. Para atingir o objetivo foram utilizados doze locos microssatélites para avaliar: 1) magnitude da variabilidade genética das populações espontâneas e das progênies da coleção de germoplasma, 2) distribuição da variação genética entre e dentro das populações e entre as progênies da Coleção de germoplasma, 3) Fluxo gênico histórico, 4) sinais de gargalo genético e 4) existência de isolamento por distância.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Áreas amostradas

Para o desenvolvimento do trabalho foram amostradas 583 árvores provenientes de 20 populações da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado (Apêndice B). Em cada população foram amostrados, de forma aleatória, aproximadamente 28 exemplares. Também foram amostradas 182 progênies (cada uma compostas por três indivíduos), com total de 537 indivíduos provenientes de 25 populações também do Cerrado, que compõem a Coleção de Germoplasma (Apêndice C). As posições geográficas das populações foram atribuída a partir das coordenadas geográficas obtidas pelo Sistema de Posicionamento Global – GPS, possibilitando a construção do mapa dos pontos de coleta com o auxílio do programa Arc-GIS versão 7.5 (Figura 4.1).

4.2.1 Amostragem genética

O DNA nuclear foi obtido a partir do tecido das folhas, utilizando o protocolo de *Cationic hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*, CTAB, (Doyle & Doyle 1987). As informações genéticas dos indivíduos foram obtidas com base em doze marcadores microssatélites (Croxford et al., 2006). Para a obtenção dos dados, os oligonucleotídeos sense de cada marcador foram marcados com fluorescência *HEX*, *NED* ou *6-FAM* (*Applied Biosystems*, CA) (Apêndice A).

As reações em cadeia da polimerase (PCR) foram realizadas com volume de 15µL contendo, 15 ng de DNA genômico, 1X Tampão da enzima, 1,6 mM MgCl₂, 0,21 mM dNTPs, 0,21 µg BSA (*Bovine Serum Albumin*), 0,26 µM *oligonucleotídeo* (sense e antisense) e 1U de *Taq* DNA polimerase. As amplificações das PCR foram feitas com, desnaturação inicial de 5 min a 94 °C, amplificação em 30 ciclos (1 min a 94°C, 1 min com temperatura específica de anelamento do *oligonucleotídeo* em °C, e 1 minuto a 72 °C,

para cada ciclo) e uma extensão final de 30 minutos a 72 °C. Os fragmentos amplificados foram analisados em eletroforese capilar utilizando analisador automático ABI-3100 (*Applied Biosystems*). Os alelos foram nomeados com o auxílio do programa GeneMapper 3.5 (*Applied Biosystems*), utilizando o marcador padrão GeneScan™ 500 Rox™ Size Standard (*Applied Biosystems*).

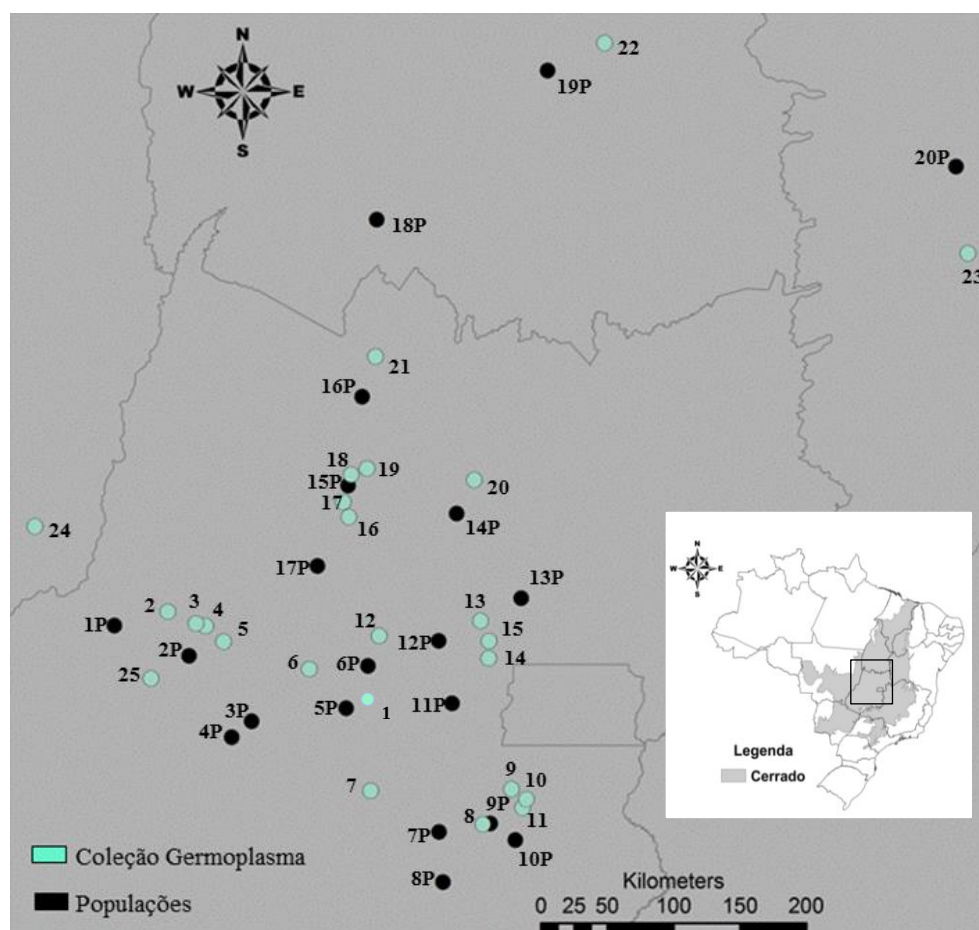


Figura 4.1 Pontos de coleta da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado para análise de diversidade e estruturação genética. Sendo as populações espontâneas: 1P-MAT; 2P-FAI; 3P-CAL; 4P-BSA; 5P-JAR; 6P-GOI; 7P-LBU; 8P-SIL₃; 9P-SIL₁; 10P-SIL₂; 11P-COA; 12P-VPR; 13P-MIM; 14P-NIQ; 15P-AHO; 16P-MUT; 17P-ITP; 18P-SRO; 19P-ALV; 20P-BAR. Coleção de Germoplasma: 1-JAR; 2-MAT₁; 3-MAT; 4-FAI; 5-CAX; 6-CAL; 7-GIN; 8-VNP; 9-SIL_Q; 10-SIL_c; 11-ORZ; 12-GOI; 13-VPR; 14-COA; 15-PBE; 16-ITP; 17-PIL; 18-STZ; 19-AHO; 20-MAR; 21-MUT; 22-SRO; 23-BAR; 24-ARU; 25-BSA

4.2.2 Estimativa da variabilidade genética

Para o conjunto dos locos foram estimadas as frequências dos alelos e foi testado o desequilíbrio de ligação (LD) entre os pares de locos, para tanto foram utilizadas 10.000 randomizações utilizando o programa FSTAT 2.9.3 (Goudet, 2002).

O polimorfismo foi analisado com base nas estimativas do número médio de alelos por loco (A) e da riqueza alélica (Ar), ambos estimados para cada população. A riqueza alélica foi obtida pelo método de rarefação adaptado para estudos de genética populacional, permitindo comparar o número de alelos entre amostras de diferentes tamanhos (Mousadik & Petit, 1996). A diversidade genética (He) foi estimada com base na heterozigosidade média da população sob o equilíbrio de Hardy-Weinberg, como descrito por Nei (1978). A heterozigosidade observada (Ho) e o coeficiente de endogamia (f) foram estimados para testar o desvio das populações em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Todos estes parâmetros também foram estimados com o auxílio do programa FSTAT 2.9.3 (Goudet, 2002).

As distribuições geográficas das estimativas de Ar , He e f , das vinte populações, foram avaliadas pela correlação de Pearson (r), realizando testes entre estas variáveis genéticas e variáveis geográficas como, latitude, longitude e distância do centro de distribuição do ecótipo. Os testes foram realizados no programa SAM v. 4.0 (Rangel et al., 2010).

4.4.2 Estrutura genética populacional

A estruturação genética das populações foi determinada pela estimativa da diferenciação genética utilizando as estatísticas F (F_{ST} , F_{IS} e F_{IT}), a partir do modelo de análise de variância de frequências alélicas, de acordo com Weir & Cockerham (1984). Os valores de F_{ST} foram estimados para o conjunto de populações e entre os pares de populações. Para a coleção de germoplasma este parâmetro foi estimado entre as progênies e entre as populações. Para tanto, foi utilizado o programa *Genetic Data Analysis* (GDA) v. 1.0 (Lewis & Zaykin, 2001).

Pelo fato das estimativas serem feitas com base em locos microssatélites, a diferenciação genética entre as populações também foi estimada pelo R_{ST} , estatística análoga ao F_{ST} baseada no modelo de mutação *stepwise* (Slatkin, 1995), uma vez que as mutações destes locos podem contribuir significativamente para a diferenciação das populações. Todas estas estimativas foram realizadas com o auxílio do programa FSTAT, a significância estatística dos testes foram obtidas a partir de 10.000 randomizações utilizando a correção de Bonferroni (Goudet, 2002). A significância da hipótese do valor encontrado para o F_{ST} geral ser igual ao valor do R_{ST} foi testada por permutação, utilizando

o programa SPAGeDI 1.2 (*Spatial Pattern Analysis of Genetic Diversity*) (Hardy & Vekemans, 2002).

Uma abordagem Bayesiana foi utilizada para identificação de grupos genéticos para o conjunto de indivíduos das vinte populações. Neste método todos os indivíduos são classificados em k grupos com base em seus genótipos, sem a prévia informação da população. Para cada K foi definido um *burn-in* de 100.000 e 1.000.000 iterações para MCMC (Markov chain Monte Carlo) por corrida, para cada valor de K foram realizadas 10 corridas independentes. A análise foi realizada testando $k = 1$ a $k = 15$, para tanto foi utilizado algoritmo de agrupamento implementado no programa *Structure* (Pritchard et al., 2000).

O valor de k que melhor representou o agrupamento dos indivíduos foi definido pelo patamar da distribuição de probabilidade à posteriori, utilizando o método de DeltaK (Evanno et al., 2005) no programa *Structure Harvester* v. 0.6.93 (Earl & Vonholdt, 2011). Para fazer a média das réplicas das matrizes de coancestria, que foram geradas para um conjunto de dados, foi utilizado o programa CLUMPP v. 1.1.2. (Jakobsson & Rosenberg, 2007). Neste programa é gerada por permutação uma matriz com maior correspondência possível com as réplicas. A construção do gráfico para visualização do agrupamento dos indivíduos foi feita pelo programa *Distruct* (Rosenberg, 2003).

Para as progênies da coleção de germoplasma a diferenciação genética entre as populações foi avaliada pela distância genética de Nei (1978), que foi utilizada para a construção de um dendrograma. Esta análise foi realizada no pacote de programa R, utilizando o pacote *ade4* (Jombart, 2011).

A estimativa do número médio de migrantes por geração (Nm) foi feita utilizando o método indireto de estimativa da taxa de fluxo gênico entre populações, baseado no F_{ST} (Wright, 1951; Slatkin, 1987; Sork et al., 1999). O método considera o modelo de fluxo gênico em ilhas e equilíbrio entre migração e deriva, assumindo que todas as populações possuem a mesma taxa de fluxo gênico.

4.2.3 Padrão espacial da estrutura genética

Para avaliar se a diferenciação genética das populações segue o padrão de isolamento por distância, foi realizada correlação linear (r de Pearson) entre as matrizes de distância geográfica (logaritmo natural) e distância genética (F_{ST} par a par linearizado) utilizando o teste de Mantel, o teste foi feito no programa SAM v. 4.0 (Rangel et al., 2010).

No SAM também foi feito teste de Mantel multivariado e construído um correlograma, buscando explicar os efeitos da escala de distância geográfica na estruturação genética. A significância estatística das correlações foi estabelecida utilizando 10.000 permutações.

Também foi testada a autocorrelação espacial entre as frequências alélicas, utilizando estimador índice I de Moran. Este teste possui máximos para autocorrelações iguais a ± 1 , sendo interpretado da mesma forma que o teste de Mantel. Foi construído correlograma para as correlações das frequências alélicas em sete classes de distância (em Km), com os seguintes limites superiores, 112, 167, 232, 345 e 707. Esta análise foi realizada no programa Spagedi 1.2 (*Spatial Pattern Analysis of Genetic Diversity*) (Hardy & Vekemans, 2002), com significância do teste realizada por permutações. O correlograma foi construído no programa Systat® software, Inc. 2007.

4.2.4 Detecção de sinais de gargalo genético

Foi avaliada a existência de sinais de gargalo genético nas populações. Para análise, foram realizados testes para todas as vinte populações e para os grupos atribuídos pela estatística Bayesiana. Nestas análises foi utilizado o teste de Wilcoxon (Cornuet & Luikart, 1996), que foi escolhido por ser o teste mais indicado em análises que utilizam menos de 20 locos. O teste é realizado com base no número de heterozigotos esperado sob o equilíbrio entre mutação e deriva (Heq). A distribuição da Heq é calculada com base na simulação da coalescência de n genes sob um modelo mutacional. A Heq média então é comparada com a H_o para testar excesso ou déficit de heterozigosidade.

Pelo fato do mecanismo de mutação dos marcadores microssatélites poder seguir diferentes modelos mutacionais, os teste foi realizado de maneira independente para cada modelo. Os modelos mutacionais testados foram: Mutação de Infinitos Alelos (I.A.M.), Mutação *Stepwise* (S.M.M.) e Mutação *Two phase* (T.P.M.), com 30% para TPM e 70% para SMM. As análises foram executadas no programa BOTTLENECK 1.2.02 (Piry et al., 1998), utilizando 10.000 iterações.

4.3 RESULTADOS

4.3.1 Variabilidade genética para populações espontâneas

Os locos não apresentaram desvios do equilíbrio de ligação, demonstraram ser independentes quando testado o desequilíbrio de ligação ($p < 0,00075$). Foi observado alto

polimorfismo em todos os locos para todas as populações, com uma média de 99 alelos por população (Tabela 4.1). Os histogramas de distribuição das frequências dos alelos demonstraram padrão unimodal ou bimodal em todos os locos (Apêndice E).

A riqueza alélica (Ar) variou de 5,19 para a população SRO a 7,07 para NIQ, com média geral igual a 6,30 (Tabela 4.1). A diversidade genética (He) apresentou valor mínimo de 0,67 para SRO e máximo de 0,81 para ITP, a média geral foi igual a 0,75 (Tabela 4.1). Todas as populações apresentaram heterozigosidade observada abaixo do esperando para o equilíbrio de Hardy-Weinberg com média igual a 0,59, também apresentaram endogamia (f) significativa (Tabela 4.1).

4.3.2 Distribuição geográfica de parâmetros genéticos atribuídos para as populações espontâneas

A relação das variáveis geográficas com os parâmetros genéticos demonstraram que a diversidade genética (He) e a riqueza alélica (Ar) tiveram níveis mais altos no centro de distribuição do ecótipo, havendo correlações negativas da distância do centro de distribuição do ecótipo com estes dois parâmetros (Tabela 4.2 e Figura 4.2). As correlações com a latitude e longitude não foram significativas, no entanto, houve uma tendência das populações localizadas mais à borda da área de estudo apresentarem valores menores de He e Ar (Apêndice K). O coeficiente de endogamia intrapopulacional (f) não apresentou nenhum padrão de distribuição geográfica, as correlações não foram significativas.

Tabela 4.1 Caracterização genética de vinte populações espontâneas de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, para doze locos microssatélites

Localidades	Código das populações	N	A	Ar	Ho	He	f*
Mimoso, GO	MIM	26	117	7,003	0,612	0,797	0,232
Barreiras, BA	BAR	32	104	6,326	0,595	0,740	0,195
Leopoldo de Bulhões, GO	LBU	23	97	6,164	0,632	0,743	0,148
Jaragua, GO	JAR	32	101	6,144	0,611	0,750	0,186
Alto Horizonte, GO	AHO	32	99	6,311	0,635	0,741	0,143
Calcilândia, GO	CAL	32	101	6,265	0,568	0,727	0,219
Vila Propício, GO	VPR	32	111	6,785	0,608	0,781	0,222
Cocalzinho, GO	COA	32	100	6,407	0,583	0,758	0,230
Faina, GO	FAI	32	99	5,879	0,533	0,705	0,243
Silvânia (Quilombo), GO	SIL ₁	32	107	6,495	0,563	0,755	0,254
Silvânia (Cruzeiro), GO	SIL ₂	32	106	6,555	0,605	0,767	0,211
Itapaci, GO	ITP	27	98	6,723	0,677	0,808	0,162
Niquelândia, GO	NIQ	32	123	7,074	0,571	0,789	0,277
Goianésia, GO	GOI	32	104	6,434	0,654	0,766	0,145
Mutunópolis, GO	MUT	24	84	6,131	0,631	0,769	0,180
Balneário St. Antônio, GO	BSA	32	94	5,832	0,554	0,717	0,227
Matrinhã, GO	MAT	32	91	5,787	0,510	0,700	0,271
Silvânia (São Mig. P. 4), GO	SIL ₃	32	109	6,611	0,552	0,760	0,273
Santa Rosa, TO	SRO	24	74	5,192	0,557	0,668	0,166
Alvorada, TO	ALV	11	67	5,807	0,617	0,756	0,183
Média		-	99	6,296	0,593	0,750	0,208

*Significativo para todas as populações, com valor de $p \leq 0,0002$. N - tamanho amostral; A - número de alelos; Ar - riqueza alélica; Ho - heterozigosidade observada; He - diversidade genética; f - coeficiente de endogamia

Tabela 4.2 Correlações lineares, com r de Pearson, entre parâmetros genéticos (He, Ar e f) de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado com a Latitude, a Longitude e a distância do centro de distribuição do ecótipo

Parâmetro	Correlação de Pearson (r)		
	Latitude	Longitude	Distância do centro de distribuição do ecótipo
Ar	-0,400	0,245	-0,720*
He	-0,242	0,185	-0,694*
f	-0,333	-0,099	-0,137

*Valor de $p = 0,05$. Ar - riqueza alélica; He - diversidade genética; f - coeficiente de endogamia

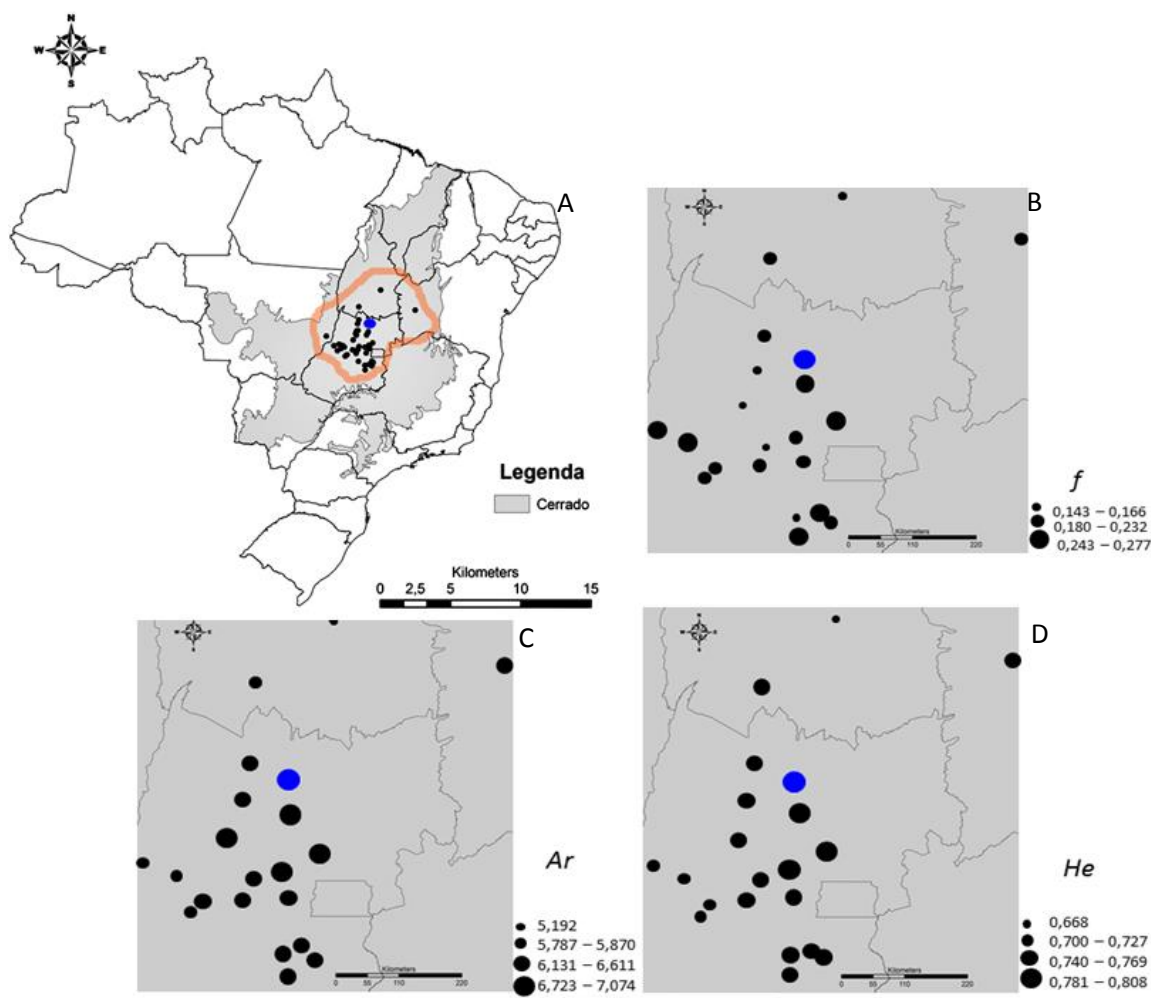


Figura 4.2 Padrão de distribuição geográfica dos parâmetros genéticos, He , Ar e f , estimados em vinte populações espontâneas de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. A- Mapa com delimitação da distribuição do ecótipo do Cerrado (em laranja) e seu ponto central em azul; B- coeficiente de endogamia; C- riqueza alélica e D- diversidade genética de Nei

4.3.3 Estrutura genética para as populações espontâneas

Foram encontrados valores altos e significativos para a endogamia dentro das populações, com F_{IS} igual a 0,210 ($p < 0,001$). A endogamia total também foi significativa com F_{IT} igual a 0,266 ($p < 0,001$), indicando que também ocorreu cruzamento não aleatório entre as populações.

A diferenciação genética entre as populações foi significativa, com valor de F_{ST} igual a 0,070 ($p < 0,001$) e de R_{ST} igual a 0,095 ($p = 0,003$), estes valores indicam que a variabilidade genética está fracamente estruturada entre as populações. Todas as populações tiveram fluxo gênico histórico considerável (Apêndice J), com média igual a $Nm = 3,3$, valor suficiente para equilibrar os efeitos da deriva genética.

A diferença entre os valores de R_{ST} e F_{ST} foi significativa ($p = 0,023$), os locos Maor11, Maor6 e Maor41 foram significativos para R_{ST} (Apêndice S). O teste unilateral indicou que o valor de R_{ST} é maior que o F_{ST} , sugerindo que além da deriva genética a mutação dos locos microssatélites também é uma força evolutiva importante para moldar a estrutura genética nas populações de *A. occidentale*.

Com base na inferência Bayesiana, o método Evanno et al. (2005) indicou $K=3$ como sendo o número ideal de grupos que representam a diferenciação genética das populações (Figura 4.3 e Apêndice F). Porém, para obter resultados que discriminem melhor a estruturação genética existente, foi utilizado o segundo maior valor de ΔK ($k = 5$) (Figura 3B; Apêndice M). Com cinco grupos foi possível identificar a diferenciação existente entre as populações ALV e SRO, que estão mais afastadas geograficamente, para as demais populações. Esta diferenciação é esperada quando a diferenciação segue o padrão de isolamento por distância, como o obtido pelo do teste de Mantel (ver resultado a seguir).

As populações com o mesmo grupo tendem a ser mais próximas no espaço, por exemplo, as populações SRO e ALV são próximas geograficamente e compartilham o mesmo grupo genético, o mesmo foi observado para as populações BSA, CAL, FAI e MAT que também estão próximas no espaço geográfico (Figura 4.3). As populações MIM e BAR, apesar de não serem próximas, estão do mesmo lado da área amostrada e estão no mesmo grupo.

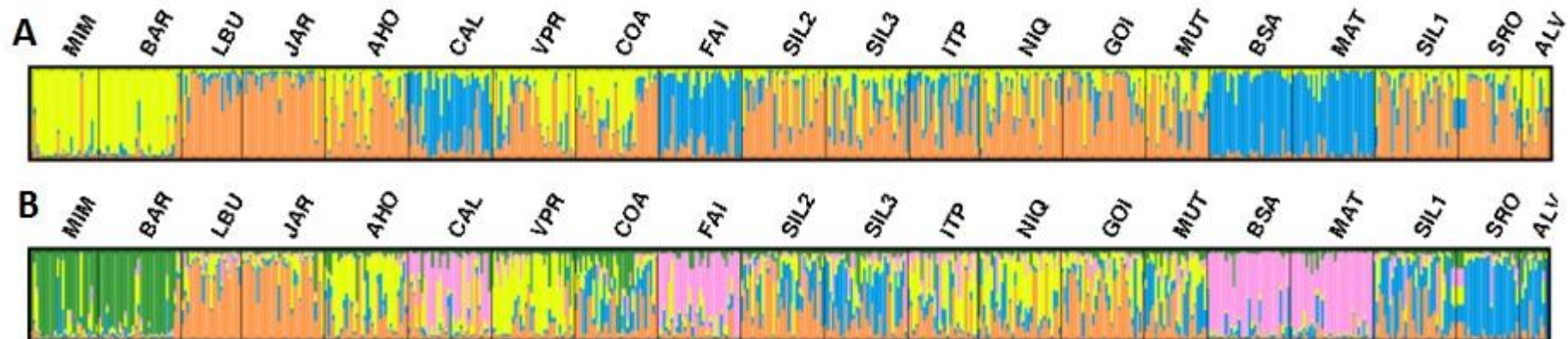


Figura 4.3 Atribuição de grupos genéticos para indivíduos de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, com base na estatística Bayesiana. Cada linha vertical indica um indivíduo e as cores são os coeficientes de coancestria para cada grupo. A) Distribuição dos indivíduos em três grupos, B) Distribuição dos indivíduos em cinco grupos

O teste de Mantel indicou que as populações mais próximas espacialmente apresentam maior semelhança genética, uma vez que, a diferenciação genética (F_{ST} par a par, Apêndice I) está significativamente e positivamente correlacionada com a distância geográfica, teste de Mantel, $r=0,348$; $p=0,028$ (Apêndice E). No correlograma de Mantel multivariado foi demonstrado que, para as duas primeiras classes de distância, representando distância de até 130 km, as correlações (r) foram positivas e significativas, com valores iguais a 0,300 ($p < 0,001$) e 0,180 ($p = 0,033$), respectivamente (Figura 4.4; Apêndice H).

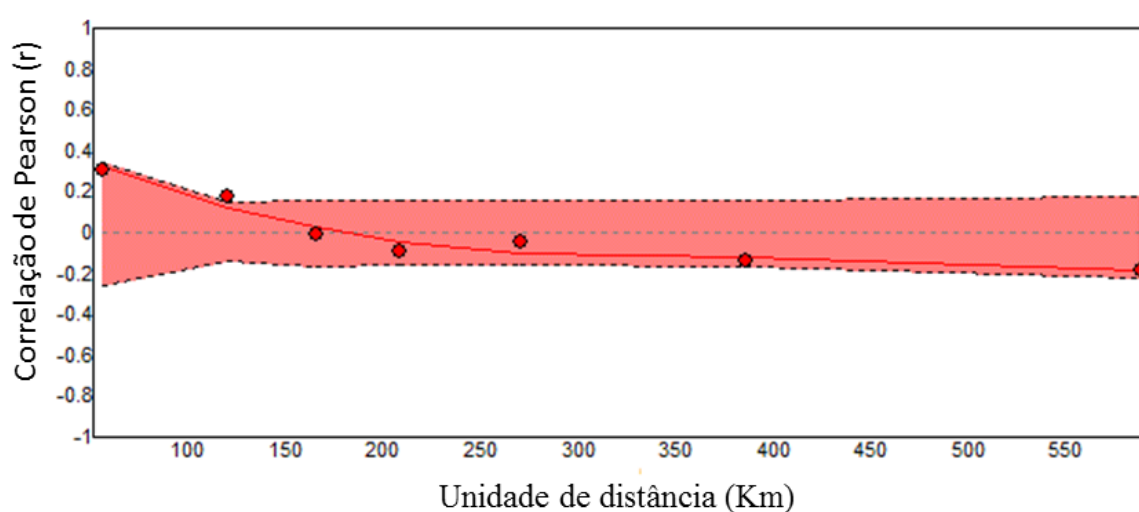


Figura 4.4 Correlograma de Mantel multivariado construído com base nas distâncias genéticas (F_{ST}) entre pares de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, ao longo de sete classes de distâncias geográficas. A unidade de distância é o logaritmo da distância em Km. A faixa vermelha indica o intervalo de confiança (95 %) e pontos vermelhos indicam as correlações de Pearson (r) para cada classe de distância

4.3.4 Autocorrelação espacial para populações espontâneas

A autocorrelação espacial foi significativa. Os índices I de Moran para a primeira e segunda classe de distância foram significativos e positivos, indicando que as frequências alélicas das populações mais próximas, em torno de 140 km de distância, tendem a ser mais similares que o esperado ao acaso (Figura 4.5). O correlograma também demonstrou um declínio do índice até a terceira classe de distância, indicando que há um decaimento da semelhança das frequências alélicas até aproximadamente 233 km.

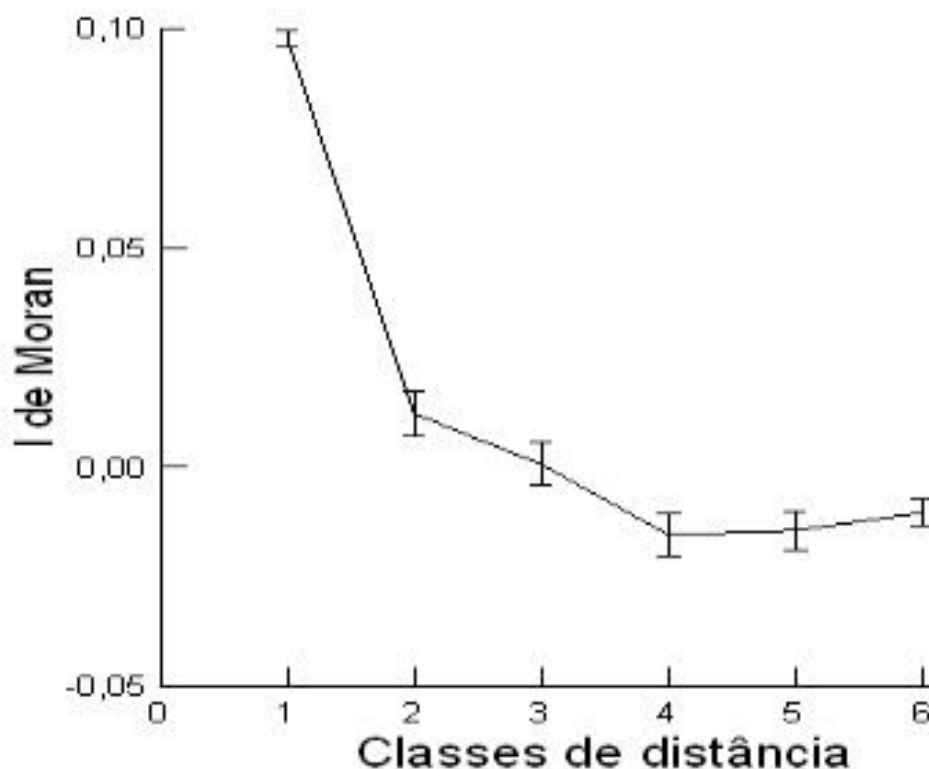


Figura 4.5 Autocorrelação espacial das frequências alélicas de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado para seis classes de distâncias (em Km). As barras verticais indicam o erro padrão

4.3.5 Teste de gargalo genético para as populações espontâneas

Foram encontrados sinais significativos de gargalo genético para quatro dos cinco grupos atribuídos pela inferência Bayesiana, quando eles foram analisados sob o modelo mutacional de infinitos alelos (Tabela 4.3). Para os outros dois modelos mutacionais, *stepwise* e *two-phase*, não houve resultados significativos (Tabela 4.3).

Quando os testes foram realizados considerando as vinte populações, foram identificados sinais significativos em sete populações, BAR, JAR, AHO, VPR, COA, ITP e MUT sob o modelo mutacional de infinitos alelos e para duas populações, ITP e MUT, sob o modelo *two-phase*. Para o modelo *stepwise* (S.M.M.) não houve resultados significativos (Tabela 4.4).

Tabela 4.3 Teste de Wilcoxon para detecção de gargalo genético em cinco grupos, formados com base na análise bayesiana a partir de vinte populações espontâneas de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. O teste foi feito com três modelos mutacionais: modelo de infinitos alelos (I.A.M.), modelo de mutação *stepwise* (S.M.M.), modelo mutacional *two-phase* (T.P.M.) com proporção de 70% para S.M.M

Grupos	I.A.M.	T.P.M.	S.M.M.
1	0,00403*	0,83032	1,00000
2	0,02124*	0,86694	0,99988
3	0,01709*	0,80981	0,99963
4	0,19019	0,95386	0,99988
5	0,00122*	0,51514	0,99976

*Significativo, $p < 0,05$

Tabela 4.4 Teste de Wilcoxon para detecção de gargalo genético em vinte populações espontâneas de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, utilizando teste de Wilcoxon sob três modelos mutacionais: modelo de infinitos alelos (I.A.M.), modelo de mutação *stepwise* (S.M.M.), modelo mutacional *two-phase* (T.P.M.) com proporção de 70% para S.M.M.

População	I.A.M.	T.P.M.	S.M.M.
MIM	0,23486	0,84937	0,99963
BAR	0,05493	0,60449	0,99829
LBU	0,10181	0,68896	0,99597
JAR	0,00171*	0,45483	0,99963
AHO	0,04614*	0,74072	0,99597
CAL	0,25928	0,88330	0,99475
VPR	0,02612*	0,68896	0,99475
COA	0,00525*	0,36670	0,99939
FAI	0,28467	0,99597	1,00000
SIL ₁	0,07568	0,84937	0,99768
SIL ₂	0,03198*	0,33862	0,99329
ITP	0,00024*	0,00525*	0,51514
NIQ	0,03198*	0,68896	0,99829
GOI	0,07568	0,57495	0,98291
MUT	0,00024*	0,00171*	0,63330
BSA	0,06470	0,83032	0,99695
MAT	0,21191	0,95386	0,99976
SIL ₃	0,13306	0,84937	1,00000
SRO	0,07568	0,54517	0,99475
ALV	0,06470	0,36670	0,74072

*Significativo, $p < 0,05$

4.3.6 Variabilidade e estruturação genética de progênies da Coleção de germoplasma

Foi encontrada variação no nível de polimorfismo entre as população que foram amostradas as progênies. Os números de alelos variaram de 64 a 125 para as

populações Matrinchã₁ e Faina, respectivamente, com média igual a 104 alelos por população (Tabela 4.5). A heterozigosidade esperada das progênies foi menor que a observada em quase todas as populações, ela foi maior para Matrinchã, Barreiras, Aruanã e Santa Rosa. A endogamia também foi negativa e significativa para a maioria das populações, exceto para as quatro populações que apresentaram heterozigosidade observada menor que a heterozigosidade esperada (Tabela 4.5).

Tabela 4.5 Caracterização da variabilidade genética de progênies que compõem a Coleção de germoplasma de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás, utilizando doze locos microsatélites

Localidades	Código da População	<i>N</i>	<i>A</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>f</i>
Jaragua	JAR	36	108	0,671	0,675	-0,006
Calcilândia	CAL	24	80	0,594	0,650	-0,123
Morro do Aranha	MAR	33	115	0,678	0,695	-0,033
Alto horizonte	AHO	30	110	0,644	0,672	-0,055
Aruanã	ARU	3	35	0,625	0,612	0,022
Faina	FAI	33	125	0,662	0,691	-0,055
Balneário Santo Antônio	BSA	24	95	0,658	0,697	-0,076
Caxambú	CAX	15	102	0,658	0,666	-0,014
Goiânia (UFG)	GIN	18	93	0,629	0,638	-0,018
Itapaci	ITP	27	110	0,682	0,730	-0,088
Pilar de Goiás	PIL	30	115	0,632	0,645	-0,026
St ^a . Tereza	STZ	21	111	0,673	0,696	-0,046
Orizona	ORZ	21	102	0,671	0,706	-0,065
Matrinchã ₁	MAT ₁	12	64	0,629	0,657	-0,055
Matrinchã	MAT	18	89	0,672	0,672	0,000
Cocalzinho	COA	21	99	0,600	0,615	-0,029
Silvânia _(quilombo)	SIL _Q	30	117	0,654	0,656	-0,005
Silvânia _(cruzeiro)	SIL _C	30	106	0,620	0,657	-0,075
Vianópolis	VNP	27	103	0,643	0,663	-0,039
Goianésia	GOI	21	107	0,689	0,726	-0,067
Padre Bernardo	PBE	27	117	0,651	0,685	-0,066
Vila Propício	VPR	27	108	0,687	0,700	-0,024
Barreiras	BAR	21	114	0,702	0,690	0,021
Mutunópolis	MUT	22	99	0,636	0,680	-0,089
Santa Rosa	SRO	18	95	0,661	0,644	0,003
Média	-	-	104	0,655	0,676	-0,041

*Valor de $p = 0,05$. *A* - número médio de alelos; *Ar* - riqueza alélica; *Ho* - heterozigosidade observada; *He* - diversidade genética; *f* - coeficiente de endogamia

Comparando a variabilidade genética das populações espontâneas e das populações da coleção de germoplasma, foi observado que na coleção está representado a maior parte dos alelos encontrados nas populações espontâneas. Do total de 99 alelos das

populações espontâneas, 18 não foram encontrados na coleção, no entanto, 10 alelos estão presentes na coleção e não foram observados nas amostras das populações espontâneas (Apêndices D e E).

A estruturação genética foi significativa entre as progênies (θ_s) e entre as populações (θ_p) (Tabela 4.6), indicando distribuição não aleatória dos alelos. Porém, a diferenciação entre as progênies foi maior quando comparado à diferenciação das populações (Tabela 4.6), indicando que existe maior estruturação da variabilidade genética entre as progênies do que entre as populações. A endogamia dentro das progênies foi negativa e significativa (Tabela 4.6 e Apêndice Q), indicando que a endogamia total é decorrente de deriva genética.

Tabela 4.6 Estruturação da variabilidade genética dentro e entre progênies que compõem a coleção de germoplasma de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás

	f	F	θ_s	θ_p
Geral	-0,041	0,150	0,184	0,014
IC superior	-0,0054	0,183	0,210	0,021
IC inferior	-0,0748	0,116	0,151	0,008

IC- intervalo de confiança, f - coeficiente de endogamia dentro da população, F - coeficiente de endogamia θ_s - diferenciação genética entre progênies, θ_p - diferenciação genética entre populações

Com base na distância genética de Nei (1972), foi observada alta similaridade genética entre as progênies (Figura 4.6). Considerando o nó com consistência de 99,97 % foi formado um grande grupo, em que apenas a progênie proveniente de Aruanã não foi incluída (Figura 4.6), indicando que esta população, para o conjunto de locos em análise, apresentou maior diferenciação genética em relação às outras populações.

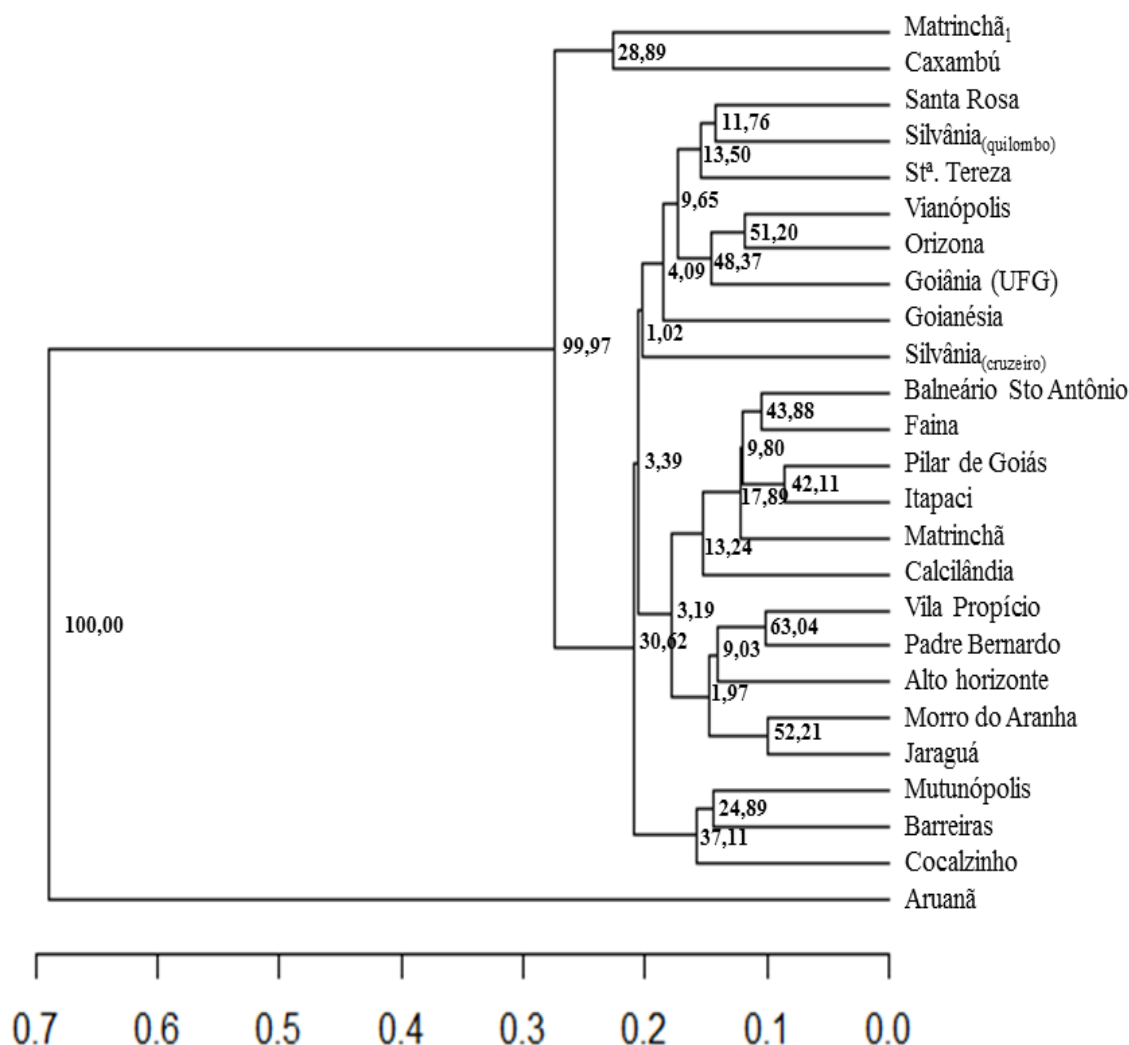


Figura 4.6 Distância genética entre progênes de 25 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado que compõem a coleção de Germoplasma da Escola de Agronomia na Universidade Federal de Goiás

4.4 DISCUSSÃO

4.4.1 Variabilidade genética das populações espontâneas

Em todos os locos a distribuição da frequência dos alelos foi unimodal e bimodal, sugerindo que a natureza mutacional destes alelos segue o modelo *stepwise* e são mais propensos a terem descendência por estado (Slatkin, 1995).

As populações espontâneas apresentaram alta variabilidade genética quando comparada a espécie do mesmo gênero, assim como, quando comparada a espécies do mesmo bioma. Foi observado polimorfismo em todos os locos, com média igual a 8,84/loco. Para a espécie *Anacardium humile*, que pertence ao mesmo gênero e ao mesmo

bioma, foram encontrados níveis menores de polimorfismo em dois trabalhos que utilizaram os mesmos locos analisados neste trabalho, com valores iguais a 5,08 alelos/loco (Soares et al., 2013) e 5,4 alelos/loco (Cota et al., 2012). Porém, em estudo utilizando marcadores *Random Amplified polymorphic* (RAPD), *A. humile* demonstrou ser altamente polimórfica (Carvalho et al., 2012). Alta variabilidade genética também foi encontrada em análises realizadas com acessos dos bancos de germoplasma de caju da Nigéria e de Pacajus, com base em marcadores isoenzimáticos, RAPD e *inter simple sequence repeats* (ISSR) (Aliyu & Awopetu, 2007; Pessoni, 2007; Thimmappaiah et al., 2009). Estes bancos de germoplasma contêm várias espécies do gênero, isso sugere que a alta variabilidade genética pode ser encontrada não apenas em *A. occidentale*, mas em várias espécies do gênero *Anacardium*.

A diversidade genética observada neste trabalho referente às vinte populações espontâneas também pode ser considerada alta ($He = 0,750$), quando comparada a outras espécies. Os valores foram maiores que o encontrado para espécie *Pistacia lentiscus* ($He = 0,569$; (Albaladejo et al., 2008) que pertence à mesma família que o caju. Foi maior também que o valor encontrado para *A. humile* ($He = 0,696$; Cota et al., 2012). Todas as espécies do gênero *Anacardium* são caracterizadas por ter sistema reprodutivo predominantemente alógamo e elevado grau de heterozigotos (Araújo & Silva, 1995).

Considerando outras espécies que também ocorrem no Cerrado, a diversidade genética de *A. occidentale* está entre os valores encontrados (ver Collevatti et al., 2001; Gaiotto, 2003; Telles et al., 2003; Zucchi et al., 2003; Soares et al., 2008; Ciampi et al., 2008; Feres et al., 2009; Batistini et al., 2009; Bertoni et al., 2007, 2010; Martins et al., 2011; Rabelo et al., 2011). Sendo que, *A. occidentale* apresentou valor similar ao encontrado em estudo realizado com 18 locos microssatélites para seis populações *Euterpe edulis* ($He = 0,73$; Gaiotto, 2003), uma característica em comum entre estas duas espécies é que ambas possuem sistema reprodutivo predominantemente alógamo. A diversidade genética da espécie *Caryocar brasiliense* ($He = 0,856$; Collevatti et al., 2001) foi maior que o de *A. occidentale* e de todas as outras espécies do Cerrado já estudadas. Um dos fatores que pode ter contribuído para este resultado, é o fato de *Caryocar brasiliense* ter sistema reprodutivo completamente alógamo. Estes resultados evidenciam a forte influência do sistema reprodutivo na composição genética das populações.

O alto nível de diversidade genética encontrado neste trabalho provavelmente está relacionado às características da história de vida da espécie, como distribuição

geográfica ampla e contínua, alta densidade e sistema reprodutivo preferencialmente alógamo, possibilitando intenso fluxo gênico e gerando grande tamanho efetivo populacional.

Outro fator que contribuiu para o alto nível de diversidade é quando não ocorre grande redução no tamanho das populações. Neste trabalho não foram encontrados sinais significativos de gargalo genético quando considerado o modelo mutacional *stepwise*, indicando que as populações tiveram alguma estabilidade em seu tamanho ao longo da história de vida da espécie. Para a espécie *Dipteryx alata*, que ocorre em fitofisionomias em comum com o caju, a baixa diversidade genética foi associada ao pequeno tamanho efetivo e gargalo genético causado pelas oscilações climáticas ocorridas no Pleistoceno, provavelmente causadas por um período de seca durante o Último Máximo Glacial (Collevatti et al., 2013). Possivelmente, de forma contrária à *Dipteryx alata*, nessa época houve a expansão de *A. occidentale* por se adaptar melhor ao clima mais seco.

Neste trabalho, foi observado que os maiores níveis de diversidade genética e riqueza alélica estão localizados geograficamente mais ao centro do bioma e à medida que aumenta a distância do centro os níveis destes parâmetros diminuem, seguindo o padrão de dispersão central – periférico. Estudos propõem que, o centro de origem de uma espécie é a região com maior diversidade genética (Sagarin & Gaines, 2002; Eckert et al., 2008). Pouco se sabe sobre a origem e o passado da distribuição de *A. occidentale*, existe até o momento apenas interpretações baseadas em evidências circunstanciais que apontam o Brasil como local de origem. Sabe-se que o Cerrado é o segundo centro de diversidade do gênero *Anacardium*, uma vez que contém quatro espécies das dez espécies do gênero. Para Mitchel & Mori (1987), esta região pode ser também o centro de origem de *A. occidentale*, estes autores propuseram que o caju originou no Brasil Central e então colonizou a região Nordeste do país. Diante disso, uma hipótese para explicar o padrão de distribuição central – periférico é que o centro de origem da espécie seja o Brasil Central, no entanto, não é possível descartar a hipótese de que existem dois centros de origem.

4.4.2 Estruturação genética das populações espontâneas

As populações apresentaram endogamia significativa, resultando em valores mais baixos de heterozigosidade observada em relação à heterozigosidade esperada. O valor de f pode ser considerado alto para uma espécie com o sistema reprodutivo com preferencialmente alógamo, uma vez que, neste sistema reprodutivo é esperada uma menor

taxa de autofecundação. Provavelmente a endogamia é decorrente de cruzamento entre indivíduos aparentados.

Os valores significativos para F_{ST} e R_{ST} indicam que não está ocorrendo distribuição aleatória dos alelos entre as populações, no entanto, a variabilidade genética está fracamente estruturada. Os valores observados para estes dois parâmetros estão entre os mais baixos em relação às outras espécies do Cerrado já estudadas (ver Collevatti et al., 2001; Telles et al., 2003; Zucchi et al., 2003, 2005; Soares et al., 2008; Carvalho et al., 2012). Este resultado provavelmente é consequência de distribuição contínua e pela longa distância de dispersão de sementes realizadas por morcegos da espécie *Artibeus lituratus*, facilitando o fluxo gênico ao longo da história de vida da espécie ($Nm = 3,34$). Com isso, o efeito da deriva genética foi equilibrado pelo fluxo gênico. Outra hipótese que pode explicar a baixa diferenciação das populações é o isolamento recentemente, desta forma não haveria tempo suficiente para a deriva genética diferenciá-las.

A taxa de mutação dos locos também contribuiu para a diferenciação das populações, como indicado pela diferença significativa entre F_{ST} e R_{ST} (Hardy et al., 2003). De acordo com Slatkin (1995), as altas taxas de mutação dos locos microssatélites podem ser tão importantes como o fluxo gênico para definir a estruturação genética. O valor mais alto encontrado para R_{ST} sobre o F_{ST} em três locos corroborou o que foi proposto por Slatkin (1995), em que as estatísticas baseadas no modelo de infinitos alelos (F_{ST}) tendem a subestimar a diferenciação genética entre as populações. No entanto, os valores encontrados para os dois parâmetros foram próximos, com diferença para não inviabilizar o uso do F_{ST} na interpretação da estruturação genética.

O agrupamento utilizando a análise Bayesiana não utiliza métodos estatísticos para avaliar explicitamente o efeito do espaço geográfico na diferenciação genética, mas, mesmo assim foi observado que populações mais próximas compartilham em maior proporção o mesmo grupo. Com isso, a área geográfica total amostrada foi dividida em grupos com maior similaridade genética, sendo que os dois grupos de populações com maior diferenciação genética estão em extremidades opostas, sendo um grupo composto pelas populações MAT e BSA e o outro por MIM e BAR. Foi observado que o fluxo gênico histórico (Nm) entre estas as populações destes dois grupos apresentam os níveis mais baixos em relação às outras populações.

Os estudos com marcadores moleculares permitem avaliar os fatores históricos que influenciaram a estruturação genética atual das populações, como expansão,

fragmentação e efeito gargalo. Com isso, é interessante complementar esses estudos aliando marcadores nucleares e cloroplastidial, uma vez que este último sofre menos recombinação e, com isso, possibilita testar hipóteses biogeográficas mais específicas e verificar minuciosamente as influências de eventos geológicos.

4.4.3 Padrão espacial da diferenciação genética

O menor nível de fluxo gênico em distâncias mais longas foi comprovado pelos resultados significativos para o teste de Mantel e autocorrelação espacial, demonstrando que o cruzamento entre indivíduos próximos ocorre com taxa maior que o esperado ao acaso. Pelos correlogramas foi possível identificar o diâmetro de alcance que ocorreu o fluxo gênico, tendo como base a teoria que afirma que a distância geográfica em que a correlação passa a ser não significativa e começa a estabilizar indica o tamanho médio da distância da migração por geração (Sokal & Wartenberg, 1983). Com isso, os padrões observados sugerem que o fluxo gênico é mais intenso em distâncias com aproximadamente 130 km, sugerindo que há equilíbrio entre migração e deriva genética e que a diferenciação genética segue o modelo de isolamento por distância, uma vez que a espécie apresenta distribuição contínua. Com base nestes resultados, é possível definir grupos de populações a serem amostradas ou conservadas, com base na distância entre elas. Isso indica que, os dois grupos genéticos identificados pela análise do *Structure*, que estão localizados nas extremidades oposta da área de estudo devem ser considerados como diferentes unidades de conservação.

O padrão de diferenciação genética observado é compatível com as características da biologia reprodutiva da planta, em que a polinização é feita principalmente por abelhas. A polinização feita por estes insetos tem como característica fluxo gênico a curtas distâncias. Há algumas décadas a abelha *Apis mellifera* foi introduzida no Brasil, desde então passou a um dos principais polinizadores de *A. occidentale*, (Freitas & Paxton, 1998; Silva et al., 2001). Com isso, fluxo gênico de pólen pode ter aumentado a distância, pelo fato destas abelhas poderem alcançar longas distâncias (Dick et al., 2003). Porém, o forrageamento ocorre preferencialmente entre vizinhos (Dick et al., 2003; Levin & Kerster, 1974). Em trabalho realizado com *Luehea divaricata*, que é polinizada por *Apis mellifera*, não foi observado padrão de isolamento por distância (Conson et al., 2013).

4.4.4 Variabilidade e estrutura genética de progênies da Coleção de germoplasma

Os resultados demonstraram alta variabilidade na coleção de germoplasma. A maior parte dos alelos presentes nas amostras das vinte populações está presente na coleção de germoplasma (Apêndice D e Apêndice E), indicando sua boa representatividade da variabilidade genética existente na natureza. Resgatar a maior quantidade possível da variabilidade genética de uma espécie é um dos principais objetivos de um programa de conservação *ex situ* (Nass, 2001).

Foi encontrada também alta taxa de heterozigotos na coleção, o que favorece a conservação *in vivo*, modo como a coleção é mantida. O valor adaptativo de um indivíduo está diretamente relacionado à heterozigose, desta forma, a coleção *in vivo* formada por indivíduos com alto nível de heterozigotos resistirá melhor às adversidades ambientais, garantindo a conservação por longo prazo.

A alta taxa de heterozigotos também contribui para que seja possível iniciar programas de melhoramento, o qual tem como base a variabilidade genética. Para *A. occidentale* ecótipo do Cerrado a exploração é ainda realizada por extrativismo. Porém, há interesse em implantar programa de melhoramento genético, visando por meio de seleção de indivíduos superiores melhorar características relacionadas à produção do fruto e pseudofruto. Para o ecótipo do Cerrado existe grande potencial na produção de suco, geleia e doces (Agostini-Costa et al., 2006).

Os exemplares da coleção de germoplasma também podem ser utilizados para enriquecer outros bancos de germoplasma de caju, como o de Pacajus, Nigéria e Índia, que já iniciaram programas de melhoramento.

O conhecimento prévio da variabilidade genética existente nas populações e como ela está estruturada são fundamentais para que a conservação seja eficiente (Changtragoon, 2003; Volis & Blecher, 2010). por isso a importância de realizar este trabalho. Analisando as populações espontâneas juntamente com os indivíduos da coleção de germoplasma, é possível mensurar a variabilidade genética que existe na natureza e se a coleção de germoplasma tem suporte para conservar pelo menos a maior parte dos alelos encontrados nas populações.

4.5 CONCLUSÕES

Pode ser concluído com este trabalho que *A. occidentale* ecótipo do Cerrado possui alta variabilidade genética. Sendo que, a distribuição geográfica da diversidade genética segue padrão central – periférico.

A alta variabilidade genética provavelmente é resultado do grande tamanho efetivo populacional e intenso fluxo gênico existente no decorrer de sua história de vida. Estes fatores explicam também a fraca estruturação genética observada.

A diferenciação genética das populações segue o modelo de isolamento por distância.

A coleção de germoplasma da Universidade Federal de Goiás é representativa quanto à variabilidade genética da espécie, demonstrando eficiência para a conservação e ampla base genética para a implantação de programas de melhoramento do caju.

As progênies da coleção de germoplasma apresentam alta similaridade genética. A variabilidade genética está estruturada entre as progênies.

.

5 **CAPÍTULO 3: EFEITOS DO PADRÃO DA PAISAGEM SOBRE A VARIABILIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Anacardium occidentale* L. ECÓTIPO DO CERRADO**

RESUMO

As características da paisagem têm importante interação com os processos microevolutivos. A redução no tamanho das populações e o isolamento devido à fragmentação estão influenciando diretamente a variabilidade genética das populações. Assim como, o padrão de movimentação dos polinizadores e dos dispersores está sendo alterado, influenciando diretamente no fluxo gênico. Este trabalho teve o objetivo de avaliar a relação entre a estrutura da paisagem com a variabilidade e estrutura genética de dezessete populações de *Anacardium occidentale* L. ecótipo do Cerrado. As populações apresentaram alta diversidade genética ($H_e = 0,75$) e baixa diferenciação genética, provavelmente devido a fatores históricos. Foi observado que o principal tipo de matriz em torno das populações é remanescente de vegetação natural ou pastagem. Houve relação entre a variação da riqueza alélica e o percentual de remanescente de vegetação natural e tipo de matriz predominante em torno das populações, em que os menores valores foram encontrados quando o tipo de matriz predominante é a pastagem. A endogamia apresentou relação com a paisagem quando caracterizada para a escala de 2 km, em que foi observada maior endogamia quando o tipo de matriz predominante é a pastagem. Devido às transformações antrópicas na paisagem houve descontinuidade genética entre oito pares de populações, indicando redução de fluxo gênico. Estes resultados indicam que a fragmentação e mudança no uso do solo estão influenciando na variabilidade genética e fluxo gênico das populações.

Palavras chave: variabilidade genética, fluxo gênico, matriz, descontinuidade genética, fragmentação.

ABSTRACT

EFFECTS PATTERN OF LANDSCAPE ON THE VARIABILITY AND GENETIC STRUCTURE OF POPULATIONS *Anacardium occidentale* L. ECOTYPE FROM CERRADO

The landscape characteristics have important interaction with microevolution processes, directly influencing the distribution of genetic differences between populations. anthropogenic activities are a major cause of landscape fragmentation. This work aimed to evaluate the relationship between landscape structure with the variability and genetic structure of populations of seventeen *Anacardium occidentale* L. ecotype from Cerrado. The populations had higher genetic diversity ($H_e = 0.75$) and low genetic differentiation, probably due to historical factors. We observed that the main type of matrix around the populations are remaining natural vegetation and pasture, with great variation in the remaining percentage. There was a relationship between the change in allelic richness and remaining percentage of natural vegetation and predominant matrix around the populations in the lowest values were found when the predominant type of matrix is the pasture. Inbreeding was related to landscape when characterized for 2 km scale, where there was a higher inbreeding when the predominant type of matrix is the pasture. Because of anthropogenic transformation in the landscape there was genetic discontinuity between eight pairs of populations. These results indicate that the fragmentation and change in land use are influencing the genetic variability and gene flow of populations.

Key words: genetic variability, gene flow, matrix, genetic discontinuity, fragmentation

5.1 INTRODUÇÃO

A ocupação humana tem forte influência sobre a composição vegetal de um bioma (Boucher et al., 2014), gera alterações na estrutura espacial da paisagem e no funcionamento ecológico (Isbell et al., 2011; Cadotte, 2013; Grêt-Regamey et al., 2014). No cerrado, as ações antropogênicas causaram forte fragmentação e substituição de grande parte da vegetação natural por pastagem e agricultura, resultando em perda de biodiversidade. A fragmentação e as alterações no uso do solo são consideradas uma das maiores ameaças à biodiversidade (Manel et al., 2003; Foley et al., 2005; Butchart et al.,

2010), por gerar fragmentos isolados e biologicamente empobrecidos (Nogueira et al., 2007).

Devido à interação entre as características da paisagem e processos microevolutivos (Manel et al., 2003; Mcrae & Beier, 2007), a intensa fragmentação do habitat pode alterar a composição e estrutura genética das populações. A perda de habitat e o maior isolamento das populações tende a diminuir a distância de dispersão de sementes e pólen, causando redução do fluxo gênico (Kramer et al., 2011; Mcconkey et al., 2012). Com as restrições ao fluxo gênico, a estrutura genética das populações pode ser modificada (Landguth et al., 2010; Prevedello & Vieira, 2010). A diminuição do fluxo gênico está relacionada à interação entre os dispersores e polinizadores com os tipos de matriz (Vandermeer & Carvajal, 2001; Murphy et al., 2008; Spear et al., 2010) e às estratégias de dispersão da planta (Purschke et al., 2014).

Parte da variabilidade genética pode ser perdida com o isolamento e redução do tamanho das populações, por quebrar o equilíbrio entre migração – deriva genética e pelo aumento da endogamia (Lowe et al., 2005; Aguilar et al., 2008). Podendo causar a extinção das populações ou mesmo da espécie, uma vez que, a persistência em novas condições ecológicas é influenciada pela quantidade e distribuição da diversidade genética (Pauls et al., 2013).

Os efeitos da fragmentação dependem das características da história de vida da espécie (Wagner & Fortin, 2012; Hoban et al., 2014; Rico et al., 2014), da escala espacial e do tempo de fragmentação (Lowe et al., 2005; Fischer & Lindenmayer, 2007; Aguilar et al., 2008; Kramer et al., 2008; Struebig et al., 2011). Alguns estudos com espécies de plantas não apresentaram influência da paisagem (Collevatti et al., 2001; Bacles et al., 2005; Winkler et al., 2011; Aparicio et al., 2012). Para algumas espécies do Cerrado as alterações na paisagem geraram modificações nos padrões genéticos das populações (ex.: Soares et al., 2008; Diniz-Filho et al., 2009).

A genética da paisagem possibilita compreender como os efeitos das recentes mudanças globais alteram os padrões genéticos das espécies (Manel & Holderegger, 2013). É possível identificar as barreiras que impedem a conectividade das populações e impõem limites espaciais ao fluxo gênico (Manel et al., 2003; Diniz-Filho et al., 2009; Holderegger & Wagner, 2008; Manel & Holderegger, 2013; Rico et al., 2014).

Com base na genética da paisagem, é possível conhecer os padrões geográficos de variação genética de populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. Popularmente

conhecida como cajuzinho-do-campo, esta espécie ocorre em solos concrecionários das fitofisionomias cerradão, cerrado sentido restrito e campo sujo. A polinização é feita principalmente por abelhas (Mitchell & Mori, 1987; Silva et al., 2001), sendo que nas últimas décadas é realizada principalmente pelas abelhas introduzidas no país *Apis mellifera* (Freitas & Paxton, 1998; Almeida et al., 2003; Lorenzi et al., 2006). A dispersão de sementes é feita por morcegos da espécie *Artibeus lituratus* (Freitas & Paxton, 1998; Bredt et al., 2012).

Este trabalho teve como objetivo avaliar a relação entre a estrutura da paisagem de dezessete populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado com a variabilidade e estrutura genética, utilizando locos microssatélites. Para testar a hipótese de trabalho que, a fragmentação e perda de habitat causaram perda de variabilidade genética em decorrência da deriva genética e que o fluxo gênico entre as populações foi reduzido devido ao isolamento, foram testados: 1) descontinuidade genética entre pares de populações, 2) correlação entre características da paisagem com as variações na variabilidade genética e 3) distribuição espacial da variabilidade genética.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

5.2.1 Áreas amostradas

O material de estudo é proveniente de dezessete populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, localizadas no estado de Goiás. As árvores de cada população foram amostradas aleatoriamente, foram amostradas de trinta árvores em cada população, totalizando 516 indivíduos em análise. Com a ampla distribuição das populações no estado, foi possível amostrar os principais tipos de matriz existente na região.

As populações foram georeferenciadas com as coordenadas geográficas obtidas pelo Sistema de Posicionamento Global – GPS (Tabela 5-1), a partir destes dados foi construído o mapa das populações com o auxílio do programa Arc-GIS versão 9.3 (Figura 5-1).

Tabela 5.1 Localização geográfica de dezessete populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, com códigos, tamanho amostral, latitude, longitude e altitude

Populações	Código	N	Latitude	Longitude	Altitude
Cocalzinho, GO	COA	32	-15,7630	-48,6156	641m
Itapaci, GO	ITP	28	-14,8305	-49,5298	763m
Niquelândia, GO	NIQ	32	-14,4104	-48,7774	558m
Alto Horizonte, GO	AHO	32	-14,1855	-49,3319	364m
Goianésia, GO	GOI	32	-15,5093	-49,1872	716m
Vila Propício, GO	VPR	32	-15,3398	-48,7063	750m
Jaragua, GO	JAR	32	-15,7964	-49,3335	1022m
Mimoso, GO	MIM	26	-15,0588	-48,1591	675m
Mutunópolis, GO	MUT	24	-13,6798	-49,2265	402
Calcilândia, GO	CAL	32	-15,8845	-49,9747	798
Balneário St. Antônio, GO	BSA	32	-15,9833	-50,1000	595
Faina, GO	FAI	32	-15,3974	-50,4802	375
Matrinchã, GO	MAT	32	-15,2350	-50,9053	574
Leopoldo de Bulhões, GO	LBU	25	-16,6147	-48,7404	1043
Silvânia (Quilombo), GO	SIL1	32	-16,5787	-48,3577	942
Silvânia (Cruzeiro), GO	SIL2	31	-16,6920	-48,1871	899
Silvânia(São Miguel do passa 4), GO	SIL3	32	-16,9766	-48,6788	920

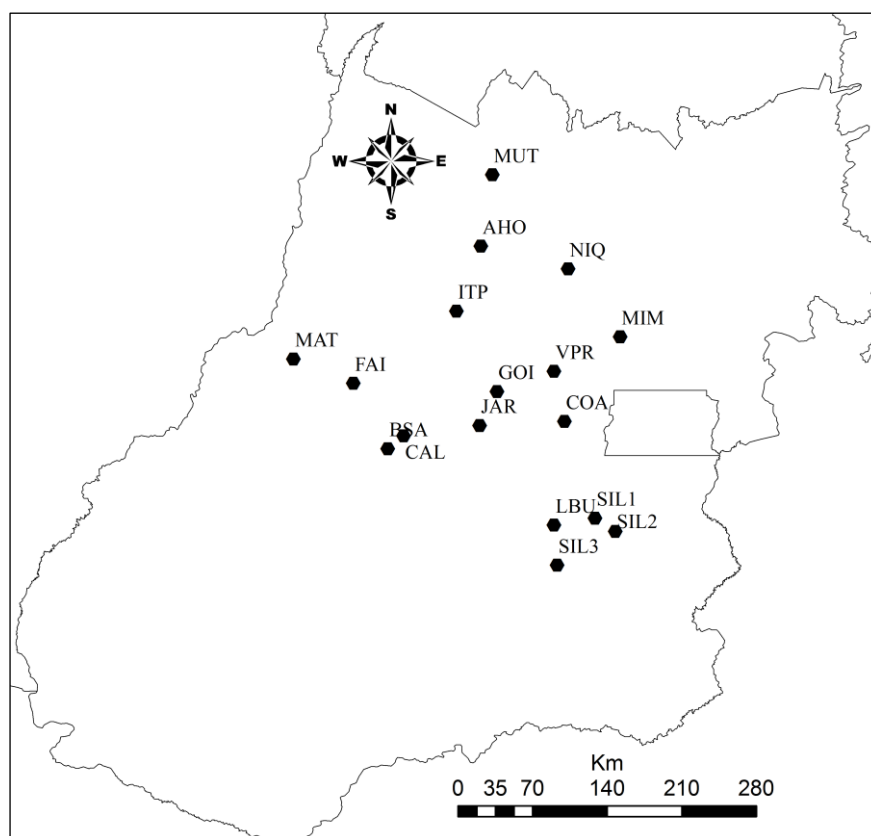


Figura 5.1 Área do Cerrado no estado de Goiás com localização de 17 populações da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, amostradas para estudos genéticos populacionais

5.2.2 Obtenção de dados e parâmetros genéticos

Para obter o DNA genômico foi utilizado o material foliar dos indivíduos. A extração do DNA foi realizada utilizando o protocolo de extração de *Cationic hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*, CTAB, (Doyle & Doyle 1987).

As informações genéticas foram obtidas a partir de doze marcadores microssatélites (Croxford et al., 2006) (Apêndice A), sendo que os oligonucleotídeos sense foram marcados com fluorescência *HEX*, *NED* ou *6-FAM* (*Applied Biosystems*, CA). As reações em cadeia da polimerase (PCR), foram realizadas com volume de 15µL contendo, 15 ng de DNA genômico, 1X Tampão da enzima, 1,6 mM MgCl₂, 0,21 mM dNTPs, 0,21 µg BSA (*Bovine Serum Albumin*), 0,26 µM *oligonucleotídeo* (sense e antisense) e 1U de *Taq* DNA polimerase sob as condições de, desnaturação inicial com 5 min a 94 °C, 30 ciclos com: 1 min a 94°C, 1 min com temperatura de anelamento específica de cada *oligonucleotídeo* (°C), 1 minuto a 72 °C e extensão final com 30 minutos a 72 °C. A análise dos fragmentos foi realizada em eletroforese capilar, utilizando analisador automático ABI-3100 (*Applied Biosystems*, CA). Os alelos foram nomeados no programa GeneMapper 3.5 (*Applied Biosystems*, CA) utilizando o marcador padrão GeneScan™ 500 Rox™ Size Standard (*Applied Biosystems*, CA).

A partir dos genótipos obtidos, foram estimados três parâmetros genéticos: riqueza alélica (*Ar*, Mousadik & Petit, 1996), diversidade genética (*He*) (Nei, 1978) e endogamia (*f*). Estes parâmetros foram escolhidos por serem frequentemente usados em estudos genéticos para conservação (Frankham, 2008). Também foi avaliada a diferenciação genética, a partir da estimativa do F_{ST} entre pares de populações. A significância estatística dos testes foi obtida a partir de randomizações, utilizando a correção de Bonferroni (Goudet et al., 1996). Para estimar todos estes parâmetros, foi utilizado o programa FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2002).

A diferenciação genética das populações foi inferida pelo método de agrupamento Bayesiano. Nesta análise foram identificados grupos genéticos distintos e atribuído indivíduos a eles, sem a prévia informação das populações. Na análise foram testados *k* (grupos) de 1 a 12, sendo que para cada *K* foi definido *burn-in* de 50.000 e 1.000.000 iterações para MCMC (Markov chain Monte Carlo) por corrida. Em cada valor de *K* foram realizadas 10 corridas independentes Esta análise foi realizada no programa *Structure* (Pritchard et al., 2000).

Para escolha do valor de K que melhor representa os grupos genéticos existentes, foi utilizado patamar da distribuição de probabilidade à posteriori pelo método de DeltaK de Evanno et al. (2005), implementado no programa *Structure Harvester* v. 0.6.93 (Earl & VonHoldt, 2011).

5.2.3 Obtenção das métricas de paisagem

A paisagem foi caracterizada de duas formas: uma individual, em que foi avaliada cada população separadamente e a outra entre pares de populações. Para a caracterização individual, os dados de paisagem foram obtidos em dois diferentes tamanhos de *buffers*, com o objetivo de avaliar a influência da escala nos resultados. O *buffer*, neste contexto, é uma área delimitada em torno de uma população, com tamanho da circunferência pré-definida, cuja paisagem é caracterizada.

A construção dos *buffers* e a caracterização da paisagem foram feitos com o auxílio do programa ArcGis v.9.3 versão 9.3, para tanto, foram sobrepostos os pontos georreferenciados das populações e o *shapefile* do uso de solo modificado de PROBIO/MMA (2011). Os *buffers* foram construídos com raios de 2,0 e 5,0 km em torno de cada população a partir de um ponto médio, estes tamanhos foram definidos com base na área de vida dos polinizadores (Dick et al., 2003) e dispersores de sementes (Heithaus et al., 1975; Bianconi et al., 2006). Para a caracterização dos *buffers*, as paisagens foram atribuídas a seis tipos de matriz: pastagem, remanescente, reflorestamento, agricultura, área urbana e água. Em seguida, foi calculado o percentual de cada tipo de matriz dentro de cada *buffer*, baseado nesses valores foi definido o tipo de matriz predominante.

Para os pares de populações, foi construído *buffer* com raio de 5 km para cada população e traçado um corredor ligando as duas populações. Neste corredor foi caracterizada a paisagem e calculado o percentual de cada tipo de matriz, sendo elas: remanescente da vegetação natural, água; área urbana; agricultura; pastagem. Para calcular o percentual de cada tipo de matriz, foi calculada a área do corredor que liga as populações, para isso foi utilizada a ferramenta V-Late implementada no programa ArcGis versão 9.3.

Foi estimada também a resistência de cada tipo de matriz para os polinizadores (abelhas) e dispersor (morcegos). A classificação da resistência foi feita a partir de informações contidas na literatura, para abelhas (Carvalho, 2013) e para morcegos (Estrada et al., 1993; Oprea, 2013). Os valores de resistência para abelha foram: vegetação natural

(resistência = 1), área urbana (resistência = 1), água (resistência = 2), pastagem (resistência = 2), agricultura (resistência = 3) e para morcegos: água (resistência = 1), vegetação natural (resistência = 1), área urbana (resistência = 3), agricultura (resistência = 3) e pastagem (resistência = 3).

Foi avaliada também a descontinuidade genética, essa análise foi feita utilizando triangulação de Delaunay (Legendre & Legendre, 1998), implementada no programa SAM v.4 (Rangel et al., 2010). Foi considerada descontinuidade a 20%, com base na razão entre distância genética (F_{ST} par a par) e distâncias geográficas (Legendre & Legendre, 1998; Manel et al., 2003).

5.2.4 Análises estatísticas

Foram definidas como variáveis preditivas: o tipo de matriz predominante no *buffer* e o percentual de remanescente de vegetação natural; também foi testado o modelo nulo de ausência do efeito da paisagem sobre os padrões genéticos. Como variáveis resposta foram utilizados os parâmetros genéticos (Ar , He e f).

Para testar a relação entre as variáveis preditivas com as variáveis resposta, foram utilizados três modelos estatísticos, Modelo Linear Generalizado (GLM), Modelo de Adições Generalizadas (GAM) e máxima verossimilhança (mle2). Para estas análises foram utilizados os pacotes BBMLE (Bolker, 2012) e GAM (Hastie & Tibshirani, 1990), implementados no pacote estatístico R versão 2.15.3 (<http://www.r-project.org>).

Para definir o modelo preditivo mais provável para explicar os padrões genéticos observados (variáveis resposta), foi utilizando critérios de informação de Akaike (AIC). Neste método, o modelo preditivo com menor AICc (AIC corrigida pelo tamanho da amostra e número de parâmetros) (Burnham & Anderson, 2002) é o mais aceitável para explicar os padrões genéticos observados. Foi calculado também o $\Delta AICc_i$ (i representa cada modelo), obtido pela diferença entre AICc do modelo i e o menor AICc observado. Os modelos preditivos com $\Delta AICc < 2$ são igualmente plausíveis para explicar o padrão observado (Zuur et al., 2009). Também foi verificada a contribuição relativa de cada modelo, com base no peso de evidência Akaike ($wAICc$) (Burnhan & Anderson, 2002). Estas análises foram realizadas utilizando o pacote *bbmle* implementado no pacote estatístico R versão 2.15.3 (<http://www.r-project.org>).

Para a análise entre os pares de populações, foram avaliados os efeitos das características da paisagem sobre a diferenciação genética, para tanto, foi testada a

correlação do F_{ST} par a par com a distância espacial, tipos de matriz e resistência. Para esta análise foi realizado teste de Mantel múltiplo (MRM) utilizando a ferramenta ecodist (Goslee & Urban, 2007), implementado no pacote estatístico R versão 2.15.3 (<http://www.r-project.org>).

Para avaliar os limites do fluxo gênico histórico em escala espacial, foi feita a autocorrelação espacial entre as frequências alélicas utilizando o índice I de Moran. Nesta análise foi construído correlograma para as correlações das frequências alélicas pra cinco classes de distância (em km), com os seguintes limites superiores: 87, 130, 170, 217 e 334. Esta análise foi realizada no programa *Spatial Pattern Analysis of Genetic Diversity*, Spagedi 1.2, (Hardy & Vekemans, 2002), com significância do teste realizada por 10.000 permutações. O correlograma foi construído no programa Systat® software, Inc. 2007.

5.3 RESULTADOS

5.3.1 Caracterização da paisagem e genética

A riqueza alélica variou entre 5,78, para a população MAT, a 7,07, para a população NIQ, com média geral igual a 6,29. A diversidade genética (H_e) apresentou níveis similares em todas as populações, a média geral foi igual a 0,75 (Tabela 5-2). Todas as populações apresentaram endogamia (f) significativa, variando de 0,143 para a população AHO a 0,277 para a população NIQ (Tabela 5-2).

Os principais tipos de matriz encontrados nos *buffers* foram pastagem e remanescente de vegetação natural (Tabela 5-2). Sendo que para o *buffer* de 2 km, o número de populações com predominância de remanescente e as com predominância de pastagem foi igual. Para *buffer* de 5 km houve maior predominância de remanescentes, apresentando grande variação do seu percentual entre as populações (Tabela 5-2).

Tabela 5.2 Parâmetros genéticos estimados para dezessete populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, usando doze locos microssatélites e características da paisagem de *buffers* de 2 e 5 km

Populações	N	% Rem. Veg.		Tipo de matriz		Ar	He	f*
		2 km	5 km	2 km	5 km			
MIM	26	52,9	58,3	Rem	Rem	7,00	0,79	0,23
LBU	23	6,7	25,2	Past	Past	6,16	0,74	0,14
JAR	32	63,7	40,6	Rem	Past	6,14	0,75	0,18
AHO	32	43,6	55,8	Past	Rem	6,31	0,74	0,14
CAL	32	71,7	64,8	Rem	Rem	6,26	0,72	0,21
VPR	32	46,8	54,9	Past	Rem	6,78	0,78	0,22
COA	32	0,0	5,88	Past	Past	6,40	0,75	0,23
FAI	32	0,0	5,1	Past	Past	5,87	0,70	0,24
SIL1	32	18,4	28,6	Past	Past	6,49	0,75	0,25
SIL2	32	7,3	55,7	Agric	Rem	6,55	0,76	0,21
ITP	27	61,3	68,7	Rem	Rem	6,72	0,80	0,16
NIQ	32	69,4	70,1	Rem	Rem	7,07	0,78	0,27
GOI	32	2,1	14,1	Past	Rem	6,43	0,76	0,14
MUT	24	28,6	51,1	Past	Past	6,13	0,76	0,18
BSA	32	100,0	89,7	Rem	Rem	5,83	0,71	0,22
MAT	32	38,6	47,3	Rem	Rem	5,78	0,70	0,27
SIL3	32	63,9	41,1	Rem	Rem	6,61	0,76	0,27
Média	-	-	-	-	-	6,29±0,38	0,75±0,02	0,20±0,04

*Significativo para todas as populações, $p \leq 0,0002$. Rem = remanescente; Past = pastagem; Agric = agricultura. N- tamanho amostral; Ar- riqueza alélica; He- diversidade genética; f- coeficiente de endogamia; % de remanescente de vegetação natural e tipo de matriz predominante

5.3.2 Características da paisagem e variação genética

Para os dois tamanhos de *buffers* analisados a diversidade genética não apresentou relação com o tipo de matriz predominante, tampouco com o percentual de remanescente de vegetação natural. As variáveis preditivas e o modelo nulo explicaram igualmente a variação deste parâmetro genético (Apêndice R).

O GLM foi o melhor modelo estatístico para explicar a relação entre o tipo de matriz com a variação do coeficiente de endogamia, essa relação foi para o buffer de 2 km (Apêndice R e Figura 5-2). Para o buffer de 5 km, nenhum modelo estatístico encontrou relação entre as variáveis (Apêndice R).

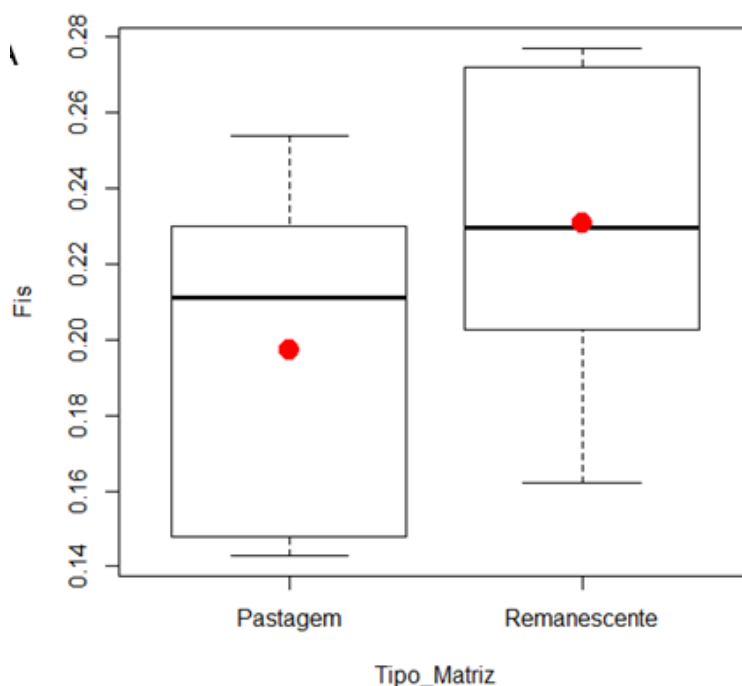


Figura 5.2 Relação entre coeficiente de endogamia (f) com tipo de matriz predominante em torno de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, utilizando GLM entre tipo de matriz e F_{IS} . As linhas grossas dentro das caixas representam as medianas, os *Whiskers* representam os valores máximos e mínimos

Para os três modelos estatísticos testados, GLM, GAM e MLe, foi encontrada relação entre as variáveis preditivas, percentual de remanescente e tipo de matriz com a riqueza alélica. Esta relação foi encontrada nas análises com o *buffer* de 5 km (Apêndice R e Figura 5-3), para as métricas da paisagem obtidas com o *buffer* de 2 km não foi encontrada relação com nenhum parâmetro genético. Quando dois valores de riqueza alélica *outliers*, referentes às populações MAT e BSA, foram excluídos da análise o tipo de matriz, para a escala de 5 km, explicou sozinho a variação da riqueza alélica quando utilizado o modelo GLM. Com base nestes resultados, as populações com maior percentual de remanescente de vegetação natural apresentaram maior riqueza alélica (Tabela 5-3 e Figura 5-4).

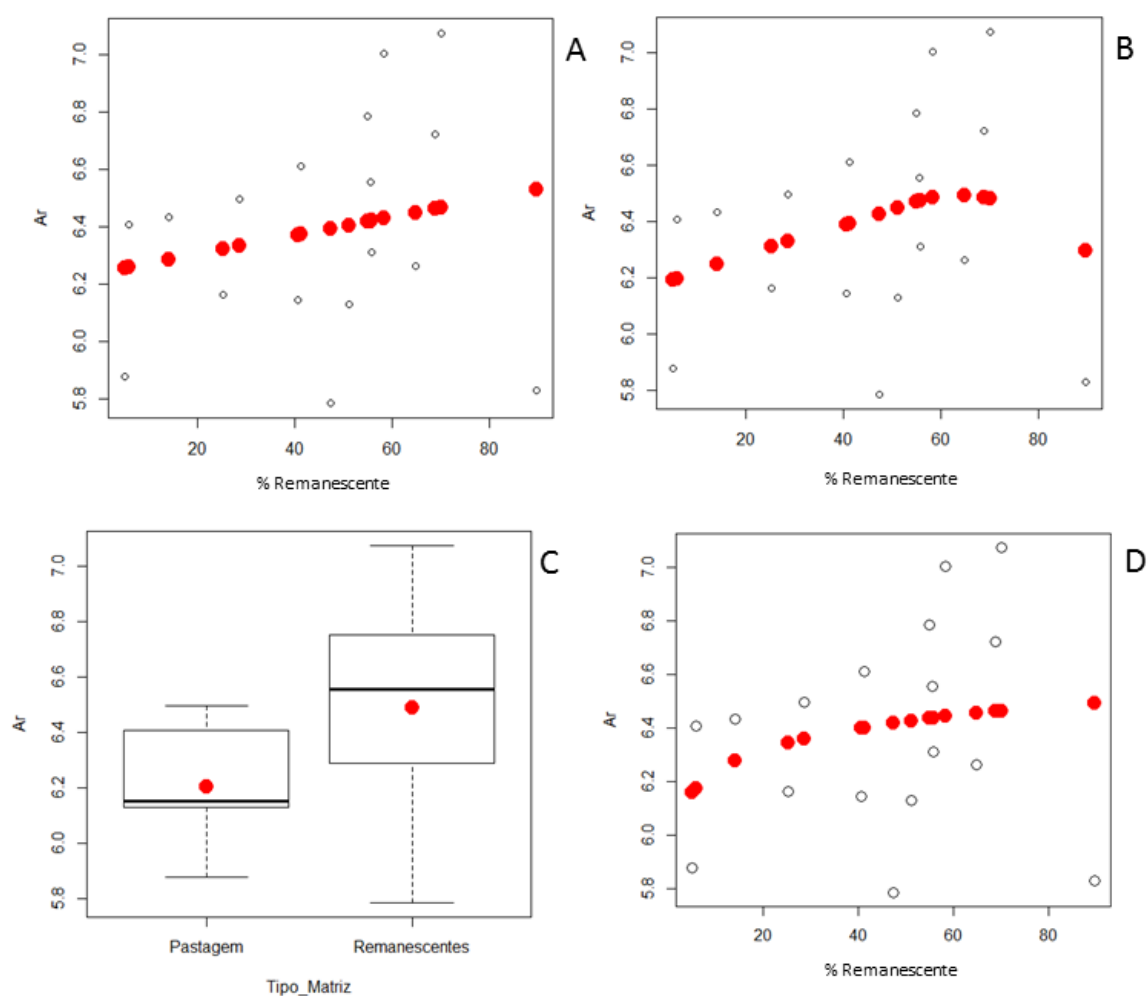


Figura 5.3 Relação entre riqueza alélica (Ar) com o tipo de matriz predominante e percentual de remanescente de vegetação natural em torno de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. A- Teste utilizando GLM entre % remanescente e Ar ; B- teste utilizando GAM entre % remanescente e Ar ; C- Teste utilizando GLM entre tipo de matriz e Ar , as linhas grossas dentro das caixas representam as medianas, os *Whiskers* representam os valores máximos e mínimos observados; D- teste utilizando MLe entre % remanescente e Ar

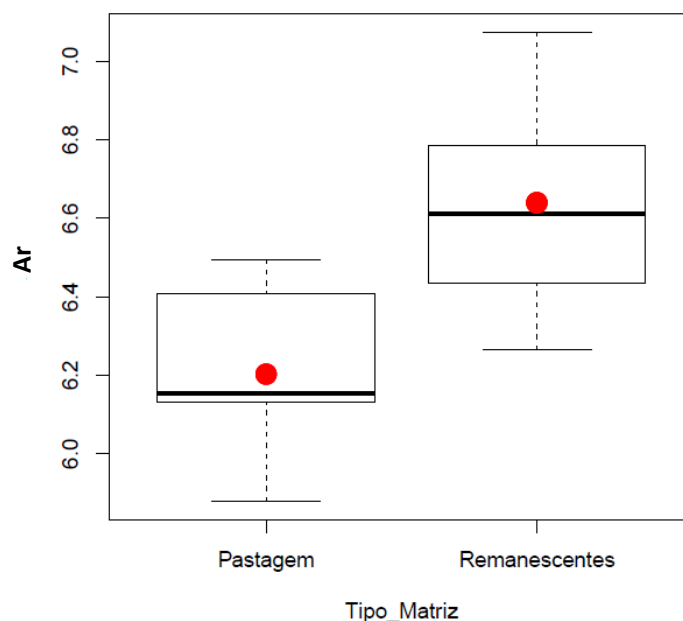


Figura 5.4 Whisker plot do teste de correlação entre riqueza alélica e tipo de matriz predominante em torno de 15 populações de *Anarcadium occidentale*, utilizando o modelo GLM. As linhas grossas dentro das caixas representam as medianas, os Whiskers representam os valores máximos e mínimos observados

Tabela 5.3 Seleção de modelo para riqueza alélica (Ar) em 15 populações de *Anarcadium occidentale*, utilizando critério de Akaike

Modelo estatístico	Variável preditiva	AICc	df	$\Delta AICc$	WAICc
GLM	tipo de Matriz	8,4	3	0,0	0,5727
GLM	%remanescente/tipo de matriz	11,3	4	2,9	0,1328
GLM	% remanescente	11,3	3	3,0	0,1297
Mle	% remanescente	12,3	3	4,0	0,0786
GAM	% remanescente	12,5	3	4,1	0,023
GLM	Nulo	15,8	3	7,4	0,0140

5.3.3 Diferenciação genética e efeitos da paisagem

Baseado na análise Bayesiana de diferenciação genética dos indivíduos, o método Evanno et al. (2005) indicou K=4 como sendo o número ideal de grupos que representam a diferenciação genética das populações (Figura 5-5 e Apêndice L). No entanto, para obter resultados que discriminem melhor a estruturação genética existente, foi utilizado o segundo maior valor de ΔK ($k = 6$, Apêndice N). Por exemplo, com seis grupos foi possível identificar a diferenciação genética das populações BSA e MAT em relação à CAL e FAI (Figura 5-5 B).

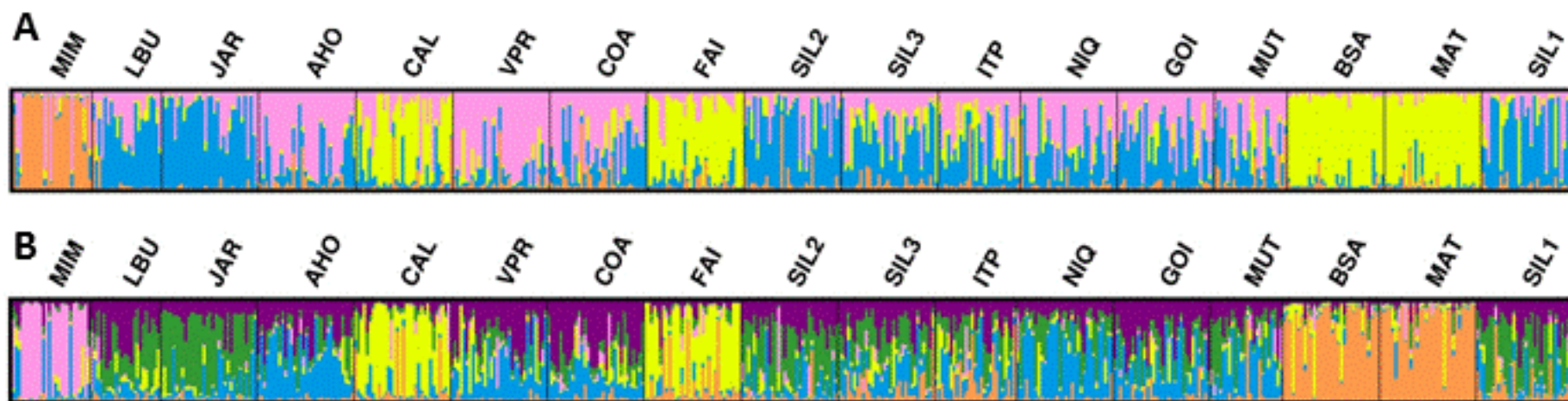


Figura 5.5 Atribuição de grupos genéticos, pelo método Bayesiano, para indivíduos de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. A) Grupos para K = 4; B) Grupos para K = 6. Os grupos estão diferenciados pelas cores, cada linha vertical indica um indivíduo e a atribuição nos grupos

De acordo com a triangulação de Delaunay (Figura 5-6), foi identificada descontinuidade genética entre oito pares de populações, sendo eles JAR-GOI, MIM-VPR, MIM-COA, SIL1-SIL2, JAR-CAL, JAR-BSA, BSA-CAL E MAT-FAI (Figura 5-7). A maior parte das descontinuidades ocorreu para populações que estão entre paisagens com maior antropização, basicamente a descontinuidade ocorre em áreas com maior predominância dos tipos de matriz de pastagem e agricultura (Figura 5-7), entre populações localizadas ao centro – sul do estado.

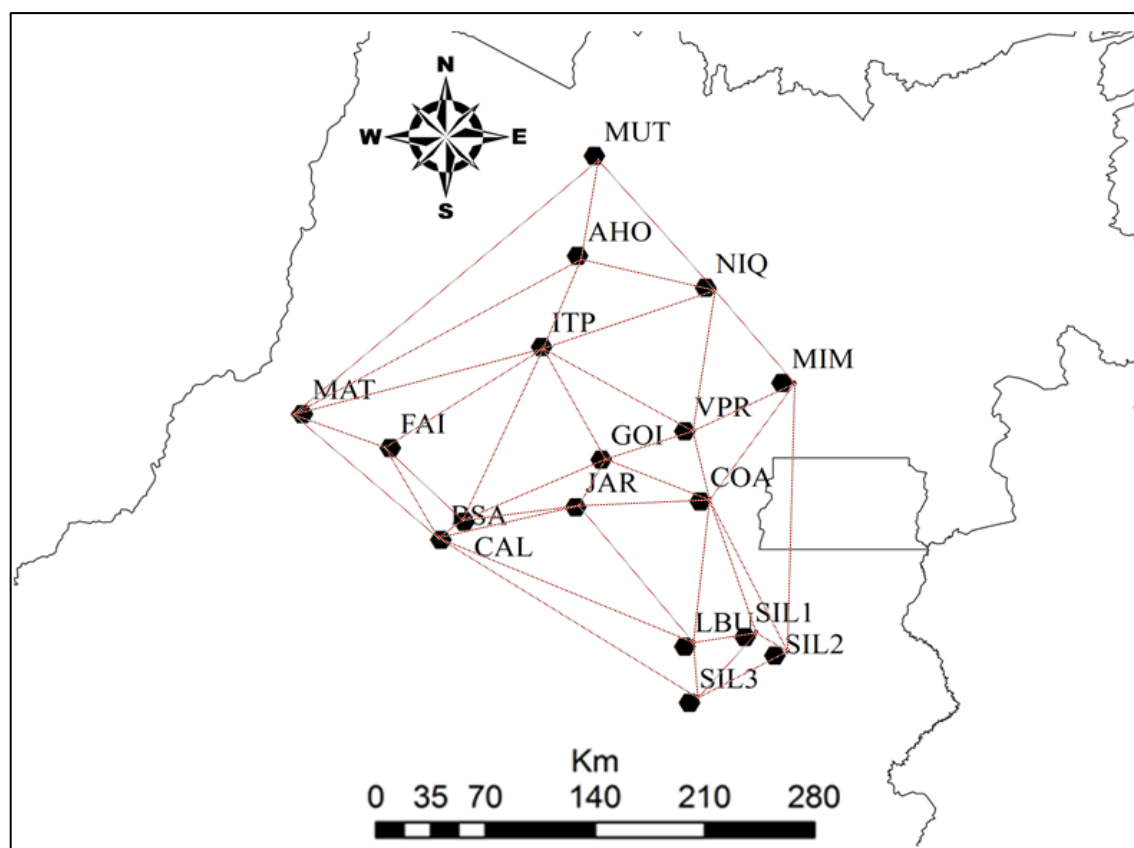


Figura 5.6 Triangulação pela rede Delaunay para dezessete populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

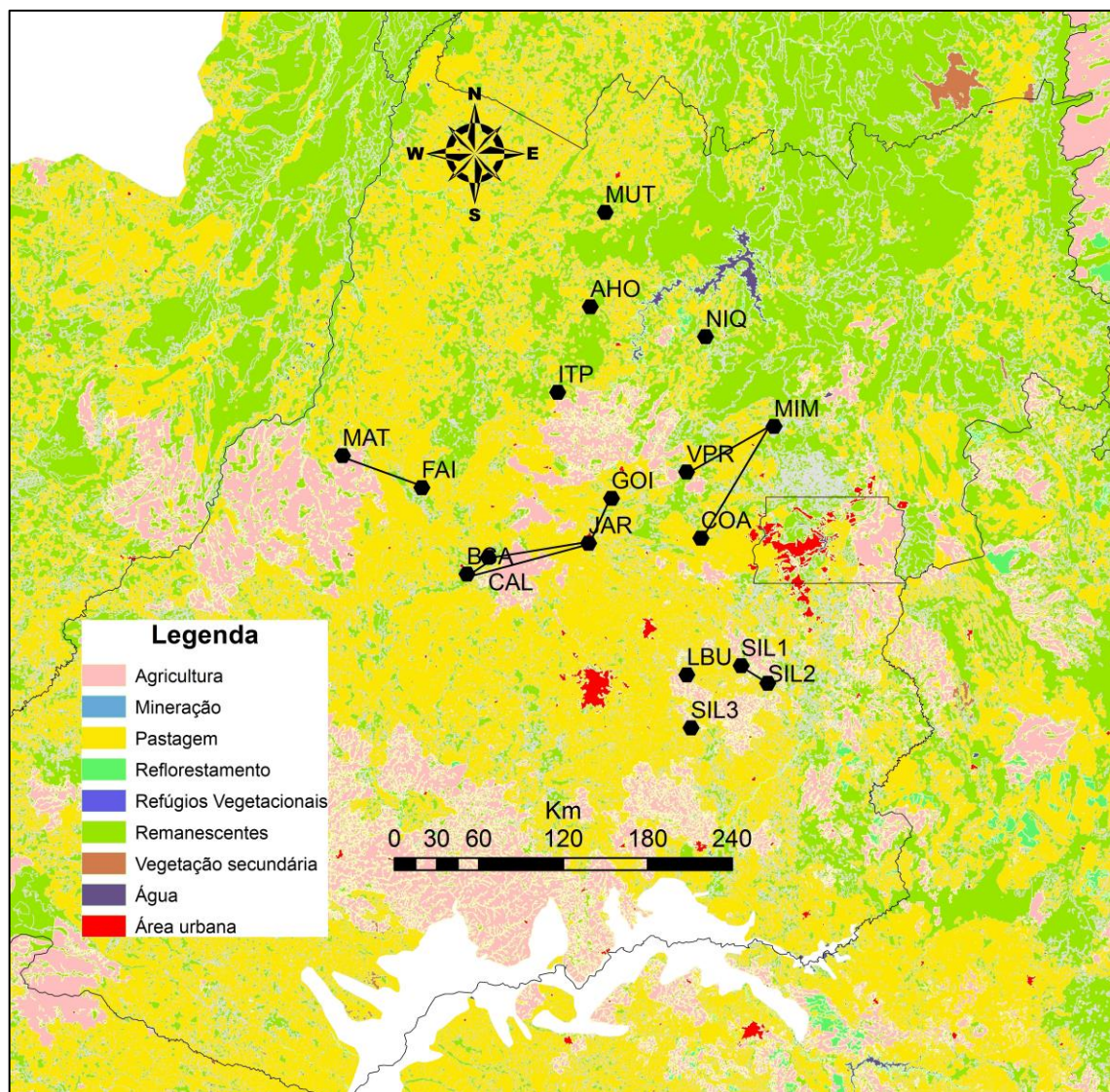


Figura 5.7 Descontinuidade genética, pela rede Delaunay, entre oito pares de populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. As linhas pretas indicam presença de descontinuidade entre as populações

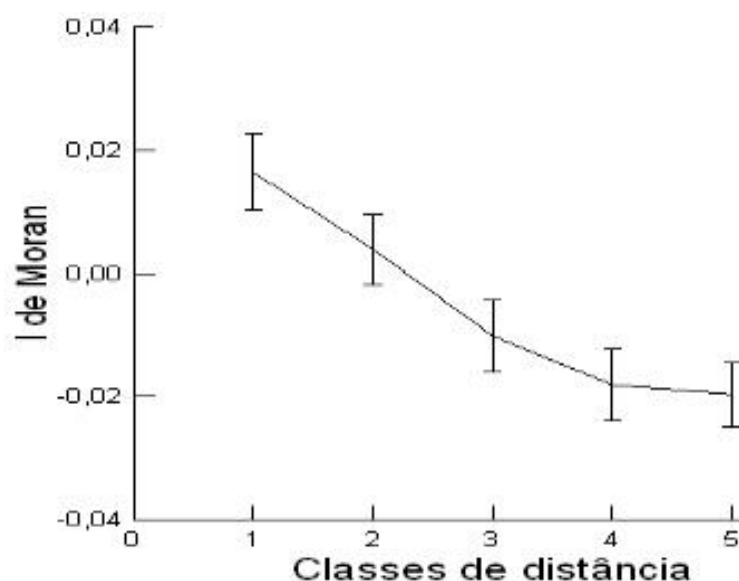
A descontinuidade e diferenciação genética entre as populações BSA e CAL ($F_{ST} = 0,104$; Apêndice I), que são geograficamente próximas (distância entre 20 km), pode ser explicada por efeitos da fragmentação e também pela diferença de altitude das duas localidades (Tabela 5-4). A diferença de altitude é devido ao fato da população BSA estar localizada na Serra dourada, a qual está sendo uma barreira geográfica para o fluxo gênico.

A diferenciação genética entre os pares das populações apresentou correlação significativa com as características da paisagem ($r^2 = 0,81$ e $p = 0,001$). O F_{ST} par a par apresentou correlação significativa com a distância geográfica, o percentual de pastagem e o percentual de agricultura (Tabela 5-4).

Tabela 5.4 Correlação entre F_{ST} par a par e características da paisagem, utilizando teste de Mantel parcial

Variáveis	R^2	Valor de p
Distância espacial	$3,83 \times 10^{-04}$	0,001
% Área urbana	$4,78 \times 10^{-03}$	0,084
% Agricultura	$4,42 \times 10^{-03}$	0,012
% Pastagem	$7,95 \times 10^{-03}$	0,006
% Remanescente veg. Nat.	$8,70 \times 10^{-04}$	0,641
Resistência abelhas	$-1,33 \times 10^{-02}$	0,498
Resistência morcegos	$3,25 \times 10^{-02}$	0,222

O teste de Mantel foi significativo ($r^2 = 0,81$ e $p = 0,001$), indicando relação entre distância genética e distância espacial das populações. A autocorrelação foi significativa para a primeira e segunda classes de distâncias, que corresponde a uma distância de aproximadamente 130 km (Figura 5-8). Para as classes de distância mais longas, 4 e 5, a partir de aproximadamente 340 km, a correlação foi negativa e significativa.

**Figura 5.8** Autocorrelação espacial das frequências alélicas de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado para cinco classes de distâncias (em Km). As barras verticais indicam o erro padrão

5.4 DISCUSSÃO

A intensificação das ações antropogênicas no Cerrado, iniciadas há aproximadamente trinta anos (Telles et al., 2003), causaram perda de habitat e fragmentação da paisagem. Estudos demonstram que perturbações nos habitats causam perdas genéticas nas populações de plantas (ex.: Soares et al., 2008; Diniz-Filho et al., 2009; Han et al., 2013).

As populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado estão inseridas em remanescentes de habitat bastante fragmentados, no entanto, foi encontrado altos níveis de diversidade genética. Provavelmente a diversidade ainda encontrada é decorrente de fatores da história de vida da espécie que geraram um grande tamanho efetivo populacional. Outro fator que pode explicar os altos valores de diversidade genética mesmo as populações estando fragmentadas, é o fato dos os eventos de perturbações antrópicas terem iniciado recentemente no Cerrado. Para espécie com ciclo de vida longo a redução da diversidade demorar um tempo maior para ser percebida (Collevatti et al., 2001; Moreira et al., 2009; Chung et al., 2014), como para *A. occidentale* que é perene. Também explica o fato de não ter sido encontrada relação entre as características da paisagem contemporânea e a variação da diversidade genética.

Resultado parecido foi encontrado para orquídea da espécie *Cymbidium goeringii*, em que comparando populações de áreas fragmentadas e áreas preservadas foi observado que as fragmentadas tiveram menor riqueza alélica e maior diferenciação genética (Chung et al., 2014).

Os valores de riqueza alélica das populações apresentaram variação como consequência da fragmentação e da perda de habitat. Foi encontrada relação significativa da riqueza alélica com o percentual de remanescente de vegetação natural e o tipo de matriz existente em torno das populações. Os maiores valores foram encontrados em populações com maior percentual de remanescente e quando a pastagem não foi a paisagem predominante. A perda de riqueza alélica ocorre quando há redução no tamanho das populações (Kramer et al., 2008), diante disso, supõe-se que as populações de *A. occidentale* tiveram redução de seus tamanhos. A riqueza alélica é bastante suscetível às alterações na paisagem, detecta precocemente os efeitos da fragmentação, com isso, é considerado um excelente parâmetro para estudos de genética da conservação. O fato de a espécie ser amplamente distribuída e ter ocorrido intensa fragmentação do habitat, pode

contribuir para que haja perda de alelo. Resultado parecido foi encontrado para orquídea da espécie *Cymbidium goeringii*, em que comparando populações de áreas fragmentadas e áreas preservadas foi observado que as fragmentadas tiveram menor riqueza alélica e maior diferenciação genética (Chung et al., 2014).

As populações apresentaram fraca estruturação genética, com padrão espacial de diferenciação, indicando que o fluxo gênico segue o modelo de isolamento por distância e que há equilíbrio entre mutação e deriva genética. O padrão de isolamento por distância encontrado nas populações provavelmente está relacionado ao comportamento dos polinizadores, em que, apesar das abelhas alcançarem longas distâncias (Dick et al., 2003), o forrageamento concentra-se entre vizinhos mais próximos (Levin & Kerster, 1974). No entanto, a baixa correlação para a classe do teste de Mantel e autocorrelação com a menor distância geográfica, indica que existem outros efeitos que estão contribuindo para a redução do fluxo gênico além da distância espacial, como exemplo a fragmentação da paisagem (Soares et al., 2008).

A endogamia encontrada nas populações está relacionada ao sistema reprodutivo da espécie, em que o sistema preferencialmente alógamo e a autocompatibilidade possibilitam a autofecundação e cruzamentos entre indivíduos aparentados. No entanto, a variação nos níveis de endogamia foi relacionada ao tipo de matriz que predomina em torno das populações. Os maiores níveis de endogamia foram relacionados à predominância de pastagem. Provavelmente, com a fragmentação houve aumento do cruzamento entre indivíduos aparentados dentro das populações devido à restrição do fluxo gênico. A relação da endogamia com a paisagem foi observada para o *buffer* de menor escala (2 km), o que está relacionado ao comportamento de forrageamento dos polinizadores, considerando o principal polinizador atualmente, abelhas *Apis mellifera*, foi relatada que a dispersão de pólen ocorre em média até 3,2 km (Dick et al., 2003; Conson et al., 2013).

É esperado aumento da endogamia uma geração após a redução do tamanho populacional (Young et al., 1996; Lowe et al., 2005), isso pode explicar a detecção dos efeitos da fragmentação sobre a endogamia e não na diversidade genética. Em alguns estudos com plantas não foi observado efeito da fragmentação sobre a endogamia (ex.: Honnay & Jacquemyn, 2007; Vranckx et al., 2012; Chung et al., 2014), isso pode estar relacionado a diversos fatores, como a ausência de homozigotos para os alelos raros (Honnay & Jacquemyn, 2007).

A endogamia é uma questão importante para a conservação das populações, principalmente para populações com redução de tamanho devido à fragmentação, pelo fato de aumentar a homozigose (Chaves et al., 2011). Manter a heterozigosidade é de fundamental importância, pois a capacidade de uma população reagir às mudanças ambientais está estreitamente relacionada com a diversidade genética. Além de que, a redução na heterozigosidade quase sempre causa redução na aptidão devido à depressão endogâmica (Reed & Frankham, 2003).

Alguns autores destacaram que a utilização de parâmetros que estimam a diferenciação genética, como o F_{ST} , para avaliar o padrão de fluxo gênico, refletem os padrões históricos e não o fluxo gênico da paisagem contemporânea (Manel & Holderegger, 2013). Porém, foi observado que a diferenciação genética pode refletir melhor as características da paisagem contemporânea do que a paisagem existente no passado (Zellmer & Knowles, 2009; Landguth et al., 2010b). O resultado de diferenciação genética, F_{ST} par a par, encontrada entre as populações avaliadas neste trabalho corrobora a afirmação de que este parâmetro reflete a paisagem atual, uma vez que a diferenciação foi maior entre populações localizadas em meio a paisagem com maior degradação.

A diferenciação genética das populações foi relacionada com o percentual de pastagem e agricultura existente entre as populações, houve maior diferenciação em áreas com grande percentual destes dois tipos de matriz. A descontinuidade genética ocorreu entre populações em paisagem com grande percentual de pastagem e agricultura. Estas descontinuidades são correspondentes com os grupos formados pela análise Bayesiana, por exemplo, indivíduos das populações BSA e JAR, BSA e CAL, BSA e JAR, CAL e JAR, MIM e COA e MIM e VPR apresentaram descontinuidade e estão em grupos diferentes. Uma hipótese para explicar a descontinuidade genética, é que o fluxo gênico entre as populações foi reduzido devido ao grande isolamento causado pela fragmentação.

O polinizador *Apis mellifera* e o dispersor da semente *Artibeus lituratus* apresentam resiliência em relação às alterações na paisagem (Dick et al., 2003; McCulloch et al., 2013), percorrem grandes distâncias em busca de recurso (Dick et al., 2003; Wray et al., 2014). Devido a esse alto potencial de dispersão, a vizinhança genética pode ser expandida e a conectividade entre populações mantida por mais tempo. No entanto, mediante intensa fragmentação e grande aumento do isolamento a mobilidade destes animais podem não alcançar populações adjacentes (McCulloch et al., 2013) ou árvores isoladas em pastagem, impedindo o fluxo gênico.

Apesar de não ter sido encontrada relação da diferenciação genética com resistência da matriz neste trabalho, foi descrito que morcegos evitam matriz de pastagem (Estrada et al., 1993). Este comportamento pode ter alguma contribuição para a descontinuidade genética, pois, apesar de ser destacada a maior participação da dispersão de pólen para o fluxo gênico, estudos recentes demonstram que a dispersão de semente pode ter importância igual para a conectividade genética das populações (Jordano et al., 2007; Freeland et al., 2012).

Os resultados deste trabalho demonstram a grande influência da paisagem em moldar a estruturação populacional e como fatores externos, como ações antropogênicas e o clima, interferem nessa dinâmica. A influência da paisagem na estruturação genética também foi observada para a espécie *Dipteryx alata*, para as populações localizadas na região sul do estado de Goiás, onde existe maior densidade populacional humana (ver Rangel et al., 2007), ocorreu descontinuidade genética (Soares et al., 2008).

A descontinuidade genética entre as populações BSA e CAL pode estar relacionada não apenas à perturbações no habitat, mas também à barreira geográfica formada por serras já a população BSA está localizada próxima à Serra Dourada. Em espécies de plantas ainda permanecem pouco investigados os efeitos do tipo de matriz sobre a dinâmica populacional, este é um desafio futuro que irá contribuir para o melhor entendimento dos fatores que podem reduzir fluxo gênico na espécie (Prevedello & Vieira, 2010; Ibáñez et al., 2014).

Entre as populações MIM e MAT, que estão em extremidades opostas na área de ocorrência da espécie, foi observada maior diferenciação genética quando comparado às outras populações. Esta diferença pode estar relacionada a processos atuais, como isolamento e redução do tamanho efetivo ou a efeitos de processos históricos, como colonização relacionada aos ciclos de glaciação. Identificar o processo responsável por esta diferenciação não é fácil, exige que também sejam feitas avaliações utilizando outras abordagens, como modelagem de nichos (Diniz-Filho et al., 2009).

5.5 CONCLUSÕES

As populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado possuem alta diversidade genética, mesmo estando em paisagem fragmentada.

A riqueza alélica apresentou redução em consequência das alterações no habitat.

Maiores níveis de endogamia foram observados quando houve maior fragmentação e a pastagem predominou a paisagem.

Em paisagem com maior antropização o fluxo gênico foi reduzido, causando descontinuidade genética.

Estes resultados indicam que para a manutenção de grandes áreas de remanescentes de Cerrado é importante para a persistência da espécie a longo prazo em áreas antropizadas.

.

6 CONCLUSÕES GERAIS

- O conjunto de locos utilizados nas análises são altamente polimórficos, não estão em desequilíbrio de ligação e apresentam alto poder de discriminação individual.
- A espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado possui sistema reprodutivo preferencialmente alógamo, conforme indica as taxas de fecundação cruzada e autofecundação.
- As sementes de uma árvore de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado podem apresentar múltipla paternidade.
- As populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado possuem alta variabilidade genética.
- A coleção de germoplasma de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado da Escola de Agronomia da UFG possui alta variabilidade genética, sendo representativa em relação às vinte populações espontâneas do Cerrado.
- A variabilidade genética é significativamente estruturada dentro das populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado.
- Em escala local a dispersão via pólen e sementes se mostraram efetivas em homogeneizar a distribuição dos alelos.
- A dispersão via pólen ocorre preferencialmente entre vizinhos próximos.
- Existe padrão espacial na variabilidade genética entre as populações, sugerindo que a diferenciação genética tenha originado pelo modelo de fluxo gênico de isolamento por distância.
- As características da paisagem podem influenciar nos níveis de riqueza alélica das populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado
- demonstrando a influência das ações antropogênicas na genética populacional.

7 REFÊNCIAS

AGOSTINI-COSTA, T. S.; BARBOSA, D. J.; VIEIRA, R. F.; SANO, S. M.; FERREIRA, F. R. Espécies de maior relevância para a região Centro - Oeste. In: VIEIRA, R. F. S. (Eds.). **Frutas Nativas da Região Centro-Oeste do Brasil**. 1. ed. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006a. cap. 1, p. 12–25.

AGOSTINI-COSTA, T. S.; FARIA, J. P. Cajus do Cerrado. In: VIEIRA, R. F. (Eds.). **Frutas Nativas da Região Centro-Oeste do Brasil**. 1. ed. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006b. cap. 8, p. 136–151.

AGUILAR, R.; ASHWORTH, L.; GALETTO, L.; AIZEN, M. A.. Plant reproductive susceptibility to habitat fragmentation : review and synthesis through a meta-analysis. **Ecology Letters**, Oxford, v. 9, p. 968–980, 2006.

AGUILAR, R.; QUESADA, M.; ASHWORTH, L.; HERRERIAS - DIEGO, YVONNE.; LOBO, J. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations : susceptible signals in plant traits and methodological approaches. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 17, p. 5177–5188, 2008.

AKINWALE, S. A.; ESAN, E. B. Advances in cashew breeding in Nigeria. In: RESEARCH, P. IN T. C. (Ed.). 2. ed. Ibadan: **Cocoa Research Institute of Nigeria**, 1989. p. 166–174.

ALBALADEJO, R. G.; SEBASTIANI, F.; APARICIO, A.; BUONAMICI, A. Development and characterization of eight polymorphic microsatellite loci from *Pistacia lentiscus* L. (Anacardiaceae). **Molecular Ecology Resources**, Oxford, v. 12, p. 904–906, 2008.

ALIYU, O. M.; AWOPETU, J. A. Multivariate Analysis of Cashew (*Anacardium occidentale* L.) Germplasm in Nigeria. **Silvae Genetica**, Joensuu, v. 56, p. 170–179, 2007a.

ALIYU, O. M.; AWOPETU, J. A. Chromosome studies in Cashew (*Anacardium occidentale* L.). **African Journal of Biotechnology**, Kenya v. 6, n. 2, p. 131–136, 2007b.

ALIYU, O. M.; AWOPETU, J. A. Assessment of genetic diversity in three populations of cashew (*Anacardium occidentale* L.) using protein- isoenzyme-electrophoretic analysis. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Doedrecht, v. 54, p. 1489–1497, 2007c.

ALIYU, O. M. Compatibility and fruit-set in cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Euphytica**, Dordrecht, v. 160, p. 25–33, 2008.

ALIYU, O. M. Genetic Diversity of Nigerian Cashew Germplasm. In: CALISKAN, M. (Ed.). **Genetic Diversity in Plants**. 1. ed. Germany: InTech, 2012. p. 163–184.

ALMEIDA, D.; MARCHINI, L. C.; SODRÉ, G. S.; D'ÁVILA, M.; ARRUDA, C. M. F. **Plantas visitadas por abelhas e polinização**. Piracicaba- Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ, 2003.

ALMEIDA, J. I. L.; ARAÚJO, F. E.; LOPES, J. G. V. **Evolucao do cajueiro anão precoce na Estação Experimental de Pacajus, Ceará EPACE, Fortaleza**. 1. ed. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 1993. p. 17

APARICIO, A.; HAMPE, A.; FERNÁNDEZ-CARRILLO, L.; ALBALADEJO, R.G. Fragmentation and comparative genetic structure of four mediterranean woody species: complex interactions between life history traits and the landscape context. **Diversity and Distributions**, Oxford, v. 18, p. 226–235, 2012.

ARAÚJO, I. M. S.; ZAMPA, M.F.; MOURA, J.B.; SANTOS JR., J.R.; EATON, P. ; ZUCOLOTO, V.; VERAS, L.M.C.; PAULA, R.C.M.; FEITOSA, J.P.A.; LEITE, J.R.S.A.; EIRAS, C. Contribution of the cashew gum (*Anacardium occidentale* L.) for development of layer-by-layer films with potential application in nanobiomedical devices. **Materials Science & Engineering**, California, v. 32, p. 1588–1593, 2012.

ARAÚJO, J. P. P.; SILVA, V. V. **Cajucultura: modernas técnicas de produção**. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1995. p. 186

ARCHAK, S.; GAIKWAD, A. B.; SWAMY, K. R. M.; KARIHALOO, J. L. Genetic analysis and historical perspective of cashew (*Anacardium occidentale* L.) introduction into India. **Genome**, Ottawa, v. 52, p. 222–230, 2009.

ASHLEY, M. V. Plant parentage, pollination, and dispersal: how DNA microsatellites have altered the landscape. **Critical Review Plant Science**, Philadelphia, v. 29, p. 148–161, 2010.

ASSIS, K. C.; PEREIRA, F. D.; SILVA, J.; CABRAL, R.; SILVA, G.; SILVA, J.W.; CORREA, S. In vitro cultivation of *Anacardium othonianum* Rizz.: effects of salt concentration and culture medium volume. **Acta Scientiarum**, Maringa, v. 34, p. 77–83, 2012.

AUSTERLITZ, F.; SMOUSE, P. E. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. II. Relationship between Φ FT, pollen dispersal and inter-females distances. **Genetics**, Baltimore, v. 157, p. 851–857, 2001.

AUSTERLITZ, F.; SMOUSE, P. E. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. IV. Estimating the dispersal parameter. **Genetics**, Baltimore, v. 161, p. 355–363, 2002.

AVISE, J. C. **Phylogeography: the history and information of species**. Cambridge: Harvard University Press, 2000, p. 447.

BACLES, C. F. E.; BURCZYK, J.; LOWE, A. J.; ENNOS, R. A. Historical and contemporary mating patterns in remnant populations of the forest tree *Fraxinus excelsior* L. **Evolution**, Lawrence, v. 59, n. 5, p. 979–90, 2005.

BALLOUX, F.; LUGON-MOULIN, N.; HAUSSE, J. Estimating gene flow across hybrid zones: How reliable are microsatellites? **Acta Theriologica**, Bialystok, v. 45, p. 93–101, 2000.

BARNETT, R.; YAMAGUCHI, N.; BARNES, I.; COOPER, A. The origin, current diversity and future conservation of the modern lion (*Panthera leo*). **Proceedings of the Royal Society B: Biological Science**, London, v. 273, p. 2119–2125, 2006.

BARRETT, S. C. H.; HARDER, L. D. Ecology and evolution of plant mating. **Tree**, Oxford, v. 11, p. 73–79, 1996.

BARRETT, S. C. H. Mating strategies in flowering plants : the outcrossing–selfing paradigm and beyond. **The Royal Society**, London, v. 358, p. 991–1004, 2003.

BARROS, L. M. Botânica, origem e distribuição geográfica. In: ARAÚJO, J. P. P. DE; SILVA, V. V. DA (Eds.). **Cajucultura: modernas técnicas de produção**. 1. ed. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 1995. p. 53–69.

BARROS, L. D. M.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V. Recursos genéticos de cajueiro : situação atual e estratégias para o futuro . In: BARROS, L. D. M.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V. (Eds.). **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. Brasília: Embrapa Cerrados, 1999. p. 1–22.

BARROS, L. M.; CAVALCANTI, J. J. V.; PAIVA, J. R.; CRISÓSTOMO, J. R.; CORRÊA, M. P. F.; LIMA, A. C. Seleção de clones de cajueiro anão para o plantio comercial no Estado do Ceará. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, p. 2197–2204, 2000.

BARROS, L. D. M. Banco ativo de germoplasma de caju: variabilidade, caracterização e utilização. **CNPAT-Embrapa**, v. 1, p. 1–9, 2006.

BARROS, L. M. **Caju: produção aspectos técnicos. Frutas do Brasil**. Brasília: Embrapa Agroindústria Tropical, 2002, p. 150.

BATISTINI, A. P.; TELLES, M. P. C.; BERTONI, B. W.; COPPEDE, J. S.; MÔRO, F. V.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S. Genetic diversity of natural populations of *Anemopaegma arvense* (Bignoniaceae) in the Cerrado of São Paulo State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 8, p. 52–63, 2009.

BAWA, K. S. Mating systems, genetic differentiation and speciation in tropical rain forest plants. **Biotropica**, Zurich, v. 24, p. 250–255, 1992.

BELAOUSSOFF, S.; SHORE, J. S. Floral correlates and fitness consequences of mating-system variation in *Turnera ulmifolia*. **Evolution**, Lawrence, v. 49, p. 545–556, 1995.

BERTONI, B. W.; ASTOLFI FILHO, S.; MARTINS, E. R.; FERREIRA, C. D.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S.; TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F. Genetic variability in natural populations of *Zeyheria montana* Mart. from the Brazilian Cerrado. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 64, p. 409–415, 2007.

BERTONI, B. W. BERTONI, B. W.; TELLES, M. P. C.; MALOSSO, M. G.; TORRES, S. C. Z.; PEREIRA, J. O.; LOURENÇO, M. V.; FRANÇA, S. C.; PEREIRA, A. M. S. Genetic diversity in natural populations of *Jacaranda decurrens* Cham. determined using RAPD and AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 33, n. 3, p. 532–8, 2010.

BHASKARA RAO, E. V. V.; SWAMY, K. R. M. Collecting cashew (*Anacardium occidentale* L.) germplasm from forest plantations in Karnataka, India. **Plant Genetic Resource**, Cambridge, v. 132, p. 35–38, 2002.

BIANCONI, G. V.; MIKICH, S. B.; PEDRO, W. A. Movements of bats (Mammalia, Chiroptera) in Atlantic Forest remnants in southern Brazil. **Revista Brasileira de Zoologia**, São Paulo, v. 23, n. 4, p. 1199–1206, 2006.

BITTENCOURT, J. M.; SEBBENN, A. M. Patterns of pollen and seed dispersal in a small fragmented population of a wind pollinated *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. **Heredity**, Edinburgh, v. 99, p. 580–591, 2007.

BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Pollen movement and spatial genetic structure in a continuous forest of wind-pollinated *Araucaria angustifolia*, inferred from paternity and TwoGener analysis. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 9, p. 855–868, 2008.

BOLKER, B. **bbmle: Tools for general maximum likelihood estimation**, 2012.

BORGES, R. T.; SOUZA, E. R. B.; NAVES, R. V.; BELO, A. P. M.; CAMILO, Y. M. V. Produção de mudas, coleções e estabelecimento de Caju arbóreo do Cerrado (*Anacardium othonianum*) no estado de Goiás. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v. 9, p. 2107–2120, 2013.

BORN, C.; HARDY, O. J.; CHEVALLIER, M. H.; OSSARI, S.; ATTÉKÉ, C.; WICKINGS, E. J.; HOSSAERT-MCKEY, M. Small-scale spatial genetic structure in the Central African rainforest tree species *Aucoumea klaineana*: a stepwise approach to infer the impact of limited gene dispersal, population history and habitat fragmentation. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 17, p. 2041–2050, 2008.

BOSHIER, D. H.; CHASE, M. R.; BAWA, K. S. Population genetics of *Cordia alliodora* (Boraginaceae), a neotropical tree. 3. Gene flow, neighborhood, and population substructure. **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 3, p. 484–490, 1995.

BOUCHER, Y.; GRONDIN, P.; AUGER, I. Land use history (1840 – 2005) and physiography as determinants of southern boreal forests. **Landscape Ecology**, Dordrecht, v. 29, p. 437–450, 2014.

BRAGA, A. C.; COLLEVATTI, R. G. Temporal variation in pollen dispersal and breeding structure in a bee-pollinated Neotropical tree. **Heredity**, Edinburgh, v. 106, n. 6, p. 911–9, jun. 2011.

BREDT, A.; VIEDA, W.; WAGNER ANDRÉ PEDRO. **Plantas e Morcegos - Na recuperação de áreas degradadas e na paisagem urbana**. Brasília, Universidade Federal de Brasília. 2012, p. 276.

BROWN, A. H. D. Genetic characterization of plant mating systems. In: BROWN, A. H. D. (Ed.). **Plant population genetics, breeding and germplasm resources**. Sunderland. 1989, p. 145–162.

BRUNET, J.; ECKERT, C. G. Effects of floral morphology and display on outcrossing in blue columbine, *Aquilegia caerulea* (Ranunculaceae). **Functional Ecology**, Oxford, v. 12, p. 596–606, 1998.

BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. **Model Selection and Multimodel Inference. A Practical Information - Theoretical Approach**. New York: Springer, 2002. p. 528

BUTCHART, S. H. M.; WALPOLE, M.; COLLEN, B.; STRIEN, A. V.; SCHARLEMANN, J. P. W.; ALMOND, R. E. A.; BAILLIE, J. E. M.; BOMHARD, B.; BROWN, C.; CARPENTER, J. B. K.E.; CARR, G. M.; CHANSON, J.; CHENERY, A. M.; CSIRKE, J.; DAVIDSON, N. C.; DENTENER, F.; FOSTER, M.;

CADOTTE, M. W. Experimental evidence that evolutionarily diverse assemblages result in higher productivity. **PNAS**, Washington, v. 110, n. 22, p. 8996–9000, 2013.

CARNEIRO, J. G. A.; AGUIAR, I. B. Armazenamento de sementes. In: AGUIAR, I. B.; PIÑA-RODRIGUES, F. C. M.; FIGLIOLIA, M. B. (Eds.). **Sementes florestais tropicais**. Brasília: ABRATES, 1993. p. 333–350.

CARVALHO, C. S. **O papel da estrutura da paisagem na variabilidade genética da palmeira Euterpe edulis na Mata Atlântica**. 2013. 70 f. Dissertação (Mestrado em Ecologia: Ecologia e Evolução)- Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

CARVALHO, R. S.; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F.; SANTOS, S. C.; DIAS, L. A. S. Variabilidade genética de Cajuzinho-do-Cerrado (*Anacardium humile* ST. HILL.) por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 34, p. 227–233, 2012.

CAVALCANTI, J. J. V.; NETO, F. DAS C. V.; BARROS, L. DE M. Avanços , desafios e novas estratégias do melhoramento genético do cajueiro no Brasil. In: CAVALCANTI, J. J. V.; NETO, F. DAS C. V.; BARROS, L. DE M. (Eds.). **Melhoramento Genético de Plantas no Nordeste**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2013. p. 151–174.

CAVALCANTI JÚNIOR, A. T.; CHAVES, J. C. M. **Produção de mudas de cajueiro**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical. 2001, p. 43.

CHANGTRAGOON, S. The potential for using molecular markers to facilitate gene management and the in situ and ex situ conservation of tropical forest. In: Luoma-aho, T.; Hong, L.T.; Ramanatha Rao, V.; Sim, H.C. **Forest Genetic Resources Conservation and Management: Proceedings of the Asia Pacific Forest Genetic Resources Programme (APFORGEN) Inception Workshop**, 2003, p. 305-315.

CHARLESWORTH, D.; MORGAN, M. T.; CHARLESWORTH, B. Inbreeding depression, genetic load, and the evolution of outcrossing rates in a multilocus system with no linkage. **Evolution**, Lawrence, v. 44, p. 1469–1489, 1990.

CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; SILVA, R. S.M.; TELLES, M. P. C.; ZUCCHI, M. I.; COELHO, A. S. G. Estimating inbreeding depression in natural plant populations using quantitative and molecular data. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 12, p. 569–576, 2011.

CHIPOJOLA, F. M.; MWASE, W. F.; KWAPATA, M. B.; BOKOSI, J. M.; NJOLOMA, J. P.; MALIRO, M. F. Morphological characterization of cashew (*Anacardium occidentale* L.) in four populations in Malawi. **African Journal of Biotechnology**, Kenya v. 8, n. 20, p. 5173–5181, 2009.

CHUNG, M. Y. Nason, J. D.; López-Pujol, J.; Yamashiro, T.; Yang, B.Y.; Luo, Y.B.; Chung, M. G. Genetic consequences of fragmentation on populations of the terrestrial orchid *Cymbidium goeringii*. **Biological Conservation**, Oxford, v. 170, p. 222–231, fev. 2014.

CHUNG, M. Y.; LÓPEZ-PUJOL, J.; CHUNG, M. G. Low genetic diversity in marginal populations of *Bletilla striata* (Orchidaceae) in southern Korea: Insights into population history and implications for conservation. **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, v. 46, p. 88–96, 2013.

CLEGG, M. T. Measuring plant mating systems. **BioScience**, Whashington, v. 30, p. 814–818, 1980.

COLLEVATTI, R. G.; GRATTAPAGLIA, D.; HAY, J. D. Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 10, p. 349–356, 2001.

COLLEVATTI, R. G.; LIMA, J. S.; SOARES, T. N.; TELLES, M. P. C. Spatial Genetic Structure and Life History Traits in Cerrado Tree Species: Inferences for Conservation. **Natureza & Conservação**, Rio de Janeiro, v. 08, n. 01, p. 54–59, 2010a.

COLLEVATTI, R. G.; ESTOLANO, R.; GARCIA, S. F.; HAY, J. D. Short-distance pollen dispersal and high self-pollination in a bat-pollinated neotropical tree. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 6, n. 4, p. 555–564, 2010b.

COLLEVATTI, R. G.; TELLES, M. P. C.; NABOUT, J. C.; CHAVES, L. J.; SOARES, T. N. Demographic history and the low genetic diversity in *Dipteryx alata* (Fabaceae) from Brazilian Neotropical savannas. **Heredity**, Edinburgh, p. 1–9, 2013.

COLLEVATTI, R. G.; TELLES, M. P. C.; LIMA, J. S.; GOUVEIA, F. O.; SOARES, T. N. Contrasting spatial genetic structure in *Annona crassiflora* populations from fragmented and pristine savannas. **Plant Systematics and Evolution**, Oxford, v. 300, p. 1719–1727, 2014.

CONSON, A. R. O.; RUAS, E. A.; BIANCHINI, E.; PRIOLI, A. J.; RUAS, C. F.; RUAS, P. M. Genetic structure of the Atlantic Rainforest tree species *Luehea divaricata* (Malvaceae). **Genetica**, Washington, v. 141, p. 205–215, 2013.

CORNUET, J. M.; LUIKART, G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. **Genetics**, Baltimore, v. 144, n. 4, p. 2001–14, dez. 1996.

CORREA, G. D. C.; NAVES, R. V.; ROCHA, M. R.; CHAVES, L. J.; BORGES, J. D. Determinações físicas em frutos e sementes de Baru (*Dipteryx alata* Vog.), Cajuzinho (*Anacardium othonianum* Rizz.) e Pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.), visando melhoramento genético. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 24, p. 42–47, 2008.

COTA, L. G.; MOREIRA, P. A.; MENEZES, E. V.; GOMES, A. S.; ERICSSON, A. R. O.; OLIVEIRA, D. A.; MELO JR., A. F. Transferability and characterization of simple sequence repeat markers from *Anacardium occidentale* to *A. humile* (Anacardiaceae). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 4, p. 4609–4616, 2012.

CRISÓSTOMO, J. R. BARROS, L. M.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V. Melhoramento genético do cajueiro. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**, v. 1, p. 1–16, 1995.

CROXFORD, A. E.; ROBSON, M.; WILKINSON, M. J. Characterization and PCR multiplexing of polymorphic microsatellite loci in cashew (*Anacardium occidentale* L.) and their cross-species utilization. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 6, p. 249–251, 2006.

CUSHMAN, S. A.; LANDGUTH, E. L. Spurious correlations and inference in landscape genetics. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 19, p. 3592–3602, 2010.

DEVAUX, C.; LEPERS, C.; PORCHER, E. Constraints imposed by pollinator behaviour on the ecology and evolution of plant mating systems. **Journal of Evolutionary Biology**, Basel, v. 27, p. 1413–1430, 2014.

DICK, C. W. New interpretations of fine-scale spatial genetic structure. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 17, p. 1873–1876, 2008.

DICK, C. W.; HARDY, O. J.; JONES, F. A.; PETIT, R. Spatial scales of pollen and seed-mediated gene flow in tropical rain forest trees. **Tropical Plant Biology**, New York, v. 1, p. 20–33, 2008.

DICK, C. W.; ETCHELECU, G.; AUSTERLITZ, F. Pollen dispersal of tropical trees (*Dinizia excelsa*: Fabaceae) by native insects and African honeybees in pristine and fragmented Amazonian rainforest. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 12, p. 753–764, 2003.

DINIZ-FILHO, J. A. F.; NABOUT, J. C.; BINI, L. M.; SOARES, T. N.; TELLES, M. P. C.; MARCO JR., P.; COLLEVATTI, R. G. Niche modelling and landscape genetics of *Caryocar brasiliense* (“Pequi” tree : Caryocaraceae) in Brazilian Cerrado : an integrative approach for evaluating central – peripheral population patterns. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 5, p. 617–627, 2009.

DINIZ-FILHO, J. A. F.; BINI, L. M. Thirty-five years of spatial autocorrelation analysis in population genetics : an essay in honour of Robert Sokal (1926 – 2012). **Biological Journal of the Linnean Society**, London, v. 107, p. 721–736, 2012.

DINIZ-FILHO, J. A. F.; TELLES, M. P. D. C. Spatial Autocorrelation Analysis and the Identification of Operational Units for Conservation in Continuous Populations. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 16, n. 4, p. 924–935, 2002.

DOLIGEZ, A.; JOLY, H. I. Genetic diversity and spatial structure within a natural stand of a tropical forest tree species, *Carapa procera* (Meliaceae), in French Guiana. **Heredity**, Edinburgh, v. 79, p. 72–82, 1997.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Washington, v. 12, p. 13–15, 1987.

EARL, D. A.; VONHOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources**, v. 4, n. 2, p. 359–361, 13 out. 2011.

ECKERT, C. G.; SAMIS, E.; LOUGHEED, S. C. Genetic variation across species' geographical ranges : the central – marginal hypothesis and beyond. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 17, p. 1170–1188, 2008.

ENDRESS, P. K. The flowers in extant basal angiosperms and inferences on ancestral flowers. **International Journal of Plant Science**, Limerick, v. 162, p. 1111–1140, 2001.

EPPELSON, B. K.; ALVAREZ-BUYLLA, E. R. Limited seed dispersal and genetic structure in life stages of *Cecropia obtusifolia*. **Evolution**, Lawrence, v. 51, p. 275–282, 1997.

ESTOUP, A.; JARNE, P.; CORNUET, J. M. Homoplasy and mutation model at microsatellite loci and their consequences for population genetics analysis. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 11, p. 1591– 1604, 2002.

ESTRADA, A.; COATES-ESTRADA, R.; MERITT JR., D. Bat species richness and abundance in tropical rain forest fragments and in agricultural habitats at Los Tuxtlas, Mexico. **Ecography**, Copenhagen, v. 16, p. 309–318, 1993.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 14, n. 8, p. 2611–20, 2005.

FAENZA, V.; CONTICINI, L.; PARTE, L. Le collezioni nazionali e internazionali di Anacardio in Tanzania. **Riv Agric Subtrop Trop**, Firenze, v. 76, p. 191–219, 1982.

FALUYI, M. A. The natural breeding system of cashew (*Anacardium occidentale* L.) and its influence on yield in southwestern Nigeria. **Nigeria Journal Science**, Ibadan, v. 17, p. 51–60, 1983.

FALUYI, M. A. Genetic Variability among Nut Yield Traits and Selection in Cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Plant Breeding**, Berlin, v. 98, p. 257–261, 1987.

FAYARD, J.; KLEIN, E. K.; LEFE, F. Long distance dispersal and the fate of a gene from the colonization front. **Journal of Evolutionary Biology**, Basel, v. 22, p. 2171–2182, 2009.

FISCHER, J.; LINDENMAYER, D. B. Landscape modification and habitat fragmentation : a synthesis. **Global Ecology and Biogeography**, Oxford, v. 16, p. 265–280, 2007.

FOLEY, J. A.; DEFRIES, R.; ASNER, G. P.; BARFORD, C.; BONAN, G.; CARPENTER, S. R.; CHAPIN, F. S.; COE, M. T.; DAILY, G. C.; GIBBS, H. K.; HELKOWSKI, J. H.; HOLLOWAY, T.; HOWARD, E. A.; KUCHARIK, C. J.; MONFREDA, C.; PATZ, J. A.; PRENTICE, I. C.; RAMANKUTTY, N.; SNYDER, P. K. Global consequences of land use. **Science**, Washington, v. 309, p. 570–574, 2005.

FRANCESCHINELLI, E. V.; BAWA, K. S. The effect of ecological factors on the mating system of a South American shrub species (*Helicteres brevispira*). **Heredity**, Edinburgh, v. 84, n. 1, p. 116–123, 2000.

FRANKHAM, R. Relationship of Genetic Variation to Population Size in Wildlife. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 10, n. 6, p. 1500–1508, 1996.

FRANKHAM, R. Genetic adaptation to captivity in species conservation programs. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 17, n. 1, p. 325–33, 2008.

FRANKHAM, R. Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. **Biological Conservation**, Oxford, v. 143, n. 9, p. 1919–1927, 2010.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Introduction to conservation genetics**. Cambridge: Cambridge University Press, 2002, p. 640.

FREELAND, J. R.; BISS, P.; SILVERTOWN, J. Contrasting Patterns of Pollen and Seed Flow Influence the Spatial Genetic Structure of Sweet Vernal Grass (*Anthoxanthum odoratum*) Populations. **Journal of Heredity**, Washington, v. 103, n. 1, p. 28–35, 2012.

FREITAS, B. M.; PAXTON, R. J. The role of wind and insects in cashew (*Anacardium occidentale*) pollination in NE Brazil. **The Journal of Agricultural Science**, Toronto, v. 126, p. 319–326, 1996.

FREITAS, B. M.; PAXTON, R. J. A comparison of two pollinators the introduced honey bee *Apis mellifera* and an indigenous bee *Centris tarsata* on cashew *Anacardium occidentale* in its native range of NE Brazil. **Journal of Applied Ecology**, Oxford, v. 35, p. 109–121, 1998.

FREITAS, J. B.; NAVES, M. M. V. Composição química de nozes e sementes comestíveis e sua relação com a. **Revista de Nutrição**, Campinas, v. 23, n. 2, p. 269–279, 2010.

FUCHS, E. J.; HAMRICK, J. L. Mating system and pollen flow between remnant populations of the endangered tropical tree, *Guaiaecum sanctum* (Zygophyllaceae). **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 12, p. 175–185, 2011.

GAINO, A. P. S. C.; SILVA, A. M.; MORAES, M. A.; ALVES, P. F.; MORAES, M. L. T. M.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Understanding the effects of isolation on seed and pollen flow, spatial genetic structure and effective population size of the dioecious tropical tree *Myracrodruon urundeuva*. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 11, p. 1631–1643, 2010.

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

GALLI, A.; GALLOWAY, J. N.; GENOVESI, P.; GREGORY, R. D.; HOCKINGS, M.; KAPOs, V.; LAMARQUE, J. F.; LEVERINGTON, F.; LOH, J.; MCGEOCH, M. A.; MCRAE, L.; MINASYAN, A.; MORCILLO, M. H.; OLDFIELD, T. E. E.; PAULY, D.; QUADER, S.; REVENGA, C.; SAUER, J. R.; SKOLNIK, B.; SPEAR, D.; STANWELL-SMITH, D.; STUART, S. N.; SYMES, A.; TIERNEY, M.; TYRRELL, T. D.; VIÉ, J. C.; WATSON, R. Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. **Science**, Washington, v. 1164, 2010.

GALPERN, P.; MANSEAU, M.; FALL, A. Patch-based graphs of landscape connectivity : A guide to construction , analysis and application for conservation. **Biological Conservation**, Oxford, v. 144, n. 1, p. 44–55, 2011.

GASTON, K. J. **The Structure and Dynamics of Geographic Ranges**. Oxford: Oxford University Press, 2003.

GEBUREK, T.; KONRAD, H. Why the Conservation of Forest Genetic Resources has not worked. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 22, p. 267–274, 2008.

GHAZOUL, J. Pollen and seed dispersal among dispersed plants. **Biological Review**, Cambridge, v. 80, p. 413–443, 2005.

GOLDSTEIN, D. B.; SCHLOTTERER, C. **Microsatellites Evolution and Applications**. Oxford: Oxford University Press, 1999. p. 368

GOMES, L.; LENZA, E.; MARACAHIPES, L.; MARIMON, B.S.; OLIVEIRA, E.A. Comparações florísticas e estruturais entre duas comunidades lenhosas de cerrado típico e cerrado rupestre. **Acta Botânica Brasilica**, Belo Horizonte, v. 25, p. 865–875, 2011.

GONÇALVES, A. C.; VIEIRA, F. A.; REIS, C. A. F.; CARVALHO, D. Conservation of *Dimorphandra mollis* Benth. (Fabaceae) based on the genetic structure of natural populations. **Árvore**, Viçosa, v. 34, p. 95–101, 2010.

GOODWILLIE, C.; KALISZ, S.; ECKERT, C. G. The evolutionary enigma of mixed mating systems in plants: Occurrence, theoretical explanations, and empirical evidence. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, Palo Alto, v. 36, p. 47–79, 2005.

GOSLEE, S. C.; URBAN, D. L. The ecodist package for dissimilarity-based analysis of ecological data. **Journal of Statistical Software**, Los Angeles, v. 22, p. 1– 19, 2007.

GOUDET, J.; RAYMOND, M.; DE MEEÛS, T.; ROUSSET, F. Testing differentiation in diploid populations. **Genetics**, Baltimore, v. 144, n. 4, p. 1933–40, 1996.

GOUDET, J. **FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices**, 2002. Disponível em: <<http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>>

GOVINDARAJU, D. R. Life histories, neighbourhood sizes, and variance structure in some North American conifers. **Biological Journal of the Linnean Society**, London, v. 35, p. 69–78, 1988.

- GOWTHAMARAJAN, K.; JAWAHAR, N.; WAKE, P.; JAIN, K.; SOOD, S. Development of buccal tablets for curcumin using *Anacardium occidentale* gum. **Carbohydrate Polymers**, v. 88, p. 1177–1183, 2012.
- GRÊT-REGAMEY, A.; RABE, S. E.; CRESPO, R.; LAUTENBACH, S.; RYFFEL, A.; SCHLUP, B. On the importance of non-linear relationships between landscape patterns and the sustainable provision of ecosystem services. **Landscape Ecology**, Dordrecht, v. 29, p. 201–212, 2014.
- GUARINO, L.; KHOURY, C.; LALIBERTE, B. Trends in ex situ conservation of plant genetic resources : a review of global crop and regional conservation strategies. **Genetic Resource Crop Evolution**, London, v. 57, p. 625–639, 2010.
- HAMRICK, J. L.; LINHART, Y. B.; MITTON, J. B. Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 10, p. 173–200, 1979.
- HAMRICK, J. L.; NASON, J. D. Consequences of dispersal in plants. In: **Population Dynamics in Ecological Space and Time**. Chicago: University of Chicago Press, 1996. p. 203–236.
- HAMRICK, J. L. Response of forest trees to global environmental changes. **Forest Ecology Management**, Colorado, v. 197, p. 323–335, 2004.
- HAN, T.; Kettle, C. J.; Ghazoul, J.; Hennig, E. I.; Pluess, A. R.. Landscape Composition Has Limited Impact on Local Genetic Structure in Mountain Clover, *Trifolium montanum* L. **Journal of Heredity**, Washington, v. 104, p. 1–11, 2013.
- HARDY, O. J.; VEKEMANS, X. SPAGEDI : a versatile computer program to analyse spatial. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 2, p. 618–620, 2002.
- HARDY, O. J.; CHARBONNEL, N.; FRÉVILLE, H.; HEUERTZ, M. Microsatellite allele sizes: a simple test to assess their significance on genetic differentiation. **Genetics**, Baltimore, v. 163, n. 4, p. 1467–82, 2003.
- HARRIS, S. A.; ROBINSON, J. P.; JUNIPER, B. E. Genetic clues to the origin of the apple. **Trends in Genetics**, Cambridge, v. 18, p. 426–430, 2002.
- HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R. **Generalized Additive Models**. London, 1990.
- HEITHAUS, E. R.; FLEMING, T. H.; OPLER, P. A. Foraging Patterns and Resource Utilization in Seven Species of Bats in a Seasonal Tropical Forest. **Ecology**, Washington, v. 56, n. 4, p. 841–854, 1975.
- HERRERA, M.; GARCÍA, D. The role of remnant trees in seed dispersal through the matrix : Being alone is not always so sad.. **Biological Conservation**, Oxford, v. 142, p. 149–158, 2008.
- HOBAN, S. M.; MCCLEARY, T. S.; SCHLARBAUM, S.E.; ROMERO-SEVERSON, J. Spatial genetic structure in 21 populations of butternut, a temperate forest tree (*Juglans cinerea* L.), is correlated to spatial arrangement, habitat, and land-use history. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 314, p. 50–58, 2014.

HOLANDA-NETO, J. P.; FREITAS, B. M.; BUENO, D. M.; ARAUJO, Z. B. Low seed/nut productivity in cashew (*Anacardium occidentale*): Effects of self-incompatibility and honey bee (*Apis mellifera*) foraging behaviour. **Journal of Horticultural Science & Biotechnology**, London, v. 77, n. 2, p. 226–231, 2002.

HOLDEREGGER, R.; BUEHLER, D.; GUGERLI, F.; MANEL, S. Landscape genetics of plants. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 15, n. 12, p. 675–83, 2010.

HOLDEREGGER, R.; WAGNER, H. H. Landscape Genetics. **Bio One**, Washington, v. 58, n. 3, p. 199–207, 2008.

HOLSINGER, K. E.; WEIR, B. S. Genetics in geographically structured populations : defining , estimating and interpreting FST. **Nature Reviews**, London, v. 10, p. 639–650, 2009.

HONNAY, O.; JACQUEMYN, H. Susceptibility of common and rare plant species to the genetic consequences of habitat fragmentation. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 21, n. 3, p. 823–31, 2007.

IBÁÑEZ, I.; Katz, D. S. W.; Peltier, D.; Wolf, S. M.; Barrie, B. T. C. Assessing the integrated effects of landscape fragmentation on plants and plant communities: the challenge of multiprocess-multiresponse dynamics. **Journal of Ecology**, Oxford, v. 102, n. 4, p. 882–895, 2014.

ISELL, F.; CALCAGNO, V.; HECTOR, A.; CONNOLLY, J.; HARPOLE, W. S.; REICH, P. B.; SCHERER-LORENZEN, M.; SCHMID, B.; TILMAN, D.; VAN RUIJVEN, J.; WEIGELT, A.; WILSEY, B. J.; ZAVALA, E. S.; LOREAU, M. High plant diversity is needed to maintain ecosystem services. **Nature**, London, v. 477, n. 7363, p. 199–202, 2011.

JACKSON, N. D.; FAHRIG, L. Landscape context affects genetic diversity at a much larger spatial extent than population abundance. **Ecology**, Washington, v. 95, n. 4, p. 871–881, 2014.

JAKOBSSON, M.; ROSENBERG, N. A. CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. **Bioinformatics**, Oxford, v. 23, n. 14, p. 1801–1806, 2007.

JARVIS, A.; LANE, A.; HIJMANS, R. J. The effect of climate change on crop wild relatives. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, Carlton, v. 126, p. 13–23, 2008.

JOHNSON, D. V. The botany, origin and spread of cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Journal of Plant ation Crops**, kerala, v. 1, p. 1–7, 1973.

JOMBART, T. **adegenet-basics: an introduction to adegenet 1.3- 0. R-project.**, 2011.

JONES, A. G.; ARDREN, W. R. Methods of parentage analysis in natural populations. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 12, p. 2511–2523, 2003.

JORDANO, P.; GARCÍA, C.; GODOY, J. A.; GARCÍA-CASTAÑO, J. L. Differential contribution of frugivores to complex seed dispersal patterns. **PNAS**, Washington, v. 104, p. 3278–3282, 2007.

KALINOWSKI, S. T.; TAPER, M. L.; MARSHALL, T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 16, p. 1099–1106, 2007.

KALISZ, S.; NASON, J. D.; HANZAWA, F. A.; TONSOR, S. J. Spatial population genetic structure in *Trillium grandiflorum*: the role of dispersal, mating, history, and selection. **Evolution**, Lawrence, v. 55, p. 1560–1568, 2001.

KARASAWA, M. M. G. **Diversidade Reprodutiva de Plantas: Uma perspectiva evolutiva e bases genéticas**. 1. ed. Riberão Preto, SP: SBG, 2009, p. 113.

KAWECKI, T. J. Adaptation to marginal habitats. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, Palo Alto, v. 39, p. 321–342, 2008.

KEILWAGEM, J.; KILIAN, B.; OZKAN, H.; BABBEN, S.; PEROVIC, D.; MAYER, K. F. X.; WALTHER, A.; POSKAR, C. H.; ORDON, F.; EVERSOLE, K.; BORNER, A.; GANAL, M.; KNUPFFER, H.; GRANER, A.; FRIEDEL, S. Separating the wheat from the chaff—a strategy to utilize plant genetic resources from *ex situ* genebanks. **Scientific Reports**, London, v. 4, p. 14–18, 2014.

KELLER, S. R.; OLSON, M. S.; SILIM, S.; SCHROEDER, W.; TIFFIN, P. Genomic diversity, population structure, and migration following rapid range expansion in the Balsam Poplar, *Populus balsamifera*. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 19, p. 1212–1226, 2010.

KIMURA, M.; WEISS, G. H. The Stepping Stone Model of population structure and the decrease of genetic correlation with distance. **Genetics**, Baltimore, v. 49, p. 561–576, 1964.

KINGMAN, J. F. C. The coalescent. **Stochastic Processes and Their Applications**, Oxford, v. 13, p. 235–248, 1982.

KRAMER, A. T.; ISON, J. L.; ASHLEY, M. V.; HOWE, H. F. The paradox of forest fragmentation genetics. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 22, n. 4, p. 878–885, 2008.

KRAMER, A. T.; FANT, J. B.; ASHLEY, M. V. Influences of landscape and pollinators on population genetic structure: examples from three *Penstemon* (Plantaginaceae) species in the Great Basin. **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 98, n. 1, p. 109–121, 2011.

KRUGLYAK, S.; DURRET, R. T.; SCHUG, M.; AQUADRO, C. F. Equilibrium distributions of microsatellite repeat length resulting from a balance between slippage events and point mutations. **Proceeding of National Academy of Sciences**, Washington, v. 95, p. 10774–10778, 1998.

LANDE, R.; SCHEMSKE, D. W. The evolution of self-fertilization and inbreeding depression in plants. **Evolution**, Lawrence, v. 39, p. 24–40, 1985.

LANDGUTH, E. L.; CUSHMAN, S. A.; MURPHY, M. A.; LUIKART, G. Relationships between migration rates and landscape resistance assessed using individual-based simulations. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 10, p. 854–862, 2010a.

- LANDGUTH, E. L.; CUSHMAN, S.A.; SCHWARTZ, M.K.; MCKELVEY, K.S.; MURPHY, M.; LUIKHART, G. Quantifying the lag time to detect barriers in landscape genetics. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 19, p. 4179–4191, 2010b.
- LEE, S. L. Mating system parameters of *Dryobalanops aromatica* Gaertn. f. (Dipterocarpaceae) in three different forest types and a seed orchard. **Heredity**, Edinburgh, v. 85, p. 338–345, 2000.
- LEGENDRE, P.; LEGENDRE L. **Numerical ecology**. Elsevier, Amsterdam, 1998.
- LEMES, M. R.; GRATTAPAGLIA, D.; GROGAN, J.; PROCTOR, J.; GRIBEL, R. Flexible mating system in a logged population of *Swietenia macrophylla* King (Meliaceae): implications for the management of a threatened neotropical tree species. **Plant Ecology**, Oxford, v. 192, n. 2, p. 169–179, 2007.
- LEMOES, H. L.; PINTO, J. R.; MEWS, H. A.; LENZA, E. Structure and floristic relationships between Cerrado sensu stricto sites on two types of substrate in northern. **Biota Neotropica**, São Paulo, v. 13, n. 4, p. 121–132, 2013.
- LEVIN, D. A.; KERSTER, H. W. Gene flow in seed plants. **Evolutionary Biology**, Basel, v. 7, p. 139–220, 1974.
- LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. **Genetic Data Analysis**: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16c). Free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>, 2001.
- LI, Y.C.; KOROL, A. B.; FAHIMA, T.; NEVO, E. Microsatellites Within Genes : Structure , Function , and Evolution. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 21, n. 6, p. 991–1007, 2004.
- LIMA, A. C. S.; SOARES, D. J.; SILVA, L. M. R.; FIGUEIREDO, R. W. SOUSA, P. H. M.; MENEZES, E. A. In vitro bioaccessibility of copper , iron , zinc and antioxidant compounds of whole cashew apple juice and cashew apple fibre (*Anacardium occidentale* L.) following simulated gastro-intestinal digestion. **Food Chemistry**, Barking, v. 161, p. 142–147, 2014.
- LININGTON, S. H.; PRITCHARD, H. W. Gene Banks. **Encyclopedia of Biodiversity**, v. 3, p. 165–181, 2001.
- LIRA-NORIEGA, A.; MANTHEY, J. D. Relationship of genetic diversity and niche centrality : a survey and analysis. **Evolution**, Lawrence, p. 1–12, 2013.
- LOISELLE, B. A. SORK, V. L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 82, p. 1420–1425, 1995.
- LORENZI, H.; BACHER, L.; LACERDA, M. **Frutas brasileiras e exóticas cultivadas: (de consumo in natura)**. Nova Odessa: Instituto Plantarum. 2006, p. 672.
- LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 15, p. 65–95, 1984.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L.; FOSTER, R. B. Population structure and mating system in *Tachigali versicolor*, a monocarpic Neotropical tree. **Heredity**, Edinburgh, v. 81, p. 134–143, 1998.

LOWE, A J.; BOSHIER, D.; WARD, M.; BACLES, C. F. E.; NAVARRO, C. Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. **Heredity**, Edinburgh, v. 95, n. 4, p. 255–73, out. 2005.

LUQUE, S.; SAURA, S.; FORTIN, M. J. Landscape connectivity analysis for conservation : insights from combining new methods with ecological and genetic data. **Landscape Ecology**, Dordrecht, v. 27, p. 153–157, 2012.

MANEL, S.; SCHWARTZ, M. K.; LUIKART, G.; TABERLET, P. Landscape genetics : combining landscape ecology and population genetics. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 18, n. 4, p. 8–9, 2003.

MANEL, S.; HOLDEREGGER, R. Ten years of landscape genetics. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 28, n. 10, p. 614–21, 2013.

MANOEL, R. O.; ALVES, P. F.; DOURADO, C. L.; GAINO, A. P. S. C.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Contemporary pollen flow , mating patterns and effective population size inferred from paternity analysis in a small fragmented population of the Neotropical tree *Copaifera*. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 13, p. 613–623, 2012.

MARSHALL, D. L.; FOLSOM, M. W. Mate choice in plants: an anatomical to population perspective. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 22, p. 37–63, 1991.

MARTINS, K.; CHAVES, L. J.; BUSO, G. S. C.; KAGEYAMA, P. Y. Mating system and fine-scale spatial genetic structure of *Solanum lycocarpum* St.Hil. (Solanaceae) in the Brazilian Cerrado. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 7, p. 957–969, 2006.

MARTINS, K.; CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; KAGEYAMA, P. Y. Genetic structure based on nuclear and chloroplast microsatellite loci of *Solanum lycocarpum* A. St. Hil. (Solanaceae) in Central Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão preto, v. 10, n. 2, p. 665–77, 2011.

MCCONKEY, K. R.; PRASAD, S.; CORLETT, R. T.; CAMPOS-ARCEIZ, A.; BRODIE, J. F.; ROGERS, H.; SANTAMARIA, L. Seed dispersal in changing landscapes. **Biological Conservation**, Oxford, v. 146, n. 1, p. 1–13, 2012.

MCCULLOCH, E. S.; TELLO, J S.; WHITEHEAD, A.; ROLÓN-MENDOZA, C. M. J.; MALDONADO-RODRÍGUEZ, M. C. D.; STEVENS, R.D. Fragmentation of Atlantic forest has not affected gene flow of a widespread seed-dispersing bat. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 22, n. 18, p. 4619–33, 2013.

MCRAE, B. H.; BEIER, P. Circuit theory predicts gene flow in plant and animal populations. **PNAS**, Washington, v. 104, n. 19, p. 19885–19890, 2007.

- MEAGHER, T. R. Analysis of paternity within a natural population of *Chamaelirium luteum*. 1. Identification of most-likely male parents. **American Naturalist**, Chicago, v. 128, p. 199–215, 1986.
- MENDONÇA, R. C.; FELFILE, J. M.; WALTER, B. M. T.; SILVA JUNIOR, M. C.; REZENDE, A. V.; FILGUEIRAS, T. S.; NOGUEIRA, P. E. Flora vascular do cerrado. In: **Cerrado Ambiente e Flora**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, 1998. p. 289–306.
- MENEZES JR., L. F.; Duarte, A. C.; Novaes, R. L. M.; Façanha, A. C.; Peracchi, A. L.; Costa, L. M.; Fernandes, A. F. P. D.; Esbérard, C. E. L. Deslocamento de *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818) (Mammalia , Chiroptera) entre ilha e continente no Estado do Rio de Janeiro, Brasil. **Biota Neotropica**, São Paulo, v. 8, n. 2, p. 243–245, 2008.
- MITCHELL, J. D.; MORI, S. A. The cashew and its relatives (Anacardium: Anacardiaceae). **Memoirs of the New York Botanical Garden**, p. 1–76, 1987.
- MOARES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Pollen dispersal between isolated trees in the Brazilian savannah: a case study of the neotropical tree *Hymenaea stigonocarpa*: **Biotropica**, Zurich, v. 43, p. 192–199, 2011.
- MOO-HUCHIN, V. M.; MOO-HUCHIN, M. I.; ESTRADA-LEÓN, R. J.; CUEVAS-GLODY, L.; ESTRADA-MOTA, I. A.; ORTIZ-VÁZQUEZ, E.; BETANCUR-ANCONA, D.; SAURI-DUCH, E. Antioxidant compounds , antioxidant activity and phenolic content in peel from three tropical fruits from Yucatan, Mexico. **Food Chemistry**, Barking, v. 166, p. 17–22, 2015.
- MOREIRA, A.; FERNANDES, G. W.; COLLEVATTI, R. G. Forest Ecology and Management Fragmentation and spatial genetic structure in *Tabebuia ochracea* (Bignoniaceae) a seasonally dry Neotropical tree. **Forest Ecology and Management**, v. 258, p. 2690–2695, 2009.
- MORGANTE, M.; HANAFEY, M.; POWELL, W. Microsatellites are preferentially associate with nonrepetitive DNA in plant genomes. **Nature Genetics**, London, v. 30, p. 194–200, 2002.
- MOUSADIK, A. EL; PETIT, R. J. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree *Argania spinosa* L. Skeels endemic to Morocco. **Theor Applied Genetics**, Berlin, v. 92, p. 832–839, 1996.
- MURAWSKI, D. A.; HAMRICK, J. L. The effect of the density of flowering individuals on the mating systems of nine tropical tree species. **Heredity**, Edinburgh, v. 67, p. 167–174, 1991.
- MURAWSKI, D. A.; HAMRICK, J. L. Mating system and phenology of *Ceiba pentandra* (Bombacaceae) in central Panama. **Journal of Heredity**, Washington, v. 83, p. 401–404, 1992.
- MURPHY, M. A.; EVANS, J. S.; CUSHMAN, S. A.; STORFER, A. Representing genetic variation as continuous surfaces: an approach for identifying spatial dependency in landscape genetic studies. **Ecography**, Copenhagen, v. 31, n. 6, p. 685–697, 2008.

- MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; FONSECA, G. A. B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, London, v. 403, p. 853–858, 2000.
- NASON, J. D.; PRESTON, A. R.; HAMRICK, J. L. Dispersal and dynamics of genetic structure in fragmented tropical tree populations. In: LAURENCE, W. F.; R.O.BIERREGAARD (Eds.). **Tropical forest remnants; ecology, management, and conservation of fragmented communities**. The University of Chicago Press. Chicago, 1997, p. 304–320.
- NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 29–56.
- NATHAN, R. Long-Distance Dispersal of Plants. **Science**, Washington, v. 25, p. 786–789, 2008.
- NAVES, R. V. **Espécies frutíferas nativas dos cerrados de Goiás: caracterização e influências do clima e solos**. 1999. 205 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Produção Vegetal)- Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, 1999.
- NEI, M. The theory and estimation of genetic distance. In: MORTON, N. E. (Ed.). **Genetics of Population structure**. Honolulu: University of Hawaii, 1973. p. 45–54.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, Baltimore, v. 89, p. 583–590, 1978.
- NOGUEIRA, E. M.; FEARNSIDE, P. M., B. W.; NELSON, B. W.; FRANCA, M. B. Wood density in forests of Brazil's "arc of deforestation": Implications for biomass and flux of carbon from land-use change in Amazonia. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 248, p. 119–135, 2007.
- OLAJIDE, O. A.; ADEROGBA, M. A.; FIEBICH, B. L. Mechanisms of anti-inflammatory property of *Anacardium occidentale* stem bark : Inhibition of NF- κ B and MAPK signalling in the microglia. **Journal of Ethnopharmacology**, Limerick, v. 145, n. 1, p. 42–49, 2013.
- OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; VENCOSKY, R.; VIEIRA, M. L. C. Origin , evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, p. 294–307, 2006.
- OPREA, M. **Variabilidade e estrutura genética espacial em *Glossophaga soricina* com ocorrência no Cerrado**. 2013. 105 f. Tese (Doutorado em Ecologia: Ecologia e Evolução)- Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.
- PAETKAU, D.; Calvert, W.; Stirling, I.; Strobeck, C. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 4, p. 347–354, 1995.
- PAIVA, J. R.; BARROS, L. M.; CRISÓSTOMO, J. R.; ARAÚJO, J. P. P.; ROSSETTI, A. G.; CAVALCANTE, J. J. V.; FELIPE, E. M. Depressão por endogamia em progênies de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L.) var. Nanum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, p. 425–431, 1998.

- PAIVA, J. R. DE; BARROS, L. D. M.; CAVALCANTI, J. J. V. Cashew (*Anacardium occidentale* L.) Breeding : A Global Perspective. In: PAIVA, J. R. DE; BARROS, L. D. M.; CAVALCANTI, J. J. V (Eds.). **Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2009. p. 287–324.
- PAIVA, J. R.; CRISÓSTOMO, J. R.; BARROS, L. M. **Recursos Genéticos do cajueiro: Coleta, Conservação, Caracterização e Utilização**. 1. ed. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2003. p. 23
- PARISOD, C.; HOLDEREGGER, R. Adaptive landscape genetics : pitfalls and benefits. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 21, p. 3644–3646, 2012.
- PAUL, J. R.; SHETH, S. N.; ANGERT, A. L. Quantifying the impact of gene flow on phenotype-environment mismatch: a demonstration with the scarlet monkeyflower *Mimulus cardinalis*. **American Naturalist**, Chicago, v. 178, p. 62–79, 2011.
- PAULINO, F. D. S. **Polinização entomológica em cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) no litoral de Pacajus, CE**. 1992. 70 f. Dissertação (Mestrado em Entomologia)- Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.
- PAULS, S.; NOWAK, C.; BÁLINT, M.; PFENNIGER, M. The impact of global climate change on genetic diversity within populations and species. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 22, p. 925–946, 2013.
- PESSONI, L. A. **Estratégias de análise da diversidade em germoplasma de Viçosa VIÇOSA, Minas Gerais–Brasil**. 2007. 159 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento)- Escola de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.
- PIRY, S.; LUIKART, G.; CORNUET, J.-M. BOTTLENECK: A Computer Program for Detecting Recent Reductions in the Effective Population Size Using Allele Frequency Data. **Journal of Heredity**, Washington, v. 90, p. 502–503, 1998.
- PREVEDELLO, J.; VIEIRA, M. Does the type of matrix matter ? A quantitative review of the evidence. **Biodiversity and Conservation**, London, v. 19, p. 1205–1223, 2010.
- PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics**, Baltimore, v. 155, p. 945–959, 2000.
- PURSCHE, O.; SYKES, M. T.; POSCHLOD, P.; MICHALSKI, S. G.; RÖMERMAN, C.; DURKA, W.; KÜHN, I.; PRENTICE, H. C. Interactive effects of landscape history and current management on dispersal trait diversity in grassland plant communities. **Journal of Ecology**, Oxford, v. 102, p. 437–446, 2014.
- RABELO, S. G.; TELLES, M. P.; COLLEVATTI, R. G. Development and characterization of microsatellite markers for *Lychnophora ericoides*, an endangered Cerrado shrub species. **Conservation Genetics Resources**, Dordrecht, v. 3, p. 741–743, 2011.
- RANGEL, T. F.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; BINI, L. M. SAM: a comprehensive application for Spatial Analysis in Macroecology. **Ecography**, Copenhagen, v. 33, p. 46–50, 2010.
- RANGEL, T. F. L. V. B.; BINI, L. M.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; CARVALHO, P.; BASTOS, R. P. Human development and biodiversity conservation in Brazilian Cerrado. **Applied Geography**, v. 27, p. 14–27, 2007.

RAO, V. N. M.; HISSAN, M. V. Preliminary studies on the floral biology of cashew (*Anacardium occidentale* L.). **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 27, p. 277–288, 1957.

RATTER, J. A.; BRIDGEWATER, S.; RIBEIRO, J. F. Analysis of the floristic composition of the Brazilian Cerrado vegetation. III: comparison of the woody vegetation of 376 areas. **Journal of Botanic**, v. 60, p. 57–109, 2003.

REED, D. H.; FRANKHAM, R. Correlation between Fitness and Genetic Diversity. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 17, n. 1, p. 230–237, 2003.

RIBEIRO, J. F.; ALMEIDA, S. P. DE; SANO, S. M. **Cerrado: Ecologia e Flora – Volume 2**. 1. ed. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2008. p. 876

RICO, Y.; HOLDEREGGER, R.; BOEHMER, H. J.; WAGNER, H. H. Directed dispersal by rotational shepherding supports landscape genetic connectivity in a calcareous grassland plant. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 23, p. 832–42, 2014.

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. **Journal of Heredity**, Washington, v. 47, p. 35–52, 1981.

RITLAND, K. Estimation of mating systems. In: TANKSLEY, S.; T., O. (Eds.). **Isozymes in Plant Genetics and Breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1983, p. 289–302.

RITLAND, K. The genetic-mating structure of subdivided populations II. Correlated mating models. **Theoretical Population Biology**, New York, v. 34, p. 320–346, 1988.

RITLAND, K. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, Lawrence, v. 43, p. 848–859, 1989.

RITLAND, K. Extensions of models for the estimation of mating systems using n independent loci. 88: **Hereditas**, Edinburgh, v. 88, p. 221–228, 2002.

RIZZINI, C. T. Espécies novas de árvores do Planalto Central Brasileiro. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**. Rio de Janeiro, v. 41, p. 239–244, 1969.

ROBERTS, E. H. Dormancy: a factor affecting seed survival in the soil. In: ROBERTS, E. H. (Ed.). **Viability of seeds**. London: Chapman and Hall, 1974. p. 321–359.

ROBLEDO-ARNUNCIO, J. J. AUSTERLITZ, F.; SMOUSE, P. E. A new method of estimating the pollen dispersal curve independently of effective density. **Genetics**, Baltimore, v. 173, p. 1033–1045, 2006.

ROBLEDO-ARNUNCIO, J. J. AUSTERLITZ, F.; SMOUSE, P. E. POLDISP: a software package for indirect estimation of contemporary pollen dispersal. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 7, p. 763–766, 2007.

RODRIGUEZ-AMAYA, D. B. Assessment of the provitamin A contents of foods—the Brazilian experience. **Journal of Food Composition and Analysis**, San Diego, v. 9, p. 196–230, 1996.

ROSENBERG, N. A. Distruct: a Program for the Graphical Display of Population Structure. **Molecular Ecology Notes**, v. 4, p. 137–138, 10 dez. 2003.

ROUSSET, F. Equilibrium Values of Measures of Population Subdivision for Stepwise Mutation Processes. **Genetics**, Baltimore, v. 1362, p. 1357–1362, 1996.

SAGARIN, R. D.; GAINES, S. D. The abundant centre distribution: To what extent is it a biogeographical rule? **Ecology Letters**, Oxford, v. 5, p. 137–147, 2002.

SAGARIN, R. D.; GAINES, S. D.; GAYLORD, B. Moving beyond assumptions to understand abundance distributions across the range of species. **Trends in Ecology and Evolution**, London, v. 21, p. 524–530, 2006.

SANTOS, I. R. I.; SALOMÃO, A. N. Criopreservação de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 231–280.

SANWO, J. O. **Gerplasm collections. 1973/74**. Annual Report of Cocoa Research Institute of Nigeria. Begumpet: International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, 1974, p. 87.

SCARIOT, A. O.; SEVILHA, A. C. Conservação in situ de Recursos Genéticos Vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 217–276.

SCHOVILLE, S. D.; Bonin, A.; François, O.; Lobreaux, S.; Melodelima, C.; Manel, S. Adaptive Genetic Variation on the Landscape : Methods and Cases. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, Palo Alto, v. 43, p. 23–43, 2012.

SEBBENN, A. M.; CARVALHO, A. C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, S. M. B.; GAINO, A. P. S. C.; SILVA, J. M.; MORAES, M. L. T. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, Edinburgh, v. 106, p. 134–145, 2011.

SEDGLEY, M.; GRIFFIN, A. R. **Sexual Reproduction of Tree Crops**. Hardcover: Applied Botany and Crop Science. 1989, p. 378..

SEXTON, J. P.; MCINTYRE, P. J.; ANGERT, A. L.; RICE, K. J. Evolution and ecology of species range limits. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, Palo Alto, v. 40, p. 415–436, 2009.

SIA, E. A.; BUTLER, C. A.; DOMINSKA, M.; GREENWELL, P.; FOX, T. D.; PETES, T. D. Analysis of microsatellite mutations in the mitochondrial DNA of *Saccharomyces cerevisiae*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, La Jolla, v. 97, p. 250–255, 2000.

SILVA, D. S.; SILVA, J. A.; JUNQUEIRA, N. T. V.; ANDRADE, L. R. M. **Frutos do Cerrado**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2001. p. 178

SLATKIN, M. Gene flow and the geographic structure of natural populations. **Science**, Washington, v. 236, p. 787–792, 1987.

SLATKIN, M. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. **Genetics**, Baltimore, v. 139, p. 457–462, 1995.

- SMOUSE, P. E.; DYER, R. J.; WESTFALL, R. D.; SORK, V. L. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. I. Male gamete heterogeneity among females. **Evolution**, Lawrence, v. 55, p. 260–271, 2001.
- SMOUSE, P. E.; SORK, V. L. Measuring pollen flow in forest trees: an exposition of alternative approaches. **Forest Ecology Management**, Clorado, v. 197, p. 21–38, 2004.
- SOARES, T. N.; CHAVES, L. J.; TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F. RESENDE, L. V. Landscape conservation genetics of *Dipteryx alata* ('baru' tree : Fabaceae) from Cerrado region of central Brazil. **Genetica**, v. 132, p. 9–19, 2008.
- SOARES, T. N.; SANT'ANA, L. L.; OLIVEIRA, L. K.; TELLES, M. P. C.; COLLEVATTI, R.G. Transferability and characterization of microsatellite loci to in *Anacardium humile* A. St. Hil. (Anacardiaceae). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 3146–3149, 2013.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. **Biometry: The Principles and Practice of Statistics in Biological Research**. 3. ed. New York: W.H, Freeman and Company. 1997, p. 887.
- SOKAL, R. R.; WARTENBERG, D. E. A test of spatial autocorrelation analysis using an isolation-by-distance model. **Genetics**, Baltimore, v. 105, n. 462, p. 219–237, 1983.
- SORK, V.; NASON, J.; CAMPBELL, D. R.; FERNANDEZ, J. F. Landscape approaches to historical and contemporary gene flow in plants. **Trends in Ecology & Evolution**, Amsterdam, v. 14, n. 6, p. 219–224, 1999.
- SOULÉ, M. The epistasis cycle: a theory of marginal populations. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, Palo Alto, v. 4, p. 165–187, 1973.
- SPEAR, S. F.; BALKENHOL, N.; FORTIN, M. J.; MCRAE, B. H.; SCRIBNER, K. Use of resistance surfaces for landscape genetic studies: considerations for parameterization and analysis. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 19, n. 17, p. 3576–3591, 2010.
- STRAND, M.; PROLLA, T. A.; LISKAY, R. M.; PETES, T. D. Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. **Nature**, London, v. 365, p. 274–276, 1993.
- STRUEBIG, M. J.; STRUEBIG, M. J.; KINGSTON, T.; PETIT, E. J.; LE COMBER, S. C.; ZUBAID, A.; MOHD-ADNAN, A.; ROSSITER, S. J. Parallel declines in species and genetic diversity in tropical forest fragments. **Ecology Letters**, Oxford, v. 14, n. 6, p. 582–90, 2011.
- TELES, M. P. DE C.; COELHO, A. S. G.; CHAVES, L. J.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; VALVA, F. D. Genetic diversity and population structure of *Eugenia dysenterica* DC. ("cagaiteira"–Myrtaceae) in Central Brazil: Spatial analysis and implications for conservation and management. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 4, p. 685–695, 2003.
- TELES, M. PIRES DE C.; BASTOS, R. P. Estruturação genética na escala de paisagem. **Megadiversidade**, Belo Horizonte, v. 5, n. 1-2, p. 101–110, 2009.
- THIMMAPPAIAH, W.G.; SANTHOSH, D.; SHOBHA, G.S.; MELWYN, G.S. Assessment of genetic diversity in cashew germplasm using RAPD and ISSR markers. **Scientia Horticulturae**, v. 120, p. 411–417, 2009.

- THOMANN, M.; Imbert, E.; Devaux, C.; Cheptou, P.O. Flowering plants under global pollinator decline. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 18, p. 353–359, 2013.
- TRAPNELL, D. W.; HAMRICK, J. L. Mating patterns and gene flow in the neotropical epiphytic orchid, *Laelia rubescens*. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 14, p. 75–84, 2005.
- TRAVIS, J. M. J.; MUNKEMULLER, T.; BURTON, O. J. Mutation surfing and the evolution of dispersal during range expansions. **Journal of Evolutionary Biology**, Basel, v. 23, p. 2656–2667, 2010.
- UPADHYAYA, H. D.; REDDY, L.J.; GOWDA, C.L.L.; REDDY, K.N.; SINGH, S. Development of a mini core subset for enhanced and diversified utilization of Pigeonpea germplasm resources. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 2127–2132, 2006.
- VANDERMEER, J.; CARVAJAL, R. Metapopulation dynamics and the quality of the matrix. **The American naturalist**, Chicago, v. 158, n. 3, p. 211–20, 2001.
- VEKEMANS, X.; HARDY, O. J. New insights from fine-scale spatial genetic structure analyses in plant populations. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 13, p. 921–935, 2004.
- VENCOVSKY, R.; NASS, L. L.; CORDEIRO, C. M. T.; FERREIRA, M. A. J. Amostragem em recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. 1. ed. Lavras: Universidade Federal de Lavras. 2007, p. 231–280.
- VENKATARAMAH, T. M. **Cashew nut production and processing – Nigeria agronomic aspect of cashew nut production**. Unpublished paper submitted to Cocoa Research Institute of Nigeria, 1976, p. 39.
- VOLIS, S.; BLECHER, M. Quasi in situ : a bridge between *ex situ* and *in situ* conservation of plants. **Biodiversity and Conservation**, London v. 19, p. 2441–2454, 2010.
- VRANCKX, G. JACQUEMYN, H.; MUYS, B.; HONNAY, O. Meta-analysis of susceptibility of woody plants to loss of genetic diversity through habitat fragmentation. **Conservation Biology**, Gainesville, v. 26, n. 2, p. 228–37, 2012.
- WAGNER, H. H.; FORTIN, M. J. RESEARCH ARTICLE A conceptual framework for the spatial analysis of landscape genetic data. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 14, p. 253–261, 2012.
- WAGNER, H. W.; SEFC, K. M. **Identity 1.0**, 1999. Disponível em: <<http://www-ang.kfunigraz.ac.at/~sefck>>
- WANG, J.; KANG, M.; GAO, P.; HUANG, H. Contemporary pollen flow and mating patterns of a subtropical canopy tree *Eurycorymbus cavaleriei* in a fragmented agricultural landscape. **Forest Ecology Management**, Colorado, v. 260, p. 2180–2188, 2010.
- WANG, M. L.; BARKLEY, N. A.; JENKINS, T. M. Microsatellite markers in plants and insects. Part I. Applications of biotechnology. **Genes Genomes Genomics**, Bethesda, v. 3, p. 54–67, 2009.
- WARD, M.; DICK, C. W.; GRIBEL, R.; LOWE, A. J. To self, or not to self a review of outcrossing and pollen-mediated gene flow in Neotropical trees. **Heredity**, Edinburgh, v. 95, p. 246–254, 2005.

- WASER, N. M.; CHITTKA, L.; PRICE, M.V.; WILLIAMS, N.M.; OLLERTON, J. Generalization in pollination systems, and why it matters. **Ecological Society of American**, New York, v. 77, p. 1043–1060, 1996.
- WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. **Evolution**, Lawrence, v. 38, n. 6, p. 1358–1370, 1984.
- WILDER, J.; HOLLOCHER, H. Mobile elements and the genesis of microsatellites in dipterans. **Molecular Biology and Evolution**, Oxford, v. 18, p. 384–392, 2001.
- WILLIS, K. J.; NIKLAS, K. J. The role of quaternary environmental change in plant macroevolution: the exception of the rule? **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, London, v. 359, p. 159–172, 2004.
- WINKLER, M.; KOCH, M.; HIETZ, P. High gene flow in epiphytic ferns despite habitat loss and fragmentation. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 12, p. 1411–1420, 2011.
- WRAY, J. C.; NEAME, L. A.; ELLE, E. Floral resources, body size, and surrounding landscape influence bee community assemblages in oak-savannah fragments. **Ecological Entomology**, London, v. 39, n. 1, p. 83–93, 2014.
- WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, Baltimore, v. 16, p. 97–159, 1931.
- WRIGHT, S. Breeding structure of populations in relation to speciation. **American Naturalist**, Chicago, v. 74, p. 232–248, 1940.
- WRIGHT, S. Isolation by distance. **Genetics**, Baltimore, v. 28, p. 114–138, 1943.
- WRIGHT, S. The Genetical Structure of Populations. **Annals of Eugenics**, oxford, v. 15, p. 323–354, 1951.
- YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Tree**, Oxford, v. 11, n. 10, p. 413–418, 1996.
- ZELLMER, A. J.; KNOWLES, L. L. Disentangling the effects of historic vs. contemporary landscape structure on population genetic divergence. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 18, p. 3593–3602, 2009.
- ZUCCHI, M. I. BRONDANI, R. P. V.; PINHEIRO, J. B.; CHAVES, L. J.; COELHO, A. S. G.; VENCOVSKY, R. Genetic structure and gene flow in *Eugenia dysenterica* DC in the Brazilian Cerrado utilizing SSR markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 4, p. 449–457, 2003.
- ZUCCHI, M. I.; PINHEIRO, J. B.; CHAVES, L. J.; COELHO, A.S. G.; COUTO, M. A.; MORAIS, L. K.; VENCOVSKY, R. Genetic structure and gene flow of *Eugenia dysenterica* natural populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 10, p. 975–980, 2005.
- ZUUR, A. F.; IENO, E.N.; WALKER, N.J.; SABELIEV, A.A.; SMITH, G.M. **Mixed effects models and extensions in ecology with R**. New York: Springer, 2009, p. 574.

APÊNDICES

Apêndice A. Marcadores microsatélite utilizados em análise genética de populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, com seus respectivos motivos de repetição e temperaturas de anelamento para amplificação via PCR

	Marcador	Sequências (sense)	Motivo	Temp.(°C)	Tam.(pb)
Multiplex 1	mAoR3	FAM - cagaaccgtcactccactcc	(ac) ₁₂ (aaaat) ₂	60	220-260
	mAoR6	HEX - caaaactagccggaatctagc	(at) ₅ (gt) ₁₂	58	120-160
	mAoR11	HEX - atccaacagccacaatcctc	(at) ₃ (ac) ₁₆	60	210-240
	mAoR16	NED - ggagaaagcagtggagttgc	(gt) ₈ (ta) ₁₇ (gt) ₃	60	230-270
	mAoR35	FAM - ctttcgttccaatgctcctc	(ag) ₁₄	58	150-190
	mAoR42	NED - actgtcacgtcaatggcatc	(cat) ₉ tat(ctt) ₇	60	130-180
Multiplex 2	mAoR2	FAM - ggccatgggaaacaacaa	(ca) ₁₀ (ta) ₆	58	320-350
	mAoR12	NED - tcaccaagattgtgctcctg	(ac) ₁₂ atac(at) ₄	58	290-360
	mAoR17	FAM - gcaatgtgcagacatggttc	(ga) ₂₄	56	120-170
	mAoR29	HEX - ggagaagaaaagttaggttgac	(tg) ₁₀	58	300-340
	mAoR52	NED - gctatgacccttggaactc	(gt) ₁₆ (ta) ₂	58	180-230
	mAoR41	HEX- gcttagccggcacgatatta	(ggg) ₈	58	190-230

Temp.- Temperatura; Tam.- Tamanho

Apêndice B. Localização geográfica de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, com respectivos códigos, tamanho amostral, latitude e longitude

Populações	Código	N	Latitude	Longitude
Cocalzinho, GO	COA	32	-15,7630	-48,6156
Itapaci, GO	ITP	28	-14,8305	-49,5298
Niquelândia, GO	NIQ	32	-14,4104	-48,7774
Alto Horizonte, GO	AHO	32	-14,1855	-49,3319
Goianésia, GO	GOI	32	-15,5093	-49,1872
Vila Propício, GO	VPR	32	-15,3398	-48,7063
Jaragua, GO	JAR	32	-15,7964	-49,3335
Barreiras, BA	BAR	30	-12,1182	-45,1979
Mimoso, GO	MIM	26	-15,0588	-48,1591
Mutunópolis, GO	MUT	24	-13,6798	-49,2265
Calcilândia, GO	CAL	32	-15,8845	-49,9747
Balneário St. Antônio, GO	BSA	32	-15,9833	-50,1000
Faina, GO	FAI	32	-15,3974	-50,4802
Matrinchã, GO	MAT	32	-15,2350	-50,9053
Santa Rosa, TO	SRO	32	-11,4667	-47,9691
Leopoldo de Bulhões, GO	LBU	25	-16,6147	-48,7404
Silvânia (Quilombo), GO	SIL1	32	-16,5787	-48,3577
Silvânia (Cruzeiro), GO	SIL2	31	-16,6920	-48,1871
Silvânia(São Miguel do passa 4), GO	SIL3	32	-16,9766	-48,6788
Alvorada, TO	ALV	11	-12,4775	-49,1274

Apêndice C. Localização geográfica de 25 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado que compõem a Coleção de germoplasma da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, com seus respectivos códigos, tamanho amostral, latitude, longitude e altitude

Populações	N	Código	Longitude	Latitude	Altitude
Jaraguá	36	JAR	-49,200	-15,477	958
Calcilândia	24	CAL	-49,584	-15,530	837
Morro do Aranha	33	MAR	-48,466	-14,246	592
Alto Horizonte	30	AHO	-49,193	-14,169	395
Aruanã	3	ARU	-51,446	-14,562	284
Faina	33	FAI	-50,288	-15,238	359
Balneário Sto Antônio	24	BSA	-50,658	-15,595	574
Caxambú	15	CAX	-50,166	-15,345	536
Goiânia (UFG)	18	GIN	-49,168	-16,358	708
Itapaci	27	ITP	-49,317	-14,498	777
Pilar de Goiás	30	PIL	-49,354	-14,397	462
Sta. Tereza	21	STZ	-49,301	-14,210	378
Orizona	21	ORZ	-48,137	-16,473	951
Matrinchã ₁	12	MAT ₁	-50,543	-15,141	386
Matrinchã	18	MAT	-50,354	-15,221	374
Cocalzinho	21	COA	-48,369	-15,457	903
Silvânia _(quilombo)	30	SILQ	-48,214	-16,347	950
Silvânia _(cruzeiro)	30	SILC	-48,112	-16,415	813
Vianópolis	27	VPN	-48,407	-16,586	922
Goianésia	21	GOI	-49,112	-15,305	704
Padre Bernardo	27	PBE	-48,366	-15,340	683
Vila Propício	27	VPR	-48,423	-15,203	747
Barreiras	21	BAR	-45,118	-12,709	632
Mutunópolis	22	MUT	-49,135	-13,407	408
Santa Rosa	18	SRO	-47,581	-11,280	349

Apêndice D. Frequência de alelos de doze locos microssatélites em vinte populações e progênes da coleção de germoplasma de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás

Marcador	Alelo	Frequência alélica	
		População	Coleção de germoplasma
MAOR11	212	0,007	-
	216	0,008	0,004
	218	0,002	-
	220	0,05	0,034
	222	0,069	0,06
	224	0,085	0,104
	226	0,112	0,107
	228	0,023	0,017
	230	0,027	0,01
	232	0,002	0,005
	234	0,025	0,011
	236	0,31	0,202
	238	0,197	0,329
	240	0,071	0,068
	242	0,01	0,048
Maor16	232	-	0,001
	234	-	0,002
	236	0,002	0,012
	238	0,011	0,003
	240	0,022	0,011
	242	0,438	0,439
	244	0,109	0,065
	246	0,003	0,014
	248	0,006	0,019
	250	0,01	0,024
	252	0,06	0,047
	254	0,17	0,212
	256	0,078	0,083
	258	0,038	0,028
	260	0,019	0,007
	262	0,008	0,02
	264	0,004	0,003
	266	0,006	0,004
	268	0,002	0,001
	270	0,001	-
	272	0,012	0,005
Maor42	182	0,001	0,003
	184	-	0,001
	186	0,001	0,001
	188	-	0,001
	190	0,013	0,011
	192	0,078	0,02

<i>Continuação</i>			
Marcador	Alelo	Frequência alélica	
		População	Coleção de germoplasma
	194	0,083	0,14
	196	0,03	0,022
	198	0,029	0,007
	200	0,045	0,058
	202	0,052	0,018
	204	0,01	0,02
	206	0,207	0,152
	208	0,05	0,074
	210	0,202	0,238
	212	0,063	0,051
	214	0,02	0,034
	216	0,059	0,035
	218	0,01	0,038
	220	0,047	0,071
Maor29	312	0,006	0,013
	314	0,07	0,038
	316	0,037	0,024
	318	0,1	0,104
	320	0,222	0,282
	322	0,14	0,166
	324	0,186	0,162
	326	0,043	0,04
	328	0,018	0,019
	330	0,064	0,056
	332	0,007	0,008
	334	0,006	0,016
	336	0,002	0,004
	338	0,058	0,045
	340	0,036	0,016
Maor3	342	0,005	0,007
	232		0,001
	234	0,001	0,003
	236	0,005	0,02
	238	0,004	0,015
	240	0,034	0,047
	242	0,059	0,064
	244	0,023	0,029
	246	0,023	0,034
	248	0,124	0,115
	250	0,25	0,253
	252	0,22	0,216
	254	0,131	0,078
	256	0,012	0,015
	258	0,036	0,034

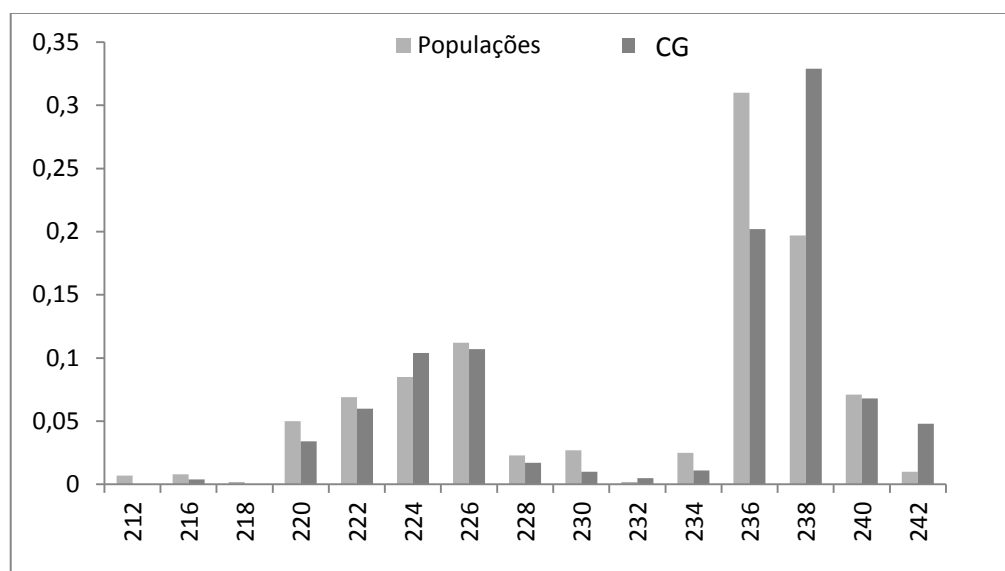
<i>Continuação</i>			
Marcador	Alelo	Frequência alélica	
		População	Coleção de germoplasma
Maor35	260	0,051	0,044
	262	0,028	0,033
	152	0,003	0,008
	154	0,079	0,133
	156	0,053	0,032
	158	0,191	0,165
	160	0,026	0,02
	162	0,05	0,046
	164	0,102	0,083
	166	0,091	0,102
	168	0,08	0,125
	170	0,016	0,011
	172	0,101	0,031
	174	0,033	0,025
	176	0,088	0,118
	178	0,061	0,078
	180	0,011	0,016
	182	0,005	0,003
	184	0,001	0,004
	186	0,005	0,001
	188	0,004	-
Maor6	130	0,016	0,001
	132	-	0,007
	134	0,003	0,002
	136	0,002	0,004
	138	-	0,001
	140	0,043	0,029
	142	0,343	0,457
	144	0,227	0,197
	146	0,204	0,134
	148	0,044	0,024
	150	0,033	0,034
	152	0,02	0,023
	154	0,004	0,02
	156	0,036	0,054
	158	0,007	0,012
	160	0,019	0,002
Maor41	142	0,001	-
	144	0,005	-
	148	0,01	0,016
	150	0,005	0,01
	152	0,03	0,028
	154	0,007	0,006
	156	0,091	0,111

<i>Continuação</i>			
Marcador	Alelo	Frequência alélica	
		População	Coleção de germoplasma
	158	0,707	0,626
	160	0,108	0,183
	162	0,004	0,004
	164	0,03	0,014
	174	0,001	-
Maor12	295	0,001	-
	305	0,005	-
	311	0,026	0,002
	313	0,019	0,001
	315	0,009	0,017
	317	0,031	0,052
	319	0,045	0,051
	321	0,036	0,047
	323	0,021	0,039
	325	0,052	0,05
	327	0,184	0,206
	329	0,092	0,036
	331	0,177	0,183
	333	0,069	0,098
	335	0,095	0,123
	337	0,031	0,018
	339	0,028	0,024
	341	0,023	0,008
	343	-	0,003
	345	0,005	0,003
	347	0,016	0,014
	349	0,002	0,014
	353	0,021	0,004
	355	0,01	0,007
	357	0,001	-
Maor17	131	0,008	-
	133	0,002	-
	135	0,379	0,424
	137	0,02	0,001
	139	0,368	0,37
	141	0,092	0,091
	143	0,026	0,03
	145	0,023	0,005
	147	0,005	0,018
	149	0,034	0,035
	151	0,015	0,02
	153	0,015	0,003
	155	0,013	0,001
	155	0,013	0,001

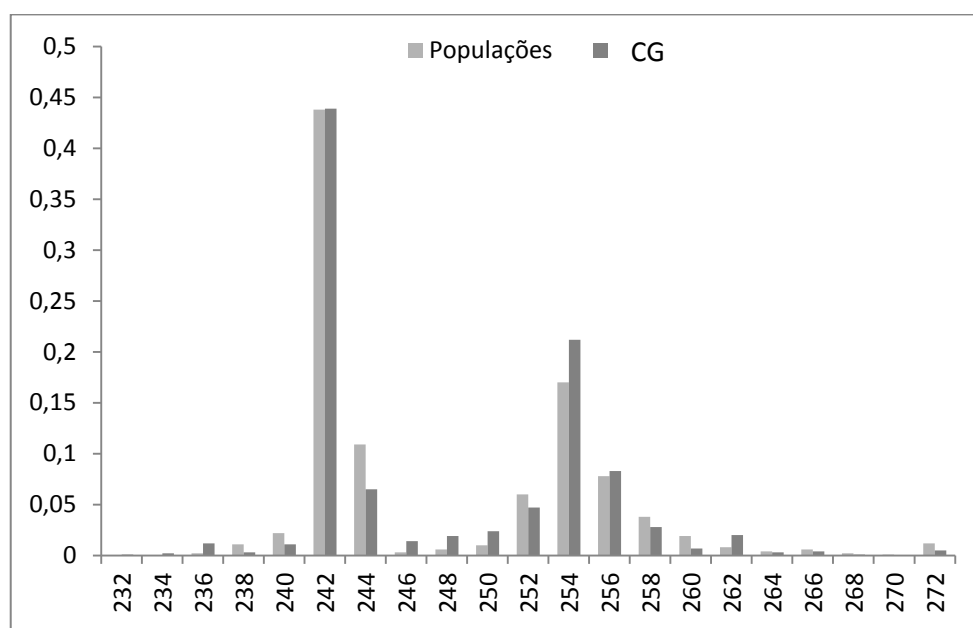
<i>Continuação</i>			
Marcador	Alelo	Frequência alélica	
		População	Coleção de germoplasma
	157	0,002	-
	159	-	0,003
	161	-	0,001
Maor2	344	0,002	-
	346	0,004	0,012
	348	0,022	0,014
	350	0,049	0,047
	352	0,273	0,262
	354	0,061	0,057
	356	0,202	0,199
	358	0,085	0,089
	360	0,137	0,132
	362	0,079	0,115
	364	0,049	0,051
	366	0,022	0,017
	368	0,009	0,003
	370	0,003	0,001
	372	0,001	-
	380	0,003	-
Maor52	182	0,001	-
	186	0,003	-
	190	0,058	0,016
	192	0,132	0,104
	194	0,187	0,271
	196	0,011	0,014
	198	0,012	0,013
	200	0,055	0,035
	202	0,146	0,162
	204	0,037	0,034
	206	0,232	0,233
	208	0,053	0,037
	210	0,035	0,049
	212	0,033	0,028
	214	0,004	0,003

Apêndice E. Distribuição das frequências dos alelos de doze locos microssatélites desenvolvidos por Croxford et al. (2006) em vinte populações espontâneas e na Coleção de Germoplasma da Universidade Federal de Goiás da espécie *A. occidentale* ecótipo do Cerrado. Sendo, Populações- populações espontâneas; CG- Coleção de Germoplasma

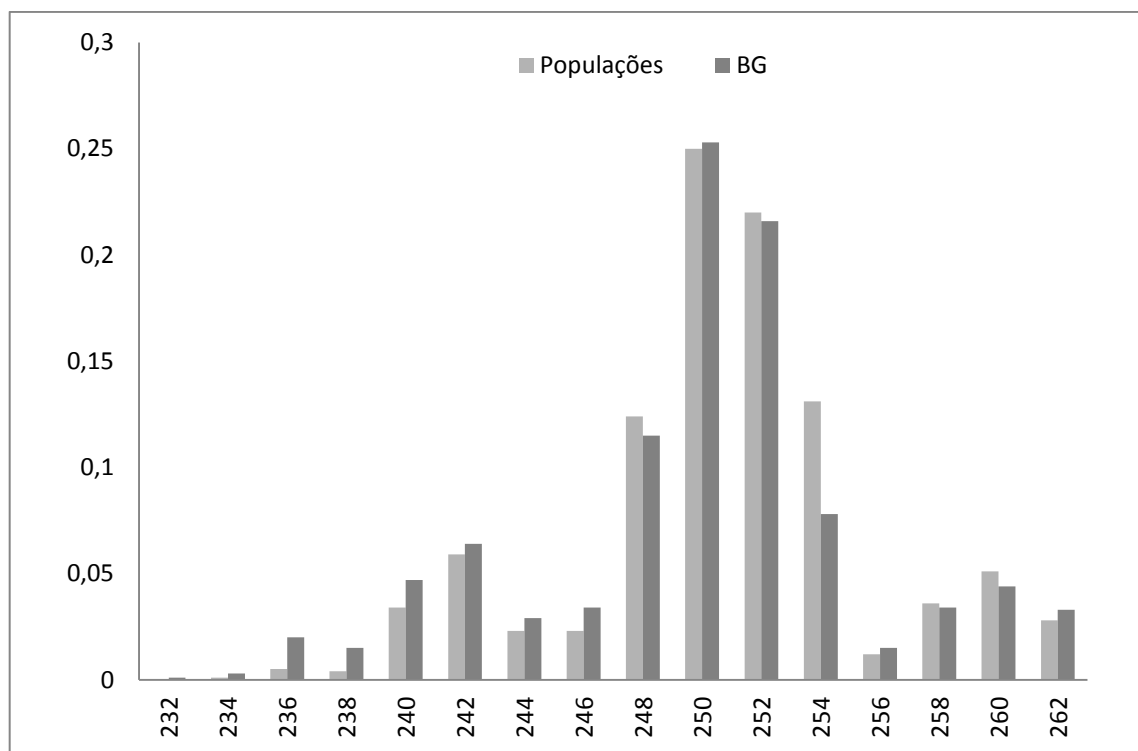
Maor11



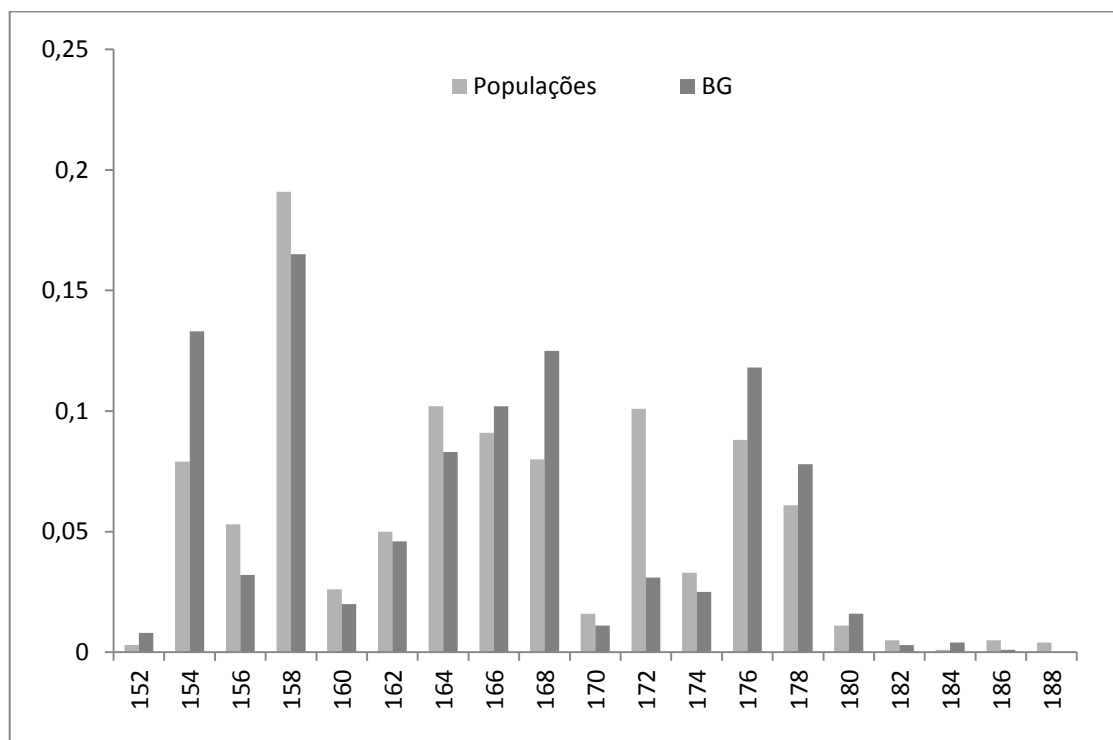
Maor16



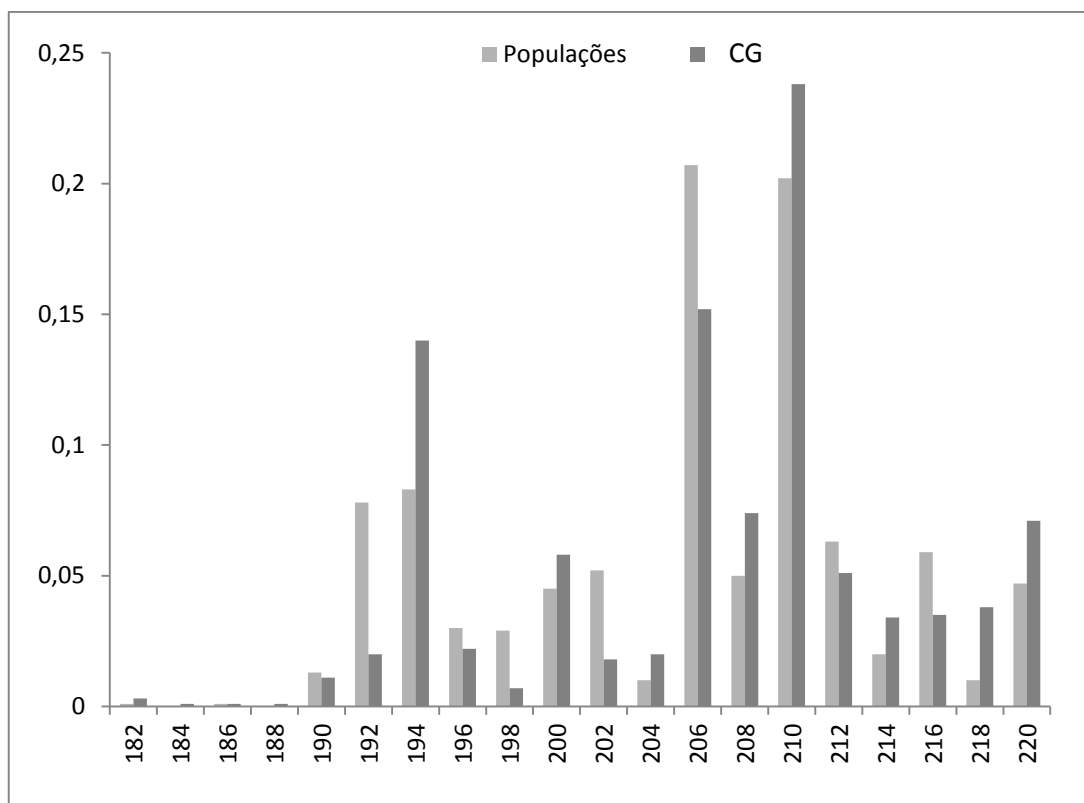
Maor3



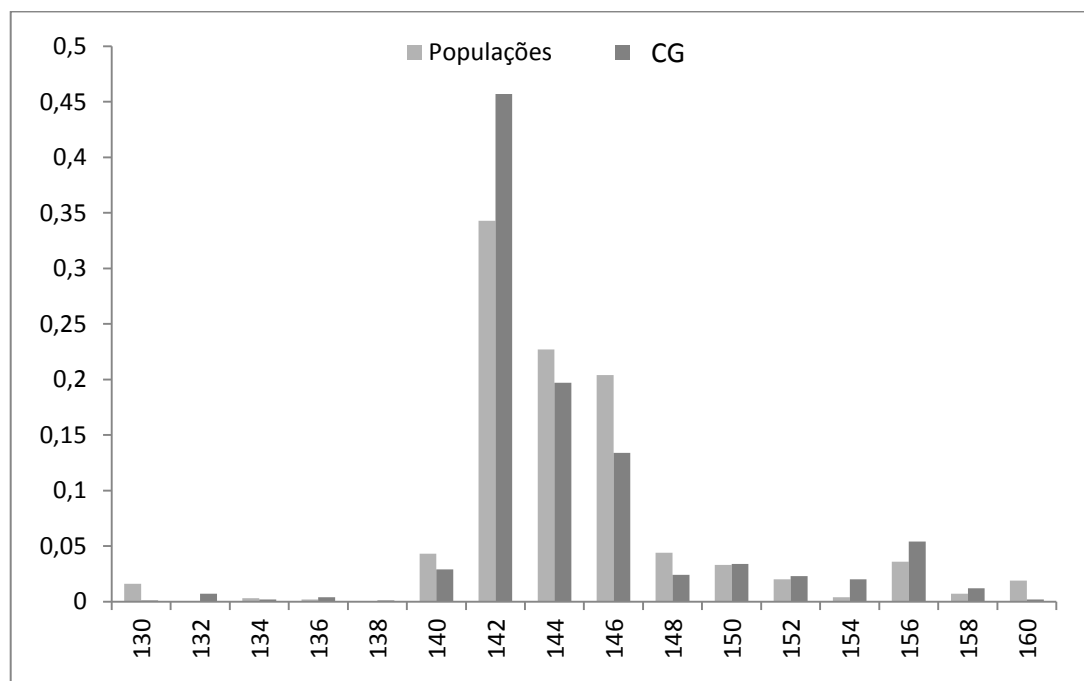
Maor35



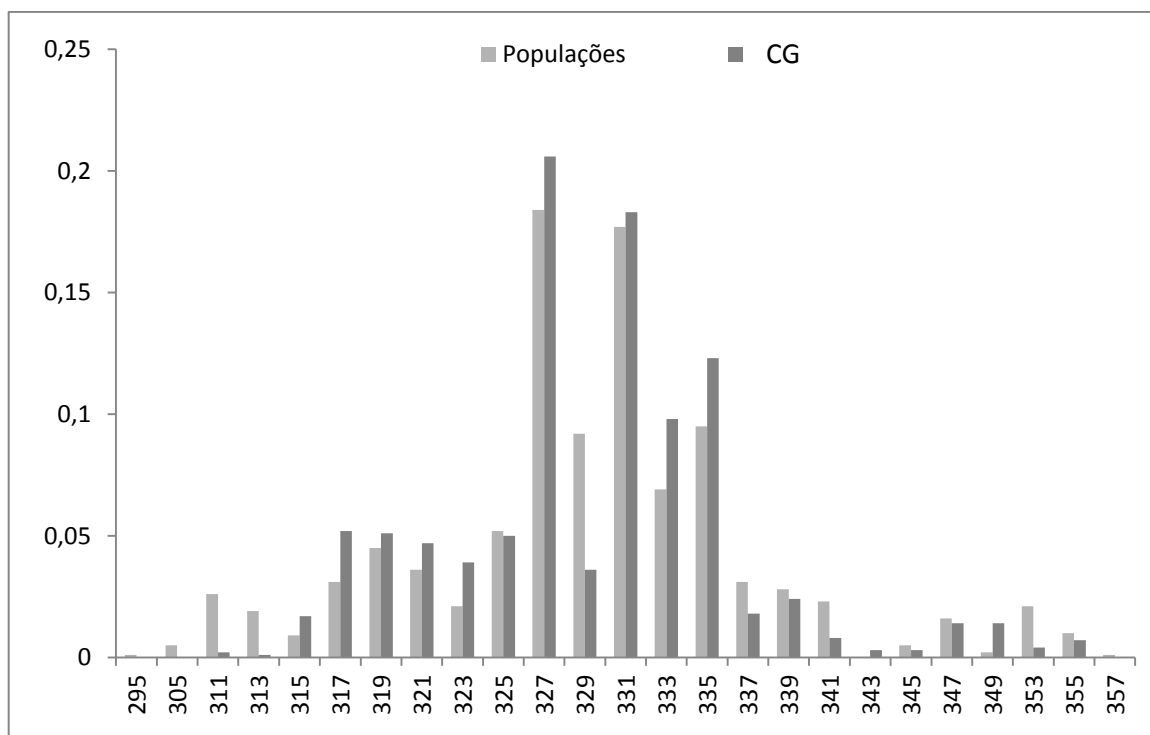
Maor42



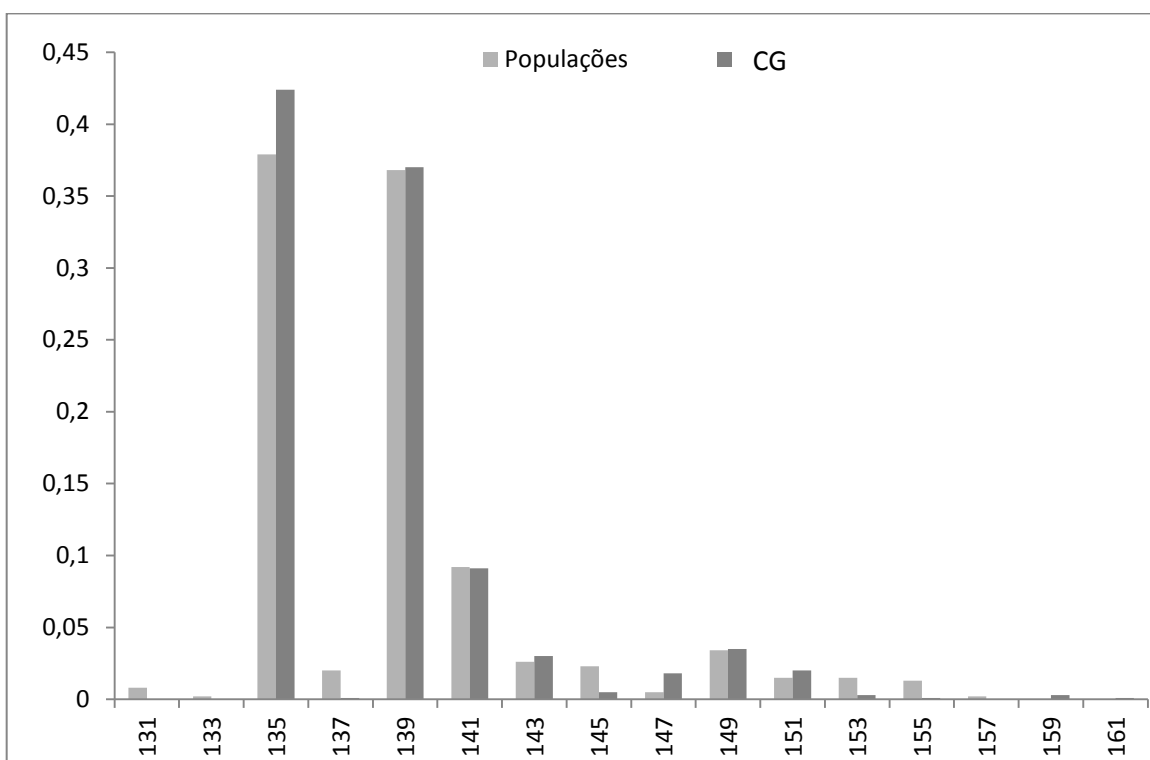
Maor6



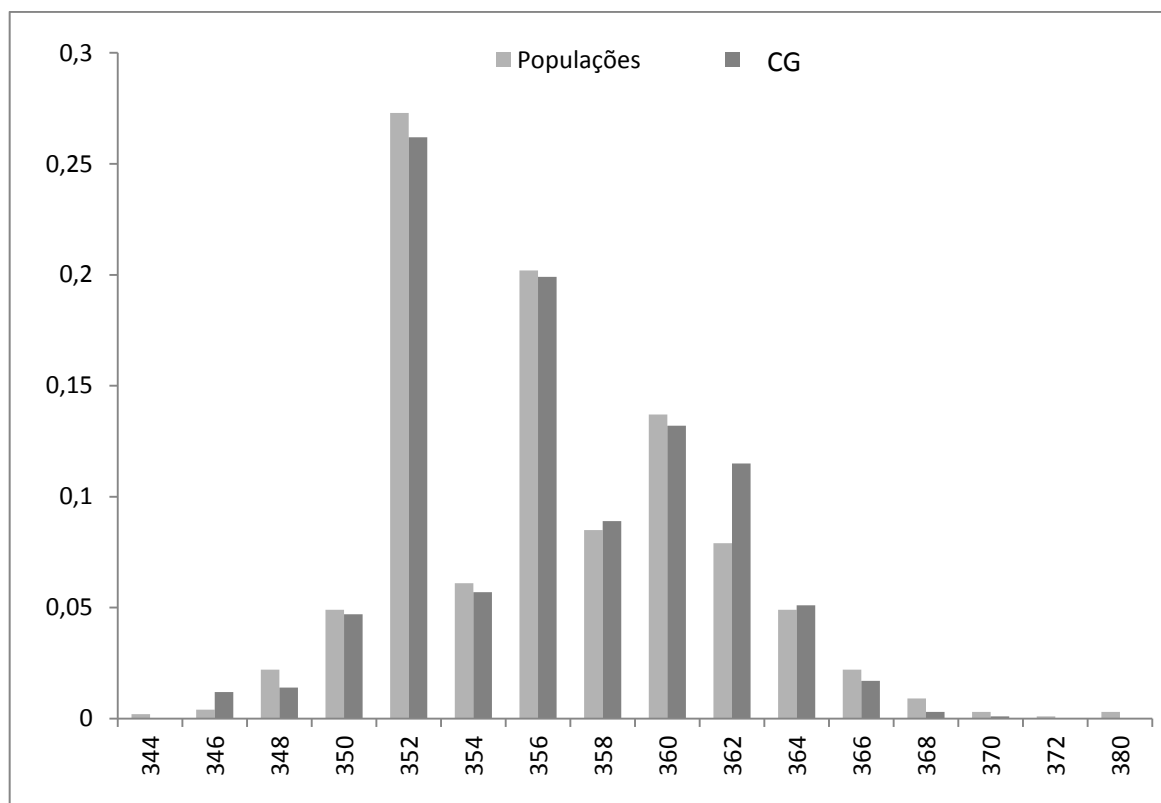
Maor12



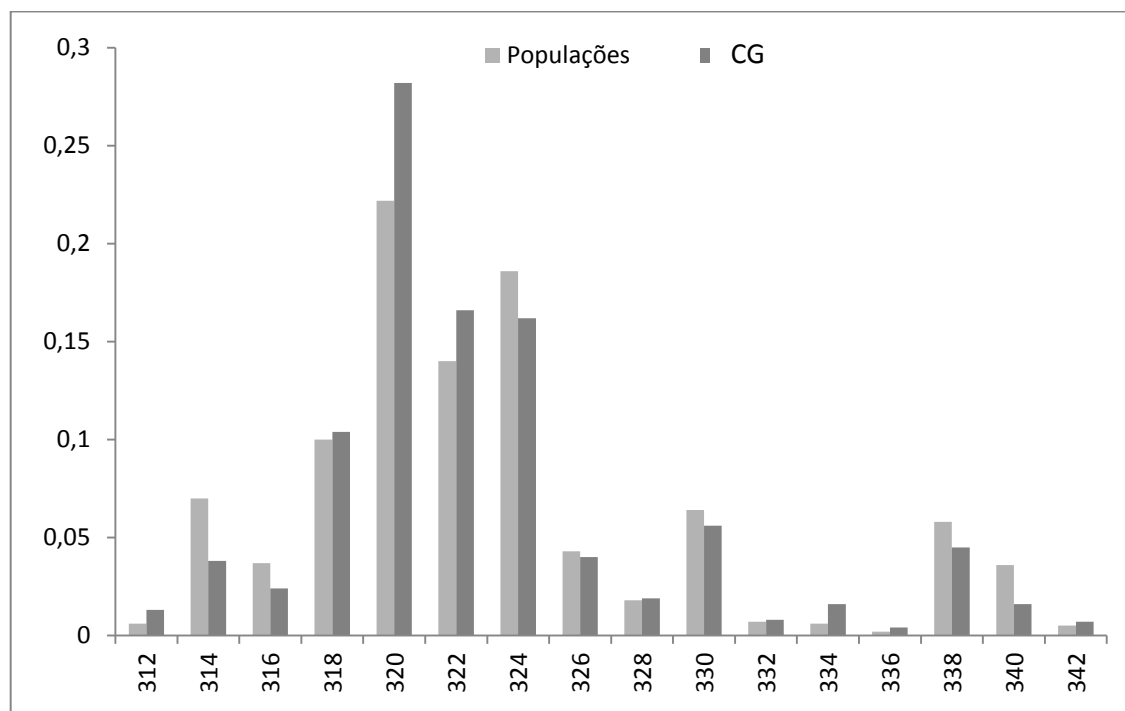
Maor17



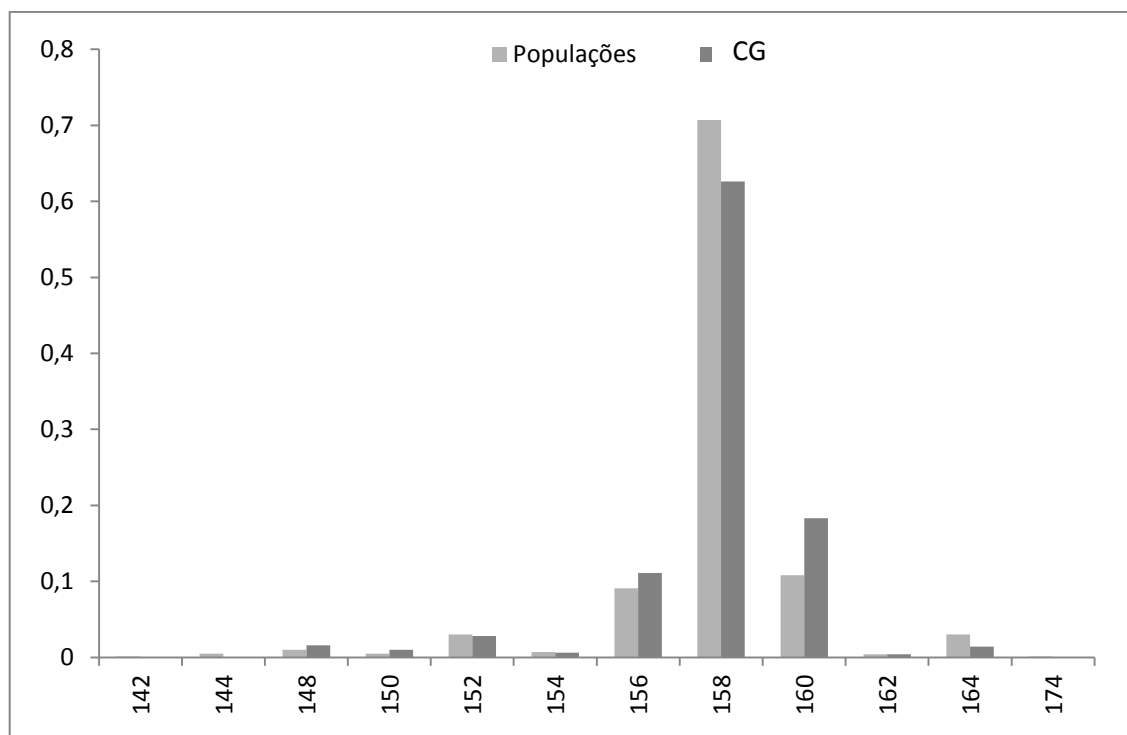
Maor2



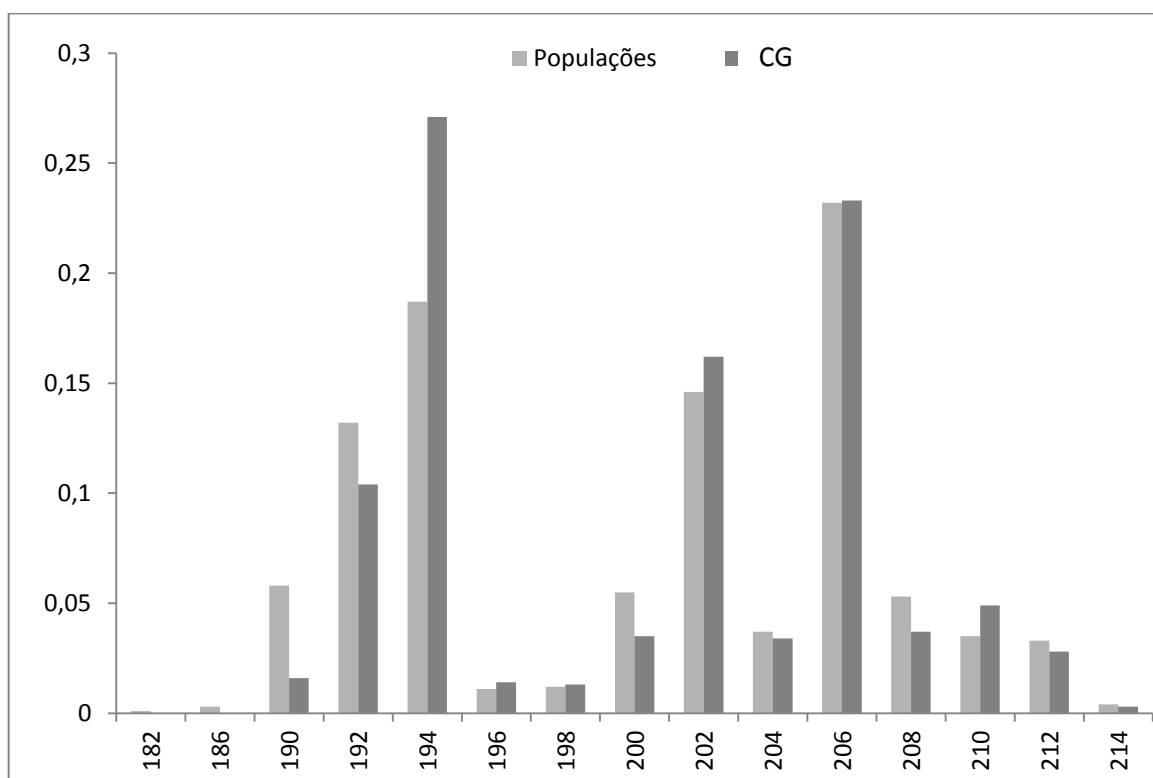
Maor29



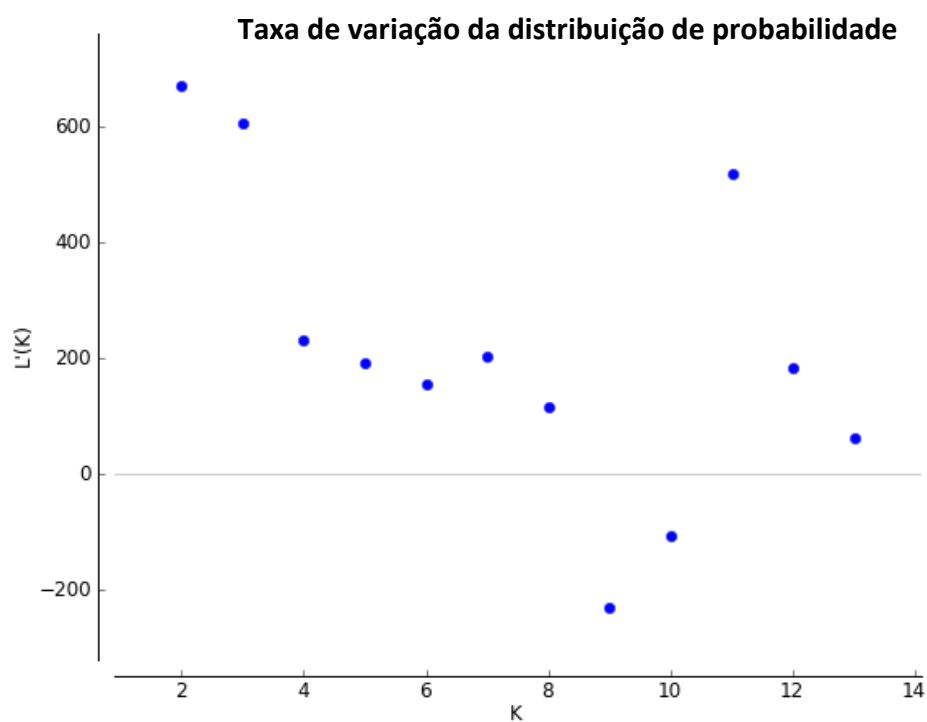
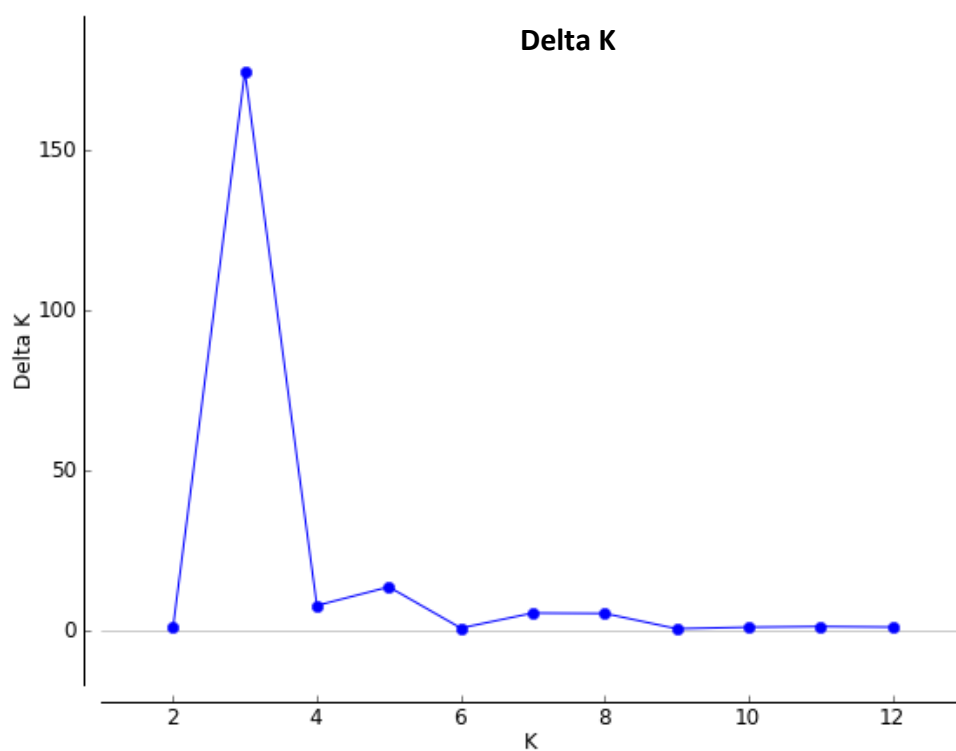
Maor41



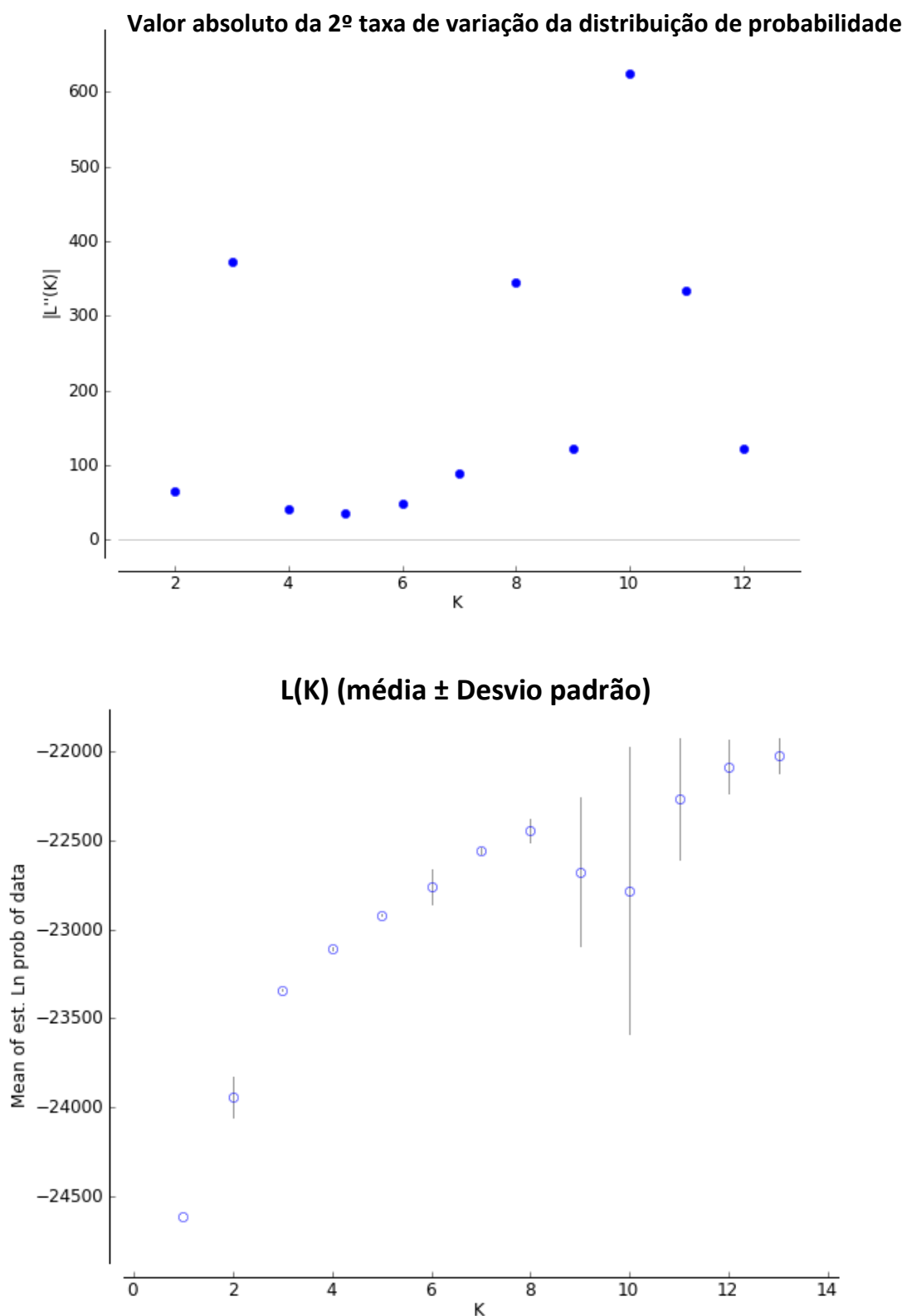
Maor52



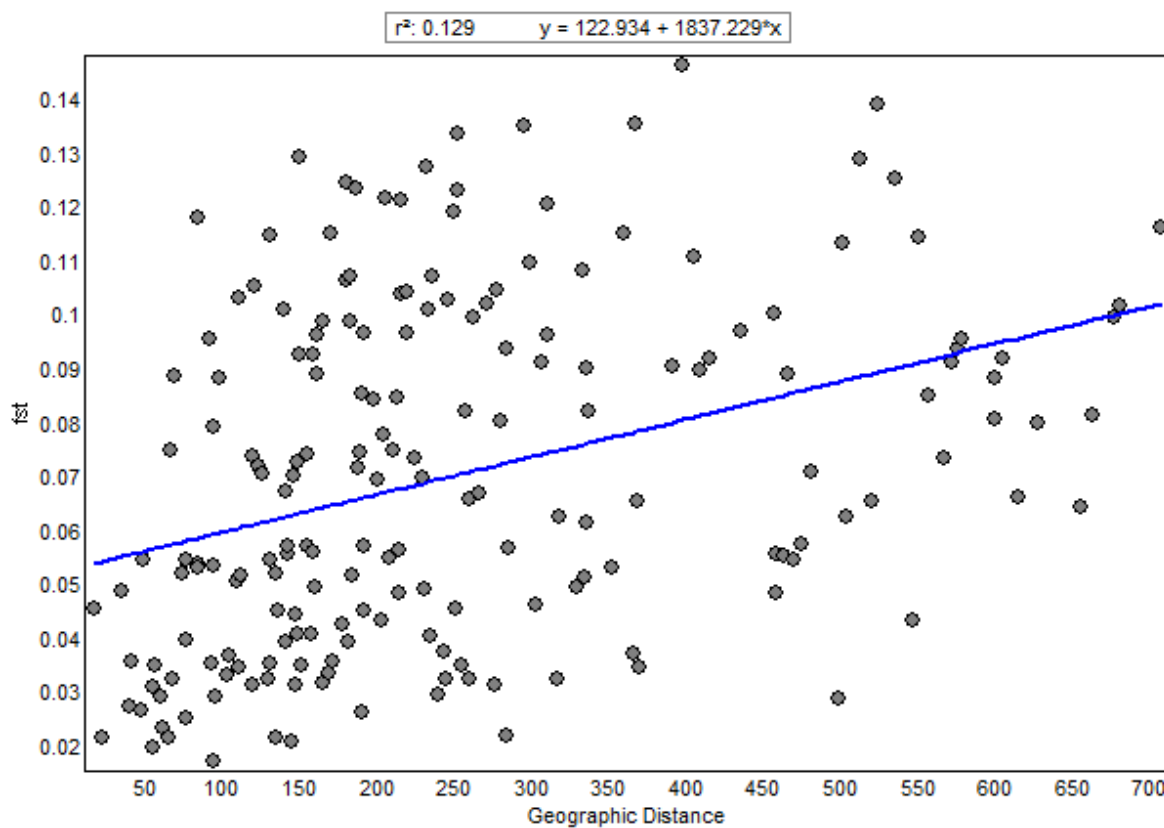
Apêndice F. Probabilidades de agrupamento para 583 indivíduos provenientes de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, usando método Bayesiano (Pritchard et al. 2000)



Apêndice F. Probabilidades de agrupamento para 583 indivíduos provenientes de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, usando método Bayesiano (Pritchard et al. 2000)



Apêndice K. Correlação entre distância genética (F_{ST}) e distância geográfica (em km) para vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado utilizando teste de Mantel, obtendo $r = 0,348$ e $p = 0,028$ com 5000 permutações



Apêndice H. Teste de Mantel parcial utilizando distâncias genéticas (F_{ST}) e distância geográfica de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, para sete classes de distâncias geográficas

Classes de distância	Correlação de Pearson (r)	Valor de p
1	0,301	<0,001
2	0,180	0,033
3	-0,008	0,928
4	-0,092	0,270
5	-0,052	0,541
6	-0,135	0,184
7	-0,176	0,222

Apêndice I. F_{ST} par a par para vinte populações naturais de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

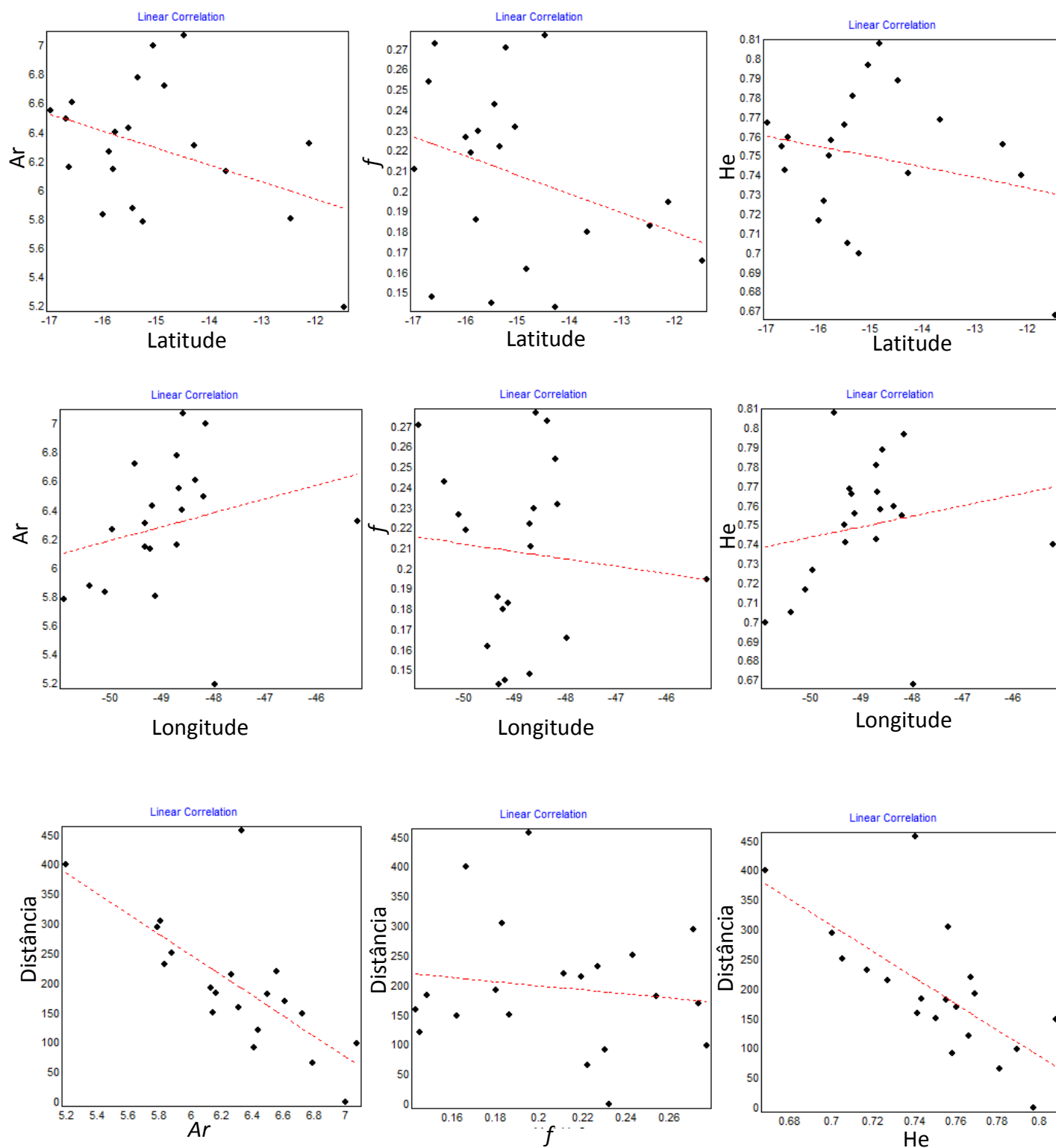
	MIM	BAR	LBU	JAR	CAL	AHO	VPR	COA	FAI	SIL ₁	SIL ₂	ITP	NIQ	GOI	MUT	BSA	MAT	SIL ₃	SRO	ALV
MIM	0,000	0,100	0,107	0,129	0,092	0,121	0,075	0,095	0,133	0,106	0,104	0,092	0,088	0,105	0,097	0,127	0,135	0,115	0,146	0,109
BAR	0,100	0,000	0,080	0,092	0,062	0,081	0,065	0,043	0,099	0,088	0,064	0,085	0,055	0,091	0,054	0,101	0,116	0,080	0,120	0,092
LBU	0,107	0,080	0,000	0,035	0,031	0,057	0,039	0,029	0,070	0,029	0,027	0,056	0,037	0,035	0,049	0,089	0,104	0,035	0,093	0,055
JAR	0,129	0,092	0,035	0,000	0,042	0,088	0,053	0,054	0,115	0,040	0,041	0,050	0,031	0,048	0,040	0,118	0,124	0,045	0,113	0,065
CAL	0,092	0,062	0,031	0,042	0,000	0,069	0,021	0,026	0,099	0,046	0,032	0,052	0,021	0,031	0,035	0,104	0,121	0,056	0,090	0,057
AHO	0,121	0,081	0,057	0,088	0,069	0,000	0,072	0,070	0,025	0,075	0,051	0,070	0,055	0,079	0,082	0,045	0,072	0,074	0,125	0,090
VPR	0,075	0,065	0,039	0,053	0,021	0,072	0,000	0,026	0,085	0,049	0,039	0,036	0,033	0,031	0,045	0,099	0,107	0,055	0,097	0,062
COA	0,095	0,043	0,029	0,054	0,026	0,070	0,026	0,000	0,078	0,051	0,021	0,057	0,035	0,032	0,029	0,096	0,123	0,053	0,071	0,037
FAI	0,133	0,099	0,070	0,115	0,099	0,025	0,085	0,078	0,000	0,093	0,066	0,073	0,084	0,101	0,101	0,039	0,054	0,099	0,129	0,115
SIL ₁	0,106	0,088	0,029	0,040	0,046	0,075	0,049	0,051	0,093	0,000	0,023*	0,045	0,032	0,033	0,053	0,097	0,108	0,021	0,095	0,057
SIL ₂	0,104	0,064	0,027	0,041	0,032	0,051	0,039	0,021	0,066	0,023	0,000	0,035	0,022	0,036	0,034	0,071	0,091	0,019	0,066	0,029
ITP	0,092	0,085	0,056	0,050	0,052	0,070	0,036	0,057	0,073	0,045	0,035	0,000	0,035	0,053	0,054	0,067	0,074	0,049	0,090	0,067
NIQ	0,088	0,055	0,037	0,031	0,021	0,055	0,033	0,035	0,084	0,032	0,022	0,035	0,000	0,032	0,017	0,073	0,103	0,032	0,082	0,048
GOI	0,105	0,091	0,035	0,048	0,031	0,079	0,031	0,032	0,101	0,033	0,036	0,053	0,032	0,000	0,043	0,103	0,123	0,044	0,089	0,061
MUT	0,097	0,054	0,049	0,040	0,035	0,082	0,045	0,029	0,101	0,053	0,034	0,054	0,017	0,043	0,000	0,102	0,119	0,051	0,080	0,052
BSA	0,127	0,101	0,089	0,118	0,104	0,045	0,099	0,096	0,039	0,097	0,071	0,067	0,073	0,103	0,102	0,000	0,031	0,084	0,114	0,111
MAT	0,135	0,116	0,104	0,124	0,121	0,072	0,107	0,123	0,054	0,108	0,091	0,074	0,103	0,123	0,119	0,031	0,000	0,096	0,139	0,135
SIL ₃	0,115	0,080	0,035	0,045	0,056	0,074	0,055	0,053	0,099	0,021	0,019	0,049	0,032	0,044	0,051	0,084	0,096	0,000	0,073	0,048
SRO	0,146	0,120	0,093	0,113	0,090	0,125	0,097	0,071	0,129	0,095	0,066	0,090	0,082	0,089	0,080	0,114	0,139	0,073	0,000	0,056
ALV	0,109	0,092	0,055	0,065	0,057	0,090	0,062	0,037	0,115	0,057	0,029	0,067	0,048	0,061	0,052	0,111	0,135	0,048	0,056	0,000

*não significativo - (significativo $p < 0,05$)

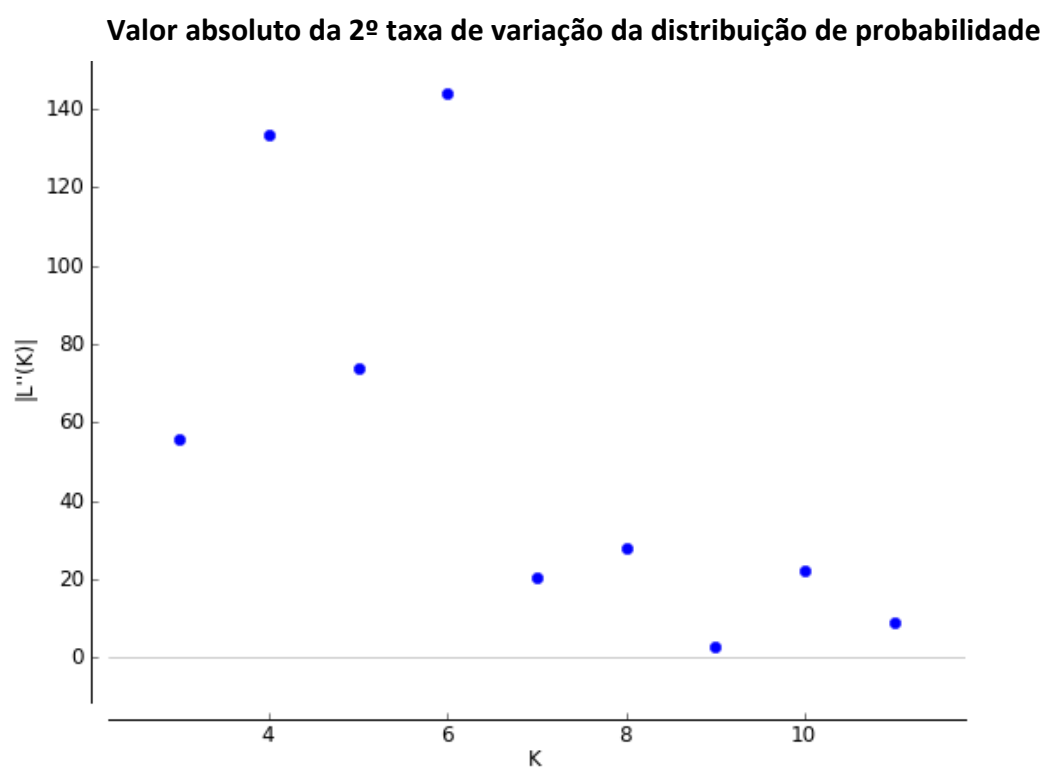
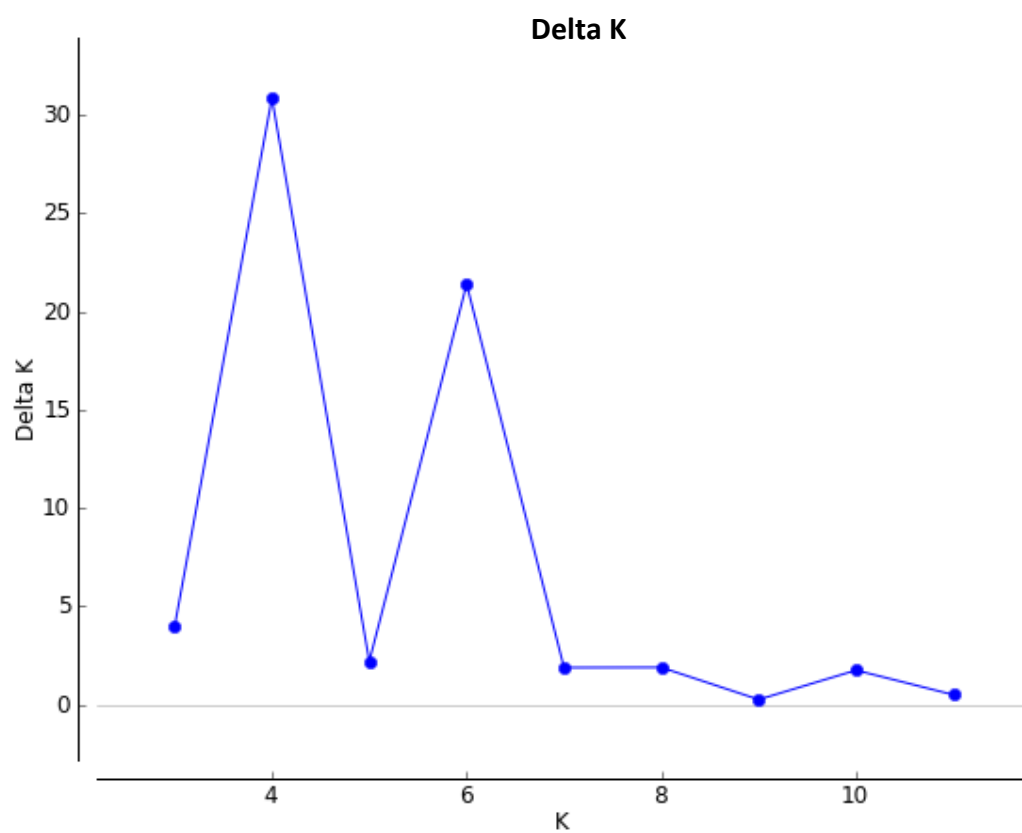
Apêndice J. Número de migrantes por geração (N_m) entre vinte populações naturais de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

	MIM	BAR	LBU	JAR	CAL	AHO	VPR	COA	FAI	SIL1	SIL2	ITP	NIQ	GOI	MUT	BSA	MAT	SIL3	SRO	ALV
MIM	-																			
BAR	2,338	-																		
LBU	2,120	2,907	-																	
JAR	1,711	2,572	7,060	-																
CAL	2,464	3,725	7,081	5,445	-															
AHO	1,937	2,825	4,230	2,730	3,378	-														
VPR	3,115	3,638	5,731	4,238	11,218	3,384	-													
COA	2,351	5,150	7,661	3,931	8,371	3,271	7,920	-												
FAI	1,705	2,314	3,437	2,012	2,189	11,542	2,829	2,915	-											
SIL1	1,990	2,309	6,399	5,688	3,917	2,432	3,789	3,373	2,004	-										
SIL2	2,441	3,737	9,220	6,452	6,852	4,821	6,193	10,081	3,952	8,941	-									
ITP	2,404	2,684	4,183	4,710	4,024	3,521	6,111	3,526	3,584	5,197	8,647	-								
NIQ	2,650	4,222	6,656	7,661	10,620	4,614	7,712	5,774	2,927	6,031	12,376	6,792	-							
GOI	2,168	2,456	7,017	4,883	7,235	3,147	6,714	6,618	2,415	5,969	7,060	4,440	7,587	-						
MUT	2,444	4,113	4,770	6,893	7,168	3,097	5,306	8,056	2,349	3,737	8,225	4,614	18,689	5,717	-					
BSA	1,781	2,283	2,500	1,870	2,058	5,318	2,260	2,335	6,507	1,883	3,590	3,470	3,106	2,225	2,314	-				
MAT	1,654	1,823	1,941	1,705	1,691	2,833	1,957	1,625	3,889	1,689	2,525	3,256	2,067	1,681	1,892	7,017	-			
SIL3	2,091	3,124	7,763	5,938	4,206	3,232	4,567	4,681	2,464	10,123	14,285	5,393	8,282	5,818	5,318	2,671	2,206	-		
SRO	1,648	2,076	2,784	2,379	2,951	1,941	2,712	3,903	1,789	2,387	4,548	2,875	3,602	3,296	3,875	1,986	1,501	4,198	-	
ALV	2,265	2,559	3,421	3,039	3,903	2,322	3,476	6,295	1,830	2,459	5,173	3,088	4,710	3,217	5,293	1,833	1,423	3,896	4,790	-

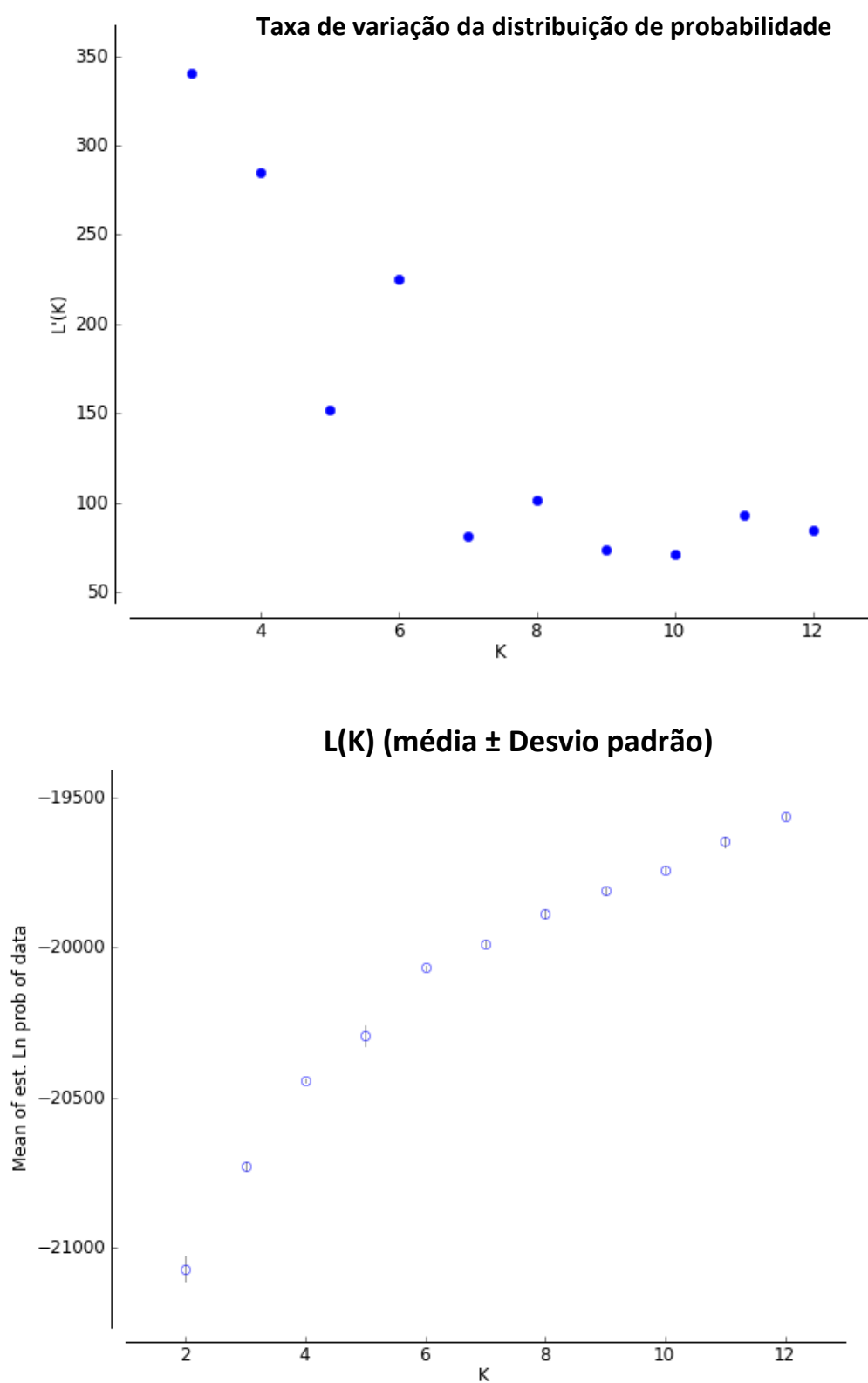
Apêndice K. Correlações entre as variáveis genéticas: riqueza alélica (Ar), coeficiente de endogamia (f) e diversidade genética (He), com a latitude, a longitude e a distância do ponto central da área de distribuição geográfica da espécie, referente a vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado



Apêndice L. Probabilidades de agrupamento para indivíduos de 17 populações de *Anacardium occidentale*, usando método Bayesiano (Pritchard et al. 2000)



Apêndice L. Probabilidades de agrupamento para indivíduos de 17 populações de *Anacardium occidentale*, usando método Bayesiano (Pritchard et al. 2000)



Apêndice M. Coeficiente de coancestria para indivíduos de vinte populações naturais de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, inferido pela estatística bayesiana para cinco grupos pré-definidos

População	Indivíduo	Coeficiente de coancestria				
		Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
MIM	1	0,0381	0,0060	0,0070	0,0077	0,9733
	2	0,1866	0,0059	0,0080	0,0070	0,9741
	3	0,0690	0,0161	0,0147	0,0100	0,9472
	4	0,0607	0,0051	0,0070	0,0059	0,9760
	5	0,0060	0,0070	0,0080	0,0070	0,9720
	6	0,0050	0,0169	0,0279	0,0382	0,8984
	7	0,0120	0,6747	0,1894	0,0339	0,0715
	8	0,0060	0,0138	0,0226	0,0130	0,9333
	9	0,0060	0,3166	0,5396	0,0120	0,1061
	10	0,0187	0,0492	0,0333	0,0174	0,8776
	11	0,0305	0,0269	0,2797	0,0147	0,6635
	12	0,0173	0,0171	0,0927	0,1590	0,6651
	13	0,0257	0,0184	0,0480	0,0080	0,9186
	14	0,0225	0,0110	0,0105	0,0120	0,9515
	15	0,0152	0,0290	0,0934	0,0396	0,8037
	16	0,0661	0,0806	0,7033	0,0282	0,0130
	17	0,0070	0,0140	0,0747	0,0180	0,8813
	18	0,0150	0,0100	0,0160	0,0297	0,9335
	19	0,0343	0,1092	0,1119	0,0513	0,7037
	20	0,1749	0,0415	0,3193	0,1818	0,3973
	21	0,0120	0,0239	0,0172	0,0143	0,9326
	22	0,0108	0,0308	0,0588	0,0300	0,8273
	23	0,0239	0,0060	0,0070	0,0077	0,9733
	24	0,0601	0,0059	0,0080	0,0070	0,9741
	25	0,0120	0,0161	0,0147	0,0100	0,9472
	26	0,0531	0,0051	0,0070	0,0059	0,9760
BAR	27	0,0331	0,0176	0,1537	0,0463	0,7493
	28	0,0217	0,0761	0,0271	0,0148	0,8603
	29	0,0160	0,0120	0,0145	0,0143	0,9432
	30	0,0612	0,2470	0,0383	0,0451	0,6084
	31	0,0424	0,0195	0,0500	0,0136	0,8745
	32	0,0312	0,0525	0,0488	0,0151	0,8524
	33	0,0276	0,0403	0,0238	0,0276	0,8807
	34	0,0164	0,0193	0,0168	0,0130	0,9345
	35	0,0459	0,0271	0,0701	0,0553	0,8017
	36	0,0128	0,0121	0,0180	0,0744	0,8827
	37	0,0292	0,1142	0,1242	0,0573	0,6751
	38	0,0219	0,0180	0,0151	0,0110	0,9340
	39	0,0229	0,0192	0,0217	0,0090	0,9272
	40	0,0284	0,0224	0,1013	0,0120	0,8359
	41	0,1164	0,0438	0,5624	0,0762	0,2011
	42	0,2844	0,1152	0,3222	0,1871	0,0911
	43	0,0568	0,0364	0,0899	0,0623	0,7545

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
BAR	44	0·0180	0·0219	0·0132	0·0143	0·9326
	45	0·0085	0·0117	0·0110	0·0080	0·9608
	46	0·0757	0·0668	0·0158	0·0499	0·7918
	47	0·0180	0·0214	0·0140	0·0078	0·9388
	48	0·0120	0·0177	0·0110	0·0110	0·9483
	49	0·0119	0·0272	0·0146	0·0140	0·9323
	50	0·0114	0·0132	0·0110	0·0100	0·9544
	51	0·0170	0·0221	0·0185	0·0275	0·9149
	52	0·0090	0·0213	0·0105	0·0120	0·9472
	53	0·0646	0·3903	0·2458	0·0322	0·2672
	54	0·0130	0·0307	0·0138	0·0291	0·9134
	55	0·0201	0·0201	0·0169	0·0605	0·8824
	56	0·3075	0·0956	0·1004	0·0432	0·4532
	57	0·6802	0·0857	0·1935	0·0296	0·0110
	58	0·6901	0·0536	0·0412	0·2002	0·0150
LBU	59	0·1680	0·1642	0·0741	0·0319	0·5617
	60	0·4881	0·0638	0·2602	0·1720	0·0160
	61	0·2954	0·1344	0·2534	0·1520	0·1648
	62	0·8094	0·0291	0·1429	0·0080	0·0106
	63	0·8576	0·0480	0·0672	0·0191	0·0080
	64	0·9200	0·0130	0·0479	0·0090	0·0101
	65	0·8913	0·0318	0·0345	0·0216	0·0208
	66	0·7987	0·0328	0·1367	0·0180	0·0138
	67	0·4142	0·3189	0·0495	0·2017	0·0157
	68	0·7652	0·1087	0·0423	0·0220	0·0618
	69	0·6922	0·0400	0·1524	0·0897	0·0258
	70	0·3253	0·0250	0·6092	0·0242	0·0163
	71	0·6696	0·0582	0·2361	0·0156	0·0205
	72	0·8145	0·0309	0·0949	0·0370	0·0228
	73	0·4359	0·4782	0·0532	0·0229	0·0098
	74	0·5509	0·0450	0·0489	0·3091	0·0460
	75	0·8735	0·0252	0·0707	0·0110	0·0196
	76	0·7668	0·0207	0·0648	0·1296	0·0181
	77	0·6641	0·0174	0·0321	0·2690	0·0174
	78	0·9324	0·0234	0·0156	0·0196	0·0090
	79	0·8790	0·0419	0·0451	0·0230	0·0110
	80	0·7877	0·0299	0·0219	0·1315	0·0290
	81	0·6143	0·2159	0·0677	0·0595	0·0426
JAR	82	0·8558	0·0453	0·0749	0·0116	0·0124
	83	0·8662	0·0151	0·0311	0·0776	0·0100
	84	0·8670	0·0352	0·0728	0·0170	0·0080
	85	0·9265	0·0204	0·0202	0·0239	0·0090
	86	0·7963	0·0308	0·1469	0·0140	0·0120

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
JAR	87	0,7715	0,0209	0,0706	0,0949	0,0421
	88	0,4057	0,4433	0,0933	0,0159	0,0419
	89	0,7846	0,0179	0,0699	0,1069	0,0206
	90	0,8716	0,0489	0,0436	0,0190	0,0169
	91	0,8399	0,0447	0,0794	0,0180	0,0180
	92	0,8256	0,0805	0,0660	0,0101	0,0178
	93	0,8776	0,0382	0,0300	0,0442	0,0100
	94	0,9131	0,0374	0,0106	0,0279	0,0110
	95	0,8443	0,0397	0,0837	0,0242	0,0081
	96	0,2070	0,4084	0,2319	0,0704	0,0822
	97	0,9422	0,0214	0,0155	0,0079	0,0130
	98	0,8305	0,0939	0,0488	0,0108	0,0160
	99	0,8062	0,0481	0,1162	0,0160	0,0136
	100	0,8657	0,0163	0,0660	0,0397	0,0123
	101	0,2818	0,0673	0,5806	0,0255	0,0448
	102	0,6095	0,1824	0,1821	0,0090	0,0170
	103	0,6250	0,1129	0,2172	0,0247	0,0202
	104	0,4433	0,0223	0,4099	0,1142	0,0103
	105	0,8645	0,0221	0,0294	0,0481	0,0359
	106	0,9106	0,0212	0,0522	0,0070	0,0090
	107	0,9211	0,0240	0,0262	0,0217	0,0070
	108	0,6613	0,0395	0,2315	0,0577	0,0100
	109	0,8913	0,0498	0,0320	0,0159	0,0110
	110	0,2168	0,2127	0,0773	0,0300	0,4632
	111	0,9368	0,0234	0,0187	0,0081	0,0130
	112	0,6380	0,0187	0,3092	0,0160	0,0181
	113	0,0317	0,0218	0,9180	0,0155	0,0130
AHO	114	0,4567	0,0973	0,2456	0,0307	0,1698
	115	0,0358	0,6583	0,0485	0,0262	0,2312
	116	0,4793	0,1278	0,1081	0,0126	0,2723
	117	0,2223	0,0613	0,6772	0,0142	0,0250
	118	0,0183	0,0110	0,9507	0,0080	0,0120
	119	0,0213	0,0428	0,8030	0,0091	0,1238
	120	0,0780	0,0501	0,7750	0,0209	0,0760
	121	0,3582	0,0912	0,4895	0,0441	0,0170
	122	0,1195	0,4007	0,4135	0,0201	0,0463
	123	0,4405	0,0181	0,4969	0,0148	0,0298
	124	0,3548	0,0731	0,5165	0,0336	0,0220
	125	0,0614	0,0336	0,8069	0,0190	0,0791
	126	0,2417	0,0548	0,1027	0,0332	0,5676
	127	0,9094	0,0409	0,0257	0,0110	0,0130
	128	0,0299	0,0229	0,8923	0,0279	0,0270
	129	0,2113	0,0608	0,3765	0,0232	0,3281

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
AHO	130	0,0684	0,7071	0,1369	0,0287	0,0588
	131	0,2249	0,1360	0,5551	0,0268	0,0572
	132	0,1565	0,0355	0,7819	0,0100	0,0160
	133	0,0240	0,0216	0,9373	0,0091	0,0080
	134	0,6325	0,0937	0,2254	0,0364	0,0120
	135	0,2279	0,5251	0,2130	0,0190	0,0150
	136	0,3949	0,0470	0,5001	0,0156	0,0424
	137	0,2657	0,2546	0,3727	0,0332	0,0738
	138	0,0989	0,0226	0,8524	0,0100	0,0160
	139	0,1395	0,0420	0,7483	0,0274	0,0429
	140	0,0767	0,0279	0,8547	0,0101	0,0306
	141	0,0656	0,0275	0,7914	0,0190	0,0965
	142	0,4847	0,0695	0,2951	0,1245	0,0261
	143	0,1818	0,5320	0,1307	0,0636	0,0918
	144	0,6385	0,2363	0,0739	0,0311	0,0202
	145	0,2972	0,0864	0,3160	0,2803	0,0200
CAL	146	0,0721	0,0747	0,0412	0,8029	0,0090
	147	0,5981	0,0499	0,0946	0,2484	0,0090
	148	0,4997	0,0325	0,1284	0,3141	0,0254
	149	0,1119	0,0234	0,2383	0,6096	0,0168
	150	0,6451	0,0236	0,0869	0,2308	0,0135
	151	0,0754	0,0697	0,2676	0,1185	0,4688
	152	0,0321	0,0849	0,5695	0,2768	0,0367
	153	0,0508	0,0110	0,0428	0,8807	0,0147
	154	0,0090	0,0070	0,0090	0,9675	0,0075
	155	0,0333	0,0221	0,0974	0,6595	0,1877
	156	0,0291	0,0144	0,0259	0,9151	0,0155
	157	0,0290	0,0274	0,5893	0,3391	0,0152
	158	0,1126	0,0750	0,5239	0,0897	0,1988
	159	0,1005	0,0299	0,1220	0,7000	0,0476
	160	0,0669	0,0231	0,0275	0,8477	0,0348
	161	0,3652	0,1154	0,1049	0,2052	0,2093
	162	0,0182	0,5087	0,0257	0,4383	0,0091
	163	0,0260	0,0215	0,2281	0,7111	0,0134
	164	0,0398	0,0455	0,0806	0,8023	0,0318
	165	0,0486	0,0353	0,1394	0,7142	0,0625
	166	0,1178	0,0474	0,0640	0,6809	0,0899
	167	0,0282	0,0281	0,8505	0,0803	0,0130
	168	0,0640	0,0364	0,0541	0,8193	0,0262
	169	0,2385	0,1167	0,2901	0,3017	0,0530
	170	0,0335	0,0162	0,1024	0,8301	0,0178
	171	0,0568	0,0132	0,8318	0,0852	0,0130
	172	0,7347	0,0877	0,0923	0,0566	0,0287

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
CAL	173	0,3345	0,0584	0,2777	0,2825	0,0469
	174	0,0229	0,0263	0,0588	0,6366	0,2554
	175	0,0858	0,0237	0,1043	0,7562	0,0300
	176	0,0910	0,0394	0,0505	0,7897	0,0294
	177	0,0174	0,0100	0,0353	0,4770	0,4603
VPR	178	0,0634	0,0608	0,4576	0,0141	0,4041
	179	0,0965	0,0406	0,8257	0,0244	0,0128
	180	0,0329	0,0125	0,7254	0,1067	0,1226
	181	0,0363	0,0110	0,5378	0,3970	0,0179
	182	0,0449	0,0241	0,8625	0,0246	0,0439
	183	0,0392	0,0277	0,7625	0,0126	0,1580
	184	0,0474	0,0213	0,6271	0,2110	0,0932
	185	0,0437	0,0161	0,8593	0,0718	0,0091
	186	0,1716	0,0930	0,5373	0,1451	0,0531
	187	0,2466	0,1991	0,5044	0,0189	0,0310
	188	0,3919	0,1084	0,4188	0,0396	0,0413
	189	0,0920	0,1900	0,4011	0,2654	0,0515
	190	0,1163	0,0401	0,7959	0,0238	0,0239
	191	0,3544	0,0673	0,4426	0,0807	0,0551
	192	0,5890	0,0277	0,3104	0,0315	0,0414
	193	0,0936	0,2802	0,1409	0,0084	0,4770
	194	0,3102	0,0698	0,5559	0,0325	0,0316
	195	0,0504	0,0152	0,9082	0,0090	0,0172
	196	0,0482	0,0149	0,8916	0,0148	0,0305
	197	0,0298	0,0120	0,8978	0,0099	0,0505
	198	0,0756	0,0375	0,7034	0,0255	0,1580
	199	0,0561	0,0610	0,8163	0,0135	0,0532
	200	0,1924	0,1537	0,2410	0,0081	0,4049
	201	0,2022	0,0485	0,7176	0,0120	0,0197
	202	0,1987	0,0535	0,7032	0,0326	0,0120
	203	0,0226	0,0140	0,9205	0,0231	0,0198
	204	0,0630	0,1148	0,4032	0,1439	0,2752
	205	0,0167	0,0336	0,8942	0,0190	0,0365
	206	0,0734	0,0194	0,1615	0,3358	0,4100
	207	0,6705	0,1497	0,1220	0,0332	0,0247
	208	0,1062	0,0558	0,1971	0,0220	0,6189
	209	0,0161	0,0457	0,8095	0,0216	0,1071
COA	210	0,3310	0,1888	0,2092	0,0145	0,2565
	211	0,6821	0,0514	0,0983	0,0675	0,1007
	212	0,5583	0,0191	0,1649	0,0100	0,2477
	213	0,0599	0,5104	0,3389	0,0339	0,0569
	214	0,0672	0,6721	0,0268	0,0130	0,2209
	215	0,4885	0,2992	0,1396	0,0187	0,0541
	216	0,4863	0,3308	0,0469	0,0190	0,1170
	217	0,1627	0,0796	0,4250	0,0119	0,3209
	218	0,1818	0,6675	0,0825	0,0229	0,0454

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
COA	219	0,0570	0,0273	0,5886	0,2068	0,1203
	220	0,0895	0,3715	0,3187	0,0375	0,1828
	221	0,1803	0,5629	0,1785	0,0132	0,0651
	222	0,1998	0,1999	0,2000	0,2002	0,2000
	223	0,0654	0,3959	0,0661	0,0110	0,4615
	224	0,5025	0,0830	0,0952	0,0137	0,3056
	225	0,5629	0,1389	0,2304	0,0287	0,0391
	226	0,0777	0,3087	0,4355	0,0241	0,1540
	227	0,0180	0,0184	0,0160	0,0169	0,9307
	228	0,1272	0,1484	0,0994	0,2048	0,4201
	229	0,0908	0,3973	0,0702	0,0111	0,4305
	230	0,0608	0,0808	0,0780	0,2735	0,5069
	231	0,0772	0,5368	0,0260	0,1204	0,2397
	232	0,1128	0,2052	0,2116	0,0311	0,4393
	233	0,5270	0,0892	0,2345	0,1154	0,0339
	234	0,1098	0,7073	0,1334	0,0329	0,0165
	235	0,5768	0,1111	0,1403	0,1416	0,0302
	236	0,4814	0,3062	0,1383	0,0301	0,0439
	237	0,1154	0,7319	0,1064	0,0120	0,0344
	238	0,7695	0,1194	0,0469	0,0482	0,0160
	239	0,5003	0,3963	0,0542	0,0110	0,0381
	240	0,2865	0,1158	0,5306	0,0472	0,0200
	241	0,8943	0,0329	0,0466	0,0150	0,0112
FAI	242	0,0171	0,0278	0,0329	0,9112	0,0110
	243	0,0558	0,0169	0,0565	0,8496	0,0212
	244	0,1089	0,2243	0,0396	0,5994	0,0279
	245	0,0964	0,0440	0,0676	0,7703	0,0217
	246	0,0490	0,0607	0,5436	0,3377	0,0090
	247	0,1919	0,0434	0,6640	0,0839	0,0169
	248	0,0294	0,0185	0,0360	0,8890	0,0271
	249	0,0908	0,0607	0,0256	0,7365	0,0864
	250	0,0738	0,2238	0,0312	0,5822	0,0891
	251	0,1873	0,0196	0,0607	0,7143	0,0181
	252	0,0985	0,0502	0,0838	0,7545	0,0130
	253	0,2744	0,0180	0,1057	0,5909	0,0111
	254	0,2000	0,2002	0,1999	0,1999	0,2000
	255	0,0319	0,1216	0,0234	0,6220	0,2012
	256	0,0100	0,0110	0,0100	0,9570	0,0120
	257	0,2663	0,0290	0,0826	0,6081	0,0140
	258	0,1607	0,2161	0,2017	0,2475	0,1740
	259	0,1540	0,0498	0,2847	0,4105	0,1010
	260	0,0337	0,0118	0,0294	0,9095	0,0156
	261	0,0305	0,0238	0,0644	0,6888	0,1925

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
FAI	262	0,1496	0,0464	0,0847	0,6965	0,0228
	263	0,0191	0,0139	0,0350	0,9210	0,0110
	264	0,0252	0,0199	0,2272	0,7136	0,0140
	265	0,0200	0,0110	0,0160	0,9430	0,0100
	266	0,0385	0,2513	0,0567	0,6097	0,0438
	267	0,0450	0,0212	0,0998	0,7383	0,0956
	268	0,0182	0,0389	0,1093	0,6543	0,1792
	269	0,3301	0,0723	0,0573	0,5264	0,0139
	270	0,3542	0,1601	0,1969	0,2400	0,0488
	271	0,0110	0,0122	0,0130	0,9548	0,0090
	272	0,0086	0,0070	0,0090	0,9674	0,0080
	273	0,0110	0,0110	0,0140	0,9480	0,0160
SILC	274	0,2063	0,2847	0,1538	0,0290	0,3262
	275	0,5669	0,2811	0,0558	0,0654	0,0308
	276	0,3230	0,2561	0,1681	0,1983	0,0544
	277	0,7221	0,1286	0,0295	0,0284	0,0914
	278	0,1632	0,0986	0,5715	0,1274	0,0393
	279	0,8351	0,1068	0,0268	0,0110	0,0203
	280	0,4212	0,2024	0,0504	0,2301	0,0959
	281	0,1279	0,6105	0,0629	0,1574	0,0413
	282	0,2683	0,0176	0,6607	0,0130	0,0404
	283	0,8624	0,0166	0,0304	0,0080	0,0826
	284	0,7458	0,0679	0,0288	0,1455	0,0120
	285	0,9332	0,0328	0,0150	0,0120	0,0070
	286	0,0309	0,0267	0,5854	0,2415	0,1156
	287	0,8764	0,0453	0,0363	0,0320	0,0100
	288	0,2531	0,2659	0,1134	0,0472	0,3203
	289	0,4743	0,2126	0,2358	0,0336	0,0437
	290	0,3363	0,5480	0,0740	0,0316	0,0101
	291	0,6759	0,1632	0,1279	0,0241	0,0090
	292	0,0943	0,7688	0,0614	0,0489	0,0266
	293	0,4112	0,3675	0,1419	0,0212	0,0581
	294	0,0334	0,0198	0,9184	0,0174	0,0110
	295	0,3214	0,3441	0,2661	0,0342	0,0343
	296	0,3510	0,1674	0,0435	0,0334	0,4047
	297	0,3076	0,1842	0,0580	0,4129	0,0374
	298	0,7804	0,1593	0,0333	0,0090	0,0180
	299	0,7424	0,0770	0,1140	0,0137	0,0529
	300	0,4331	0,3430	0,0896	0,0404	0,0940
	301	0,5534	0,3293	0,0734	0,0191	0,0248
	302	0,2272	0,6614	0,0591	0,0255	0,0267
	303	0,8925	0,0508	0,0226	0,0090	0,0251
	304	0,6247	0,0332	0,1205	0,0099	0,2117

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
SILC	305	0,1456	0,6723	0,0937	0,0558	0,0326
SILP	306	0,1720	0,7608	0,0353	0,0205	0,0114
	307	0,1080	0,7725	0,0534	0,0379	0,0282
	308	0,4359	0,0989	0,3962	0,0336	0,0355
	309	0,1081	0,3291	0,0702	0,4634	0,0293
	310	0,3639	0,3703	0,1683	0,0744	0,0231
	311	0,2237	0,6138	0,0798	0,0516	0,0311
	312	0,0414	0,8676	0,0219	0,0302	0,0389
	313	0,0616	0,8482	0,0304	0,0423	0,0175
	314	0,4024	0,4039	0,0529	0,0143	0,1265
	315	0,1063	0,3371	0,0571	0,3179	0,1816
	316	0,2100	0,4853	0,1101	0,1746	0,0200
	317	0,2325	0,0541	0,5139	0,1833	0,0161
	318	0,2838	0,0971	0,1966	0,0473	0,3751
	319	0,1196	0,2420	0,0622	0,0998	0,4763
	320	0,4153	0,2256	0,2805	0,0287	0,0499
	321	0,6287	0,1718	0,0721	0,0283	0,0991
	322	0,2363	0,4066	0,2618	0,0590	0,0363
	323	0,1538	0,6878	0,0572	0,0309	0,0704
	324	0,4109	0,1904	0,1991	0,1680	0,0317
	325	0,0502	0,7224	0,1362	0,0769	0,0143
	326	0,0709	0,7450	0,0680	0,0833	0,0328
	327	0,2856	0,4514	0,1072	0,0351	0,1207
	328	0,0412	0,7224	0,1391	0,0735	0,0239
	329	0,0327	0,9132	0,0201	0,0133	0,0207
	330	0,7224	0,1464	0,0460	0,0590	0,0261
	331	0,5395	0,1028	0,0807	0,2481	0,0289
	332	0,0404	0,0338	0,8297	0,0266	0,0696
	333	0,1446	0,6284	0,0567	0,0894	0,0808
	334	0,1442	0,4465	0,1198	0,2633	0,0261
	335	0,2338	0,5378	0,1090	0,0501	0,0693
	336	0,5887	0,3014	0,0491	0,0346	0,0262
	337	0,0395	0,0522	0,0343	0,8528	0,0212
ITP	338	0,3363	0,2469	0,2342	0,1648	0,0178
	339	0,3847	0,0514	0,4559	0,0897	0,0182
	340	0,0501	0,0626	0,6368	0,2366	0,0139
	341	0,1369	0,0420	0,7718	0,0394	0,0100
	342	0,4418	0,0535	0,4051	0,0855	0,0140
	343	0,3343	0,1839	0,0822	0,0689	0,3307
	344	0,2055	0,1628	0,0822	0,5197	0,0297
	345	0,2766	0,1631	0,4758	0,0562	0,0283
	346	0,4024	0,1190	0,0516	0,3381	0,0890
	347	0,4283	0,0554	0,4044	0,0802	0,0316

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
ITP	348	0,1115	0,1510	0,1907	0,1055	0,4414
	349	0,0619	0,7888	0,0329	0,0929	0,0234
	350	0,0616	0,0525	0,1077	0,7602	0,0180
	351	0,1800	0,1787	0,5241	0,0980	0,0192
	352	0,0859	0,2567	0,5957	0,0410	0,0207
	353	0,0223	0,0318	0,7857	0,1531	0,0070
	354	0,1665	0,7252	0,0454	0,0347	0,0282
	355	0,5839	0,1626	0,2027	0,0336	0,0172
	356	0,0573	0,0732	0,6183	0,1370	0,1141
	357	0,1372	0,0588	0,2842	0,5080	0,0118
	358	0,0795	0,0470	0,3406	0,4863	0,0467
	359	0,0762	0,0237	0,8680	0,0151	0,0170
	360	0,7840	0,0439	0,1255	0,0335	0,0130
	361	0,0321	0,0537	0,5684	0,2861	0,0597
	362	0,4463	0,0961	0,2474	0,1823	0,0279
	363	0,0400	0,0211	0,8970	0,0298	0,0121
	364	0,0338	0,0216	0,5775	0,3462	0,0210
NIQ	365	0,0240	0,1068	0,0730	0,0577	0,7384
	366	0,6077	0,3060	0,0633	0,0110	0,0120
	367	0,1932	0,2065	0,5447	0,0291	0,0266
	368	0,0208	0,1405	0,5731	0,2128	0,0528
	369	0,0280	0,0330	0,8608	0,0440	0,0342
	370	0,3378	0,2170	0,2455	0,0286	0,1712
	371	0,1992	0,7360	0,0356	0,0160	0,0132
	372	0,3687	0,0596	0,0907	0,4631	0,0179
	373	0,2495	0,0811	0,5769	0,0479	0,0446
	374	0,1190	0,5284	0,2521	0,0110	0,0895
	375	0,2228	0,6365	0,0919	0,0336	0,0152
	376	0,0997	0,0885	0,7666	0,0170	0,0282
	377	0,4106	0,0468	0,4415	0,0636	0,0375
	378	0,0212	0,0597	0,8176	0,0477	0,0538
	379	0,6078	0,1530	0,2075	0,0207	0,0110
	380	0,1471	0,2414	0,4745	0,0152	0,1219
	381	0,2792	0,1658	0,4232	0,1150	0,0168
	382	0,1465	0,0530	0,7369	0,0266	0,0370
	383	0,0746	0,2818	0,3633	0,2614	0,0189
	384	0,0937	0,2092	0,6755	0,0070	0,0145
	385	0,1967	0,1752	0,4076	0,0545	0,1661
	386	0,7782	0,0611	0,1275	0,0189	0,0143
	387	0,7619	0,0425	0,1652	0,0135	0,0169
	388	0,0351	0,1185	0,7513	0,0512	0,0439
	389	0,1201	0,1084	0,5439	0,2029	0,0248
	390	0,2186	0,0513	0,7070	0,0121	0,0110

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
NIQ	391	0,8344	0,0260	0,0900	0,0361	0,0135
	392	0,1214	0,1247	0,6941	0,0252	0,0346
	393	0,0278	0,0188	0,9241	0,0100	0,0192
	394	0,3057	0,2545	0,2212	0,1358	0,0828
	395	0,3699	0,1739	0,4151	0,0282	0,0129
	396	0,0618	0,0803	0,6677	0,1790	0,0112
GOI	397	0,7607	0,0464	0,1698	0,0111	0,0120
	398	0,4047	0,1950	0,3688	0,0145	0,0170
	399	0,1879	0,6247	0,0498	0,0723	0,0653
	400	0,7503	0,0478	0,1849	0,0100	0,0070
	401	0,8129	0,0561	0,0820	0,0361	0,0130
	402	0,7421	0,1069	0,1281	0,0120	0,0110
	403	0,6010	0,0715	0,1104	0,2030	0,0140
	404	0,4232	0,4266	0,0760	0,0420	0,0323
	405	0,0302	0,2776	0,6237	0,0110	0,0575
	406	0,8773	0,0260	0,0397	0,0384	0,0186
	407	0,4928	0,0343	0,1620	0,2939	0,0170
	408	0,8095	0,0226	0,1117	0,0224	0,0338
	409	0,1651	0,1255	0,2743	0,3485	0,0866
	410	0,3287	0,1686	0,2509	0,1752	0,0765
	411	0,5251	0,1490	0,1420	0,0269	0,1569
	412	0,8020	0,1079	0,0712	0,0110	0,0080
	413	0,6726	0,2210	0,0737	0,0130	0,0197
	414	0,4290	0,2070	0,3352	0,0128	0,0160
	415	0,3288	0,1684	0,2510	0,1753	0,0764
	416	0,1546	0,0418	0,7849	0,0087	0,0100
	417	0,6660	0,2545	0,0553	0,0142	0,0100
	418	0,7220	0,0709	0,1822	0,0139	0,0110
	419	0,3388	0,0316	0,5902	0,0303	0,0090
	420	0,8951	0,0319	0,0561	0,0086	0,0083
	421	0,8018	0,0558	0,0931	0,0363	0,0130
	422	0,6173	0,0436	0,1196	0,1852	0,0343
	423	0,3592	0,1131	0,2529	0,2024	0,0723
	424	0,1650	0,0785	0,6667	0,0701	0,0196
	425	0,0258	0,8883	0,0256	0,0262	0,0341
	426	0,3031	0,0764	0,5602	0,0255	0,0348
	427	0,0846	0,2307	0,5950	0,0538	0,0358
	428	0,6039	0,1649	0,1330	0,0158	0,0824
MUT	429	0,0877	0,4976	0,0761	0,0249	0,3137
	430	0,1615	0,7088	0,0260	0,0100	0,0936
	431	0,3223	0,5829	0,0698	0,0080	0,0170
	432	0,3824	0,4720	0,0996	0,0110	0,0350
	433	0,0525	0,1530	0,5461	0,0251	0,2233

<i>Continuação</i>						
Pop	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
MUT	434	0,4640	0,2530	0,2412	0,0199	0,0219
	435	0,1592	0,2644	0,2366	0,1611	0,1788
	436	0,1087	0,0645	0,7697	0,0302	0,0269
	437	0,4619	0,2656	0,1778	0,0812	0,0136
	438	0,1441	0,3809	0,1043	0,0489	0,3217
	439	0,5090	0,1394	0,1974	0,1076	0,0467
	440	0,5672	0,1008	0,2957	0,0241	0,0122
	441	0,0947	0,1202	0,0345	0,7141	0,0366
	442	0,0411	0,1122	0,4623	0,2223	0,1622
	443	0,6988	0,0929	0,1377	0,0150	0,0556
	444	0,0543	0,4662	0,3667	0,0443	0,0685
	445	0,0329	0,6233	0,0551	0,1702	0,1185
	446	0,6056	0,1619	0,1702	0,0514	0,0110
	447	0,2244	0,0547	0,6367	0,0752	0,0090
	448	0,3747	0,0294	0,5377	0,0442	0,0140
	449	0,0476	0,5554	0,3472	0,0257	0,0241
	450	0,0702	0,5709	0,2124	0,0360	0,1104
	451	0,1403	0,5800	0,0653	0,1037	0,1107
	452	0,1370	0,1964	0,4913	0,0831	0,0921
BSA	453	0,0197	0,5576	0,0219	0,3760	0,0248
	454	0,0150	0,0247	0,0580	0,8834	0,0189
	455	0,0221	0,0215	0,0141	0,9333	0,0090
	456	0,0372	0,0200	0,0647	0,8527	0,0254
	457	0,0124	0,0201	0,0188	0,9374	0,0113
	458	0,0120	0,0148	0,0212	0,9382	0,0138
	459	0,0150	0,0140	0,0150	0,9430	0,0130
	460	0,0559	0,2380	0,0288	0,5580	0,1193
	461	0,0241	0,0281	0,0261	0,8923	0,0294
	462	0,0451	0,0860	0,0212	0,7868	0,0610
	463	0,0559	0,0254	0,0333	0,4745	0,4109
	464	0,0499	0,0619	0,0543	0,7981	0,0358
	465	0,0171	0,2103	0,0239	0,7190	0,0297
	466	0,0090	0,0123	0,0112	0,9553	0,0122
	467	0,0070	0,0212	0,0090	0,9518	0,0110
	468	0,0089	0,0224	0,0120	0,9426	0,0141
	469	0,0190	0,4530	0,0201	0,4747	0,0332
	470	0,0421	0,0834	0,0795	0,7688	0,0261
	471	0,0661	0,1071	0,0197	0,7733	0,0338
	472	0,0105	0,0463	0,0217	0,8837	0,0378
	473	0,1982	0,2511	0,0756	0,4594	0,0158
	474	0,0150	0,0091	0,0228	0,9450	0,0081
	475	0,0090	0,0130	0,0100	0,9590	0,0090
	476	0,0133	0,0110	0,0240	0,9407	0,0110

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
BSA	477	0,0284	0,0303	0,0160	0,9133	0,0120
	478	0,0179	0,0321	0,0159	0,9209	0,0132
	479	0,0404	0,0208	0,0307	0,8971	0,0110
	480	0,0080	0,0070	0,0090	0,9680	0,0080
	481	0,1776	0,3815	0,0588	0,3427	0,0394
	482	0,0247	0,0484	0,0904	0,7604	0,0761
	483	0,0390	0,1102	0,0382	0,7942	0,0184
	484	0,0141	0,5802	0,0110	0,3683	0,0264
MAT	485	0,0215	0,1280	0,0216	0,8050	0,0239
	486	0,0304	0,0249	0,0637	0,8446	0,0364
	487	0,0138	0,0209	0,0110	0,9304	0,0239
	488	0,0213	0,0669	0,0179	0,8814	0,0125
	489	0,0218	0,0749	0,0513	0,8185	0,0336
	490	0,0994	0,0363	0,1865	0,6446	0,0332
	491	0,0535	0,0445	0,0220	0,6925	0,1875
	492	0,0100	0,1331	0,0120	0,8026	0,0423
	493	0,0190	0,1717	0,0478	0,4942	0,2673
	494	0,0168	0,1203	0,0160	0,8147	0,0322
	495	0,1928	0,3107	0,0682	0,2165	0,2119
	496	0,0287	0,0125	0,0160	0,9348	0,0080
	497	0,1249	0,3224	0,0700	0,3765	0,1062
	498	0,0150	0,0176	0,0232	0,8987	0,0455
	499	0,0090	0,0116	0,0116	0,9568	0,0110
	500	0,0522	0,0236	0,0281	0,8662	0,0299
	501	0,0106	0,0120	0,0102	0,9572	0,0100
	502	0,0120	0,0130	0,0189	0,8391	0,1170
	503	0,0140	0,0141	0,0171	0,9445	0,0103
	504	0,0100	0,0121	0,0080	0,9626	0,0073
	505	0,0206	0,0237	0,0267	0,9170	0,0120
	506	0,0260	0,0257	0,0349	0,8792	0,0342
	507	0,0099	0,0127	0,0110	0,9584	0,0080
	508	0,0080	0,0254	0,0112	0,9444	0,0110
	509	0,2827	0,0245	0,0488	0,6347	0,0093
	510	0,0151	0,0130	0,0296	0,9343	0,0080
	511	0,0449	0,0961	0,0910	0,7494	0,0186
	512	0,0161	0,0150	0,0188	0,9380	0,0121
	513	0,0232	0,2006	0,0179	0,7379	0,0204
	514	0,0254	0,0254	0,1095	0,8209	0,0188
	515	0,0110	0,0080	0,0105	0,9631	0,0074
	516	0,0110	0,0113	0,0087	0,9604	0,0086
SILQ	517	0,0162	0,8712	0,0301	0,0377	0,0448
	518	0,1821	0,2442	0,4541	0,0890	0,0305
	519	0,5771	0,0490	0,3271	0,0328	0,0140

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
SILQ	520	0,5108	0,4100	0,0512	0,0190	0,0090
	521	0,2778	0,6483	0,0346	0,0263	0,0130
	522	0,0651	0,8730	0,0156	0,0326	0,0137
	523	0,0314	0,3612	0,0381	0,4486	0,1208
	524	0,4894	0,2025	0,0617	0,1975	0,0489
	525	0,0201	0,8082	0,0271	0,0808	0,0638
	526	0,0916	0,8440	0,0164	0,0370	0,0110
	527	0,5479	0,3642	0,0243	0,0508	0,0129
	528	0,3293	0,5075	0,1296	0,0226	0,0110
	529	0,0209	0,1801	0,1916	0,5671	0,0403
	530	0,6793	0,2494	0,0363	0,0090	0,0260
	531	0,7125	0,1324	0,1272	0,0118	0,0162
	532	0,2147	0,6762	0,0471	0,0140	0,0480
	533	0,0674	0,5237	0,1931	0,0318	0,1840
	534	0,5922	0,3618	0,0191	0,0130	0,0139
	535	0,0503	0,6862	0,0309	0,1980	0,0346
	536	0,5790	0,2387	0,1351	0,0313	0,0159
	537	0,6033	0,2133	0,0423	0,0945	0,0466
	538	0,2406	0,3299	0,3651	0,0309	0,0336
	539	0,2682	0,6064	0,0283	0,0527	0,0444
	540	0,3192	0,6115	0,0140	0,0235	0,0318
	541	0,0754	0,0916	0,1103	0,5832	0,1396
	542	0,8733	0,0639	0,0338	0,0180	0,0111
	543	0,0190	0,1010	0,8498	0,0132	0,0170
	544	0,0553	0,3927	0,2024	0,0846	0,2650
	545	0,0481	0,8995	0,0187	0,0217	0,0120
	546	0,1266	0,7960	0,0382	0,0215	0,0178
	547	0,2001	0,1999	0,2000	0,1999	0,2001
	548	0,1431	0,2145	0,2137	0,2666	0,1622
SRO	549	0,2000	0,2001	0,2000	0,2001	0,1998
	550	0,2000	0,1999	0,2000	0,2000	0,2002
	551	0,1998	0,2001	0,2000	0,1999	0,2000
	552	0,0419	0,7919	0,1439	0,0120	0,0102
	553	0,1426	0,7484	0,0482	0,0444	0,0165
	554	0,0395	0,8821	0,0555	0,0111	0,0118
	555	0,0456	0,8392	0,0767	0,0220	0,0166
	556	0,0317	0,9098	0,0355	0,0100	0,0130
	557	0,0391	0,8841	0,0429	0,0090	0,0248
	558	0,0190	0,9158	0,0287	0,0160	0,0205
	559	0,1166	0,7968	0,0327	0,0397	0,0142
	560	0,0477	0,8851	0,0216	0,0352	0,0104
	561	0,0183	0,9320	0,0166	0,0181	0,0150
	562	0,0510	0,3161	0,0418	0,5657	0,0254

<i>Continuação</i>						
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5
SRO	563	0,0261	0,8077	0,0829	0,0296	0,0537
	564	0,0200	0,8754	0,0270	0,0526	0,0250
	565	0,0470	0,8176	0,0281	0,0393	0,0680
	566	0,0182	0,8176	0,1274	0,0258	0,0110
	567	0,0559	0,8804	0,0262	0,0225	0,0150
	568	0,0250	0,9106	0,0397	0,0110	0,0138
	569	0,0145	0,7766	0,0222	0,0169	0,1698
	570	0,0911	0,7472	0,0606	0,0761	0,0251
	571	0,0274	0,6383	0,0594	0,1863	0,0886
	572	0,2001	0,1999	0,2001	0,2001	0,1999
ALV	573	0,0172	0,9023	0,0482	0,0150	0,0173
	574	0,1014	0,3672	0,1102	0,0569	0,3644
	575	0,1068	0,4745	0,2548	0,0683	0,0955
	576	0,0269	0,8801	0,0199	0,0283	0,0448
	577	0,4345	0,3453	0,1648	0,0435	0,0119
	578	0,0132	0,9194	0,0242	0,0080	0,0352
	579	0,0627	0,7287	0,0801	0,0110	0,1176
	580	0,0309	0,8601	0,0238	0,0704	0,0148
	581	0,2604	0,6310	0,0788	0,0090	0,0208
	582	0,1551	0,2590	0,2420	0,1187	0,2252
	583	0,0249	0,8899	0,0538	0,0106	0,0208

Apêndice N. Coeficiente de coancestria para indivíduos de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, inferido pela estatística bayesiana para 6 grupos pré-definidos

Coeficiente de coancestria							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
MIM	1	0,0190	0,0713	0,0353	0,7012	0,1221	0,0511
	2	0,0120	0,5377	0,1782	0,0122	0,1387	0,1212
	3	0,0470	0,4641	0,0895	0,1111	0,0473	0,2411
	4	0,0040	0,0080	0,0050	0,9410	0,0225	0,0195
	5	0,0050	0,0040	0,0050	0,9777	0,0040	0,0043
	6	0,0050	0,0040	0,0030	0,9805	0,0035	0,0040
	7	0,0100	0,0170	0,0070	0,9301	0,0135	0,0224
	8	0,0030	0,0034	0,0030	0,9837	0,0031	0,0038
	9	0,0040	0,0042	0,0040	0,9798	0,0040	0,0040
	10	0,0272	0,0185	0,0138	0,8997	0,0169	0,0239
	11	0,0833	0,5402	0,0193	0,0202	0,0931	0,2439
	12	0,0070	0,0140	0,0070	0,9491	0,0093	0,0136
	13	0,0076	0,7968	0,0126	0,0296	0,0487	0,1046
	14	0,0070	0,0210	0,0100	0,9382	0,0118	0,0120
	15	0,0070	0,1706	0,0872	0,6631	0,0287	0,0435
	16	0,0452	0,0515	0,1281	0,6676	0,0432	0,0644
	17	0,0060	0,0415	0,0061	0,9241	0,0080	0,0143
	18	0,0110	0,0102	0,0140	0,9354	0,0128	0,0166
	19	0,0134	0,0195	0,0168	0,9100	0,0151	0,0252
	20	0,0168	0,7439	0,0259	0,0112	0,1127	0,0895
	21	0,0120	0,0235	0,0376	0,9013	0,0113	0,0143
	22	0,0090	0,0069	0,0081	0,9640	0,0060	0,0060
	23	0,0129	0,0651	0,0561	0,7781	0,0647	0,0232
	24	0,0291	0,1097	0,4145	0,3674	0,0341	0,0453
	25	0,0120	0,0202	0,0080	0,9279	0,0150	0,0169
	26	0,0174	0,1559	0,2756	0,1018	0,1582	0,2912
BAR	27	0,0248	0,0700	0,0160	0,5806	0,1344	0,1742
	28	0,0900	0,3273	0,0856	0,0040	0,1651	0,3279
	29	0,0506	0,1648	0,1554	0,2733	0,2628	0,0932
	30	0,0053	0,1832	0,0125	0,0050	0,2057	0,5882
	31	0,0134	0,0356	0,0089	0,0050	0,8167	0,1204
	32	0,0050	0,1060	0,0140	0,0055	0,1887	0,6809
	33	0,0143	0,0842	0,0328	0,0090	0,2672	0,5924
	34	0,0112	0,0555	0,0437	0,0060	0,6849	0,1988
	35	0,0730	0,2107	0,1897	0,0088	0,2816	0,2363
	36	0,0137	0,0752	0,0253	0,0319	0,3759	0,4780
	37	0,0357	0,1504	0,0484	0,0164	0,1858	0,5633
	38	0,0142	0,1760	0,0607	0,0217	0,2090	0,5185
	39	0,0100	0,1833	0,0146	0,0156	0,2247	0,5518
	40	0,0112	0,1020	0,0693	0,0097	0,1766	0,6312
	41	0,0176	0,0637	0,0154	0,0060	0,7370	0,1603
	42	0,0880	0,1435	0,3380	0,0060	0,3479	0,0767
	43	0,0060	0,1118	0,0391	0,0072	0,3391	0,4967

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
BAR	44	0,0293	0,0655	0,2289	0,0115	0,4380	0,2268
	45	0,0952	0,0285	0,1767	0,0118	0,5949	0,0929
	46	0,0160	0,0460	0,0144	0,0060	0,6013	0,3162
	47	0,0108	0,0507	0,0660	0,0069	0,7018	0,1638
	48	0,0473	0,0621	0,2079	0,0070	0,4379	0,2378
	49	0,0128	0,1170	0,3832	0,0080	0,1602	0,3188
	50	0,0061	0,0352	0,0125	0,0067	0,8204	0,1191
	51	0,0096	0,0243	0,3028	0,0054	0,5807	0,0772
	52	0,0081	0,0405	0,0173	0,0061	0,8221	0,1059
	53	0,0199	0,0275	0,0185	0,0048	0,8209	0,1084
	54	0,0130	0,5174	0,0127	0,0043	0,3141	0,1384
	55	0,0432	0,0516	0,0440	0,0245	0,6951	0,1415
	56	0,0098	0,0241	0,0166	0,0293	0,7663	0,1539
	57	0,1152	0,1189	0,0946	0,0088	0,4486	0,2139
	58	0,0119	0,0956	0,0300	0,0066	0,4505	0,4054
LBU	59	0,0098	0,1010	0,0371	0,0078	0,6939	0,1504
	60	0,0060	0,1070	0,0188	0,0065	0,7524	0,1093
	61	0,0121	0,0262	0,1004	0,0059	0,7384	0,1169
	62	0,0187	0,0110	0,0102	0,0040	0,8236	0,1325
	63	0,0118	0,0416	0,0237	0,0040	0,7917	0,1272
	64	0,0300	0,3326	0,1814	0,0224	0,1889	0,2448
	65	0,0050	0,0313	0,0090	0,0062	0,8048	0,1436
	66	0,0070	0,0273	0,0080	0,0046	0,8515	0,1016
	67	0,0164	0,1205	0,0131	0,0113	0,5538	0,2849
	68	0,0177	0,0369	0,0246	0,0082	0,7908	0,1218
	69	0,0182	0,5079	0,0143	0,0713	0,2406	0,1478
	70	0,0069	0,4307	0,0084	0,0060	0,3781	0,1698
	71	0,0168	0,1394	0,0268	0,0059	0,3195	0,4916
	72	0,0728	0,2021	0,1256	0,0070	0,4820	0,1104
	73	0,0136	0,0880	0,0803	0,0152	0,2792	0,5237
	74	0,0060	0,2308	0,0060	0,0040	0,6257	0,1275
	75	0,0140	0,0219	0,0171	0,0058	0,8182	0,1230
	76	0,0685	0,2473	0,0162	0,0066	0,5297	0,1317
	77	0,0100	0,0175	0,0090	0,0060	0,8517	0,1058
	78	0,0183	0,2643	0,0363	0,0813	0,1724	0,4275
	79	0,0050	0,0163	0,0101	0,0050	0,8399	0,1237
	80	0,0117	0,4722	0,0151	0,0070	0,3574	0,1366
	81	0,0065	0,8132	0,0349	0,0050	0,0548	0,0855
JAR	82	0,0193	0,1929	0,0248	0,0284	0,2064	0,5281
	83	0,0571	0,6091	0,0107	0,0104	0,0774	0,2354
	84	0,0080	0,1172	0,0159	0,0509	0,1716	0,6364
	85	0,0102	0,4601	0,0217	0,0084	0,2102	0,2894
	86	0,0050	0,6473	0,0114	0,0060	0,0549	0,2753

<i>Continuação</i>							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
JAR	87	0,0080	0,6660	0,0092	0,0412	0,0624	0,2132
	88	0,0131	0,7275	0,0160	0,0330	0,0848	0,1256
	89	0,0294	0,3232	0,1259	0,0110	0,2699	0,2407
	90	0,0096	0,7765	0,0150	0,0096	0,0885	0,1007
	91	0,0070	0,2307	0,0182	0,0477	0,1290	0,5674
	92	0,0134	0,7135	0,0352	0,0157	0,1041	0,1181
	93	0,0240	0,5421	0,0112	0,1574	0,1302	0,1350
	94	0,0147	0,2836	0,0435	0,0090	0,0989	0,5502
	95	0,0070	0,0884	0,0128	0,0060	0,5314	0,3544
	96	0,0328	0,6462	0,0253	0,1232	0,0945	0,0781
	97	0,0093	0,2546	0,0813	0,1006	0,0751	0,4791
	98	0,0801	0,5781	0,0090	0,0124	0,0672	0,2532
	99	0,0274	0,2656	0,0125	0,0188	0,0768	0,5990
	100	0,0085	0,3390	0,0108	0,0090	0,0750	0,5577
	101	0,0066	0,8312	0,0110	0,0076	0,0513	0,0923
	102	0,0255	0,3760	0,0601	0,0112	0,3801	0,1471
	103	0,0334	0,4153	0,0089	0,0184	0,3744	0,1496
	104	0,0110	0,4957	0,0186	0,0080	0,0790	0,3877
	105	0,0309	0,6533	0,0105	0,0419	0,1341	0,1294
	106	0,0070	0,7615	0,0103	0,0100	0,0759	0,1353
	107	0,0171	0,4337	0,0664	0,0177	0,0792	0,3859
	108	0,0082	0,4409	0,0130	0,0168	0,0677	0,4534
	109	0,0156	0,3901	0,0257	0,0972	0,0690	0,4024
	110	0,0300	0,2370	0,3681	0,0110	0,2205	0,1335
	111	0,0253	0,1504	0,1156	0,0109	0,3502	0,3476
	112	0,0198	0,1435	0,0353	0,0060	0,4437	0,3516
	113	0,0795	0,1726	0,3745	0,0150	0,1963	0,1620
AHO	114	0,5321	0,0802	0,2809	0,0069	0,0489	0,0511
	115	0,0431	0,0711	0,3559	0,0076	0,4197	0,1026
	116	0,0135	0,0524	0,7410	0,0130	0,0347	0,1454
	117	0,0080	0,0252	0,9335	0,0060	0,0127	0,0146
	118	0,0556	0,1160	0,2814	0,0070	0,2277	0,3123
	119	0,0327	0,3334	0,4201	0,0110	0,0653	0,1375
	120	0,0130	0,0669	0,8369	0,0143	0,0357	0,0331
	121	0,0090	0,0080	0,9632	0,0050	0,0078	0,0070
	122	0,1594	0,0076	0,8155	0,0050	0,0064	0,0061
	123	0,0154	0,0211	0,9311	0,0070	0,0107	0,0147
	124	0,0685	0,0147	0,8787	0,0060	0,0166	0,0155
	125	0,0999	0,2464	0,5428	0,0100	0,0365	0,0645
	126	0,0546	0,2658	0,0879	0,4045	0,1221	0,0651
	127	0,0298	0,0208	0,8988	0,0148	0,0161	0,0197
	128	0,6984	0,0375	0,1593	0,0157	0,0465	0,0426
	129	0,0160	0,0334	0,8230	0,0060	0,0511	0,0705

<i>Continuação</i>							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
AHO	130	0,7485	0,0750	0,0595	0,0070	0,0485	0,0615
	131	0,0131	0,0212	0,9413	0,0040	0,0092	0,0112
	132	0,0185	0,0219	0,9207	0,0157	0,0111	0,0121
	133	0,0208	0,0243	0,9058	0,0187	0,0118	0,0186
	134	0,1408	0,0197	0,5129	0,1272	0,1564	0,0430
	135	0,0224	0,3549	0,4808	0,0067	0,0471	0,0882
	136	0,0786	0,0257	0,8446	0,0050	0,0218	0,0243
	137	0,0162	0,0415	0,8021	0,0150	0,0367	0,0884
	138	0,0154	0,0144	0,9392	0,0080	0,0112	0,0118
	139	0,0378	0,3838	0,3694	0,0050	0,0896	0,1144
	140	0,0180	0,1350	0,3426	0,0080	0,2550	0,2414
	141	0,0179	0,0472	0,7900	0,0182	0,0386	0,0881
	142	0,6361	0,0371	0,1042	0,1573	0,0275	0,0378
	143	0,0751	0,0318	0,8488	0,0080	0,0136	0,0226
	144	0,0941	0,0457	0,7003	0,0106	0,0458	0,1034
	145	0,0330	0,0105	0,4531	0,4794	0,0113	0,0128
CAL	146	0,0076	0,2181	0,0139	0,0560	0,0647	0,6397
	147	0,0202	0,3156	0,0883	0,0102	0,1684	0,3973
	148	0,1114	0,1846	0,0788	0,0102	0,0533	0,5617
	149	0,0179	0,0461	0,8858	0,0100	0,0141	0,0261
	150	0,0137	0,7117	0,0435	0,0133	0,0742	0,1436
	151	0,0080	0,3486	0,0164	0,0348	0,0779	0,5143
	152	0,0165	0,0534	0,6562	0,0712	0,0256	0,1771
	153	0,0119	0,5556	0,2642	0,0079	0,0862	0,0742
	154	0,0217	0,1568	0,2984	0,0107	0,1871	0,3252
	155	0,0090	0,1861	0,0373	0,0184	0,1965	0,5527
	156	0,0331	0,2565	0,0401	0,0349	0,3759	0,2595
	157	0,0094	0,1352	0,4504	0,0132	0,0627	0,3291
	158	0,0121	0,6225	0,0483	0,0090	0,1331	0,1750
	159	0,0280	0,1989	0,1790	0,0386	0,2935	0,2620
	160	0,0148	0,4299	0,0501	0,0114	0,2370	0,2568
	161	0,0060	0,1163	0,0109	0,5114	0,2038	0,1517
	162	0,0269	0,5025	0,0243	0,0320	0,1137	0,3007
	163	0,0060	0,5603	0,0227	0,0203	0,0882	0,3025
	164	0,0116	0,4263	0,0139	0,0951	0,0791	0,3741
	165	0,0068	0,6611	0,0116	0,0123	0,0514	0,2569
	166	0,0110	0,2054	0,0274	0,0075	0,0644	0,6843
	167	0,0104	0,3992	0,0190	0,0194	0,0714	0,4806
	168	0,0050	0,3350	0,0124	0,0211	0,0782	0,5483
	169	0,0079	0,1464	0,0094	0,0098	0,0808	0,7457
	170	0,0186	0,1899	0,0890	0,0088	0,1763	0,5174
	171	0,0101	0,7833	0,0631	0,0060	0,0498	0,0877
	172	0,1233	0,1442	0,0612	0,0101	0,2298	0,4314

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	
CAL	173	0,0150	0,8364	0,0080	0,0060	0,0485	0,0861
	174	0,0747	0,1149	0,5937	0,0554	0,0345	0,1267
	175	0,0172	0,1494	0,0234	0,0121	0,1995	0,5984
	176	0,0164	0,3305	0,0401	0,1290	0,0839	0,4001
	177	0,0145	0,8317	0,0107	0,0110	0,0467	0,0854
VPR	178	0,0079	0,5783	0,0255	0,0414	0,2096	0,1373
	179	0,0142	0,1438	0,1327	0,0100	0,0957	0,6036
	180	0,0060	0,2023	0,0098	0,0361	0,0988	0,6469
	181	0,0310	0,1597	0,0188	0,0087	0,0734	0,7084
	182	0,0103	0,0656	0,0187	0,1825	0,4248	0,2981
	183	0,0119	0,1036	0,0122	0,0457	0,3045	0,5221
	184	0,0157	0,0872	0,0100	0,0161	0,2215	0,6495
	185	0,0060	0,3162	0,0133	0,0104	0,0684	0,5857
	186	0,0148	0,1930	0,0384	0,0146	0,2529	0,4863
	187	0,0682	0,3695	0,3114	0,0145	0,0483	0,1881
	188	0,0331	0,3850	0,0466	0,3845	0,0568	0,0939
	189	0,0100	0,5644	0,0080	0,0080	0,0662	0,3434
	190	0,1667	0,1669	0,1666	0,1667	0,1665	0,1667
	191	0,0100	0,3962	0,0108	0,1224	0,0521	0,4086
	192	0,0080	0,2259	0,0132	0,0109	0,0879	0,6541
	193	0,0157	0,1674	0,0193	0,0109	0,1116	0,6751
	194	0,0270	0,1659	0,0117	0,0673	0,0705	0,6576
	195	0,0295	0,2937	0,0526	0,1295	0,0888	0,4059
	196	0,0981	0,1424	0,1410	0,0936	0,1441	0,3808
	197	0,0090	0,1561	0,0224	0,0081	0,1123	0,6921
	198	0,0719	0,0888	0,3872	0,3164	0,0323	0,1034
	199	0,1384	0,0607	0,1156	0,0191	0,2683	0,3978
	200	0,0204	0,5060	0,0711	0,0104	0,0581	0,3340
	201	0,0189	0,1460	0,3733	0,0170	0,2384	0,2065
	202	0,0332	0,1532	0,0533	0,0090	0,1229	0,6284
	203	0,0257	0,1078	0,3985	0,0222	0,3432	0,1027
	204	0,0233	0,1776	0,0333	0,0355	0,4085	0,3219
	205	0,0080	0,1361	0,0122	0,0107	0,1811	0,6519
	206	0,0103	0,1200	0,1793	0,0070	0,2124	0,4709
	207	0,0079	0,1145	0,0154	0,0077	0,2288	0,6257
	208	0,0241	0,2655	0,0413	0,0110	0,1458	0,5123
	209	0,0133	0,1450	0,0173	0,0095	0,6115	0,2034
COA	210	0,0169	0,0060	0,9590	0,0041	0,0078	0,0062
	211	0,0151	0,0081	0,9556	0,0050	0,0082	0,0080
	212	0,2056	0,0545	0,5041	0,0151	0,1007	0,1199
	213	0,0288	0,0180	0,8944	0,0090	0,0176	0,0322
	214	0,0492	0,1502	0,6295	0,0050	0,0663	0,0998
	215	0,0517	0,2039	0,0973	0,0080	0,1720	0,4672
	216	0,6097	0,0222	0,2867	0,0318	0,0168	0,0328
	217	0,0938	0,0347	0,6936	0,0738	0,0422	0,0619
	218	0,6658	0,0382	0,0449	0,0070	0,1054	0,1387

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
COA	219	0,0980	0,0313	0,7774	0,0221	0,0416	0,0296
	220	0,0080	0,0138	0,9476	0,0040	0,0104	0,0162
	221	0,0171	0,0246	0,8916	0,0141	0,0316	0,0210
	222	0,1666	0,1668	0,1666	0,1668	0,1666	0,1667
	223	0,0421	0,0147	0,7826	0,1097	0,0132	0,0377
	224	0,7974	0,0122	0,1598	0,0065	0,0131	0,0110
	225	0,0119	0,0135	0,9079	0,0050	0,0326	0,0291
	226	0,2012	0,1902	0,2464	0,0758	0,1281	0,1582
	227	0,0427	0,0656	0,5365	0,1204	0,0492	0,1855
	228	0,0169	0,0156	0,9379	0,0100	0,0079	0,0117
	229	0,3384	0,0387	0,2892	0,2643	0,0367	0,0327
	230	0,0858	0,0449	0,7275	0,0138	0,0746	0,0535
	231	0,4178	0,0286	0,5075	0,0113	0,0120	0,0228
	232	0,0196	0,0354	0,8933	0,0218	0,0110	0,0189
	233	0,2939	0,0098	0,6660	0,0051	0,0110	0,0142
	234	0,8123	0,0349	0,0573	0,0149	0,0367	0,0438
	235	0,0636	0,0325	0,7409	0,0878	0,0287	0,0464
	236	0,0122	0,0260	0,8991	0,0373	0,0129	0,0125
	237	0,0757	0,0350	0,6807	0,0080	0,1377	0,0629
	238	0,0388	0,0710	0,6343	0,0258	0,1367	0,0935
	239	0,1302	0,0115	0,8350	0,0050	0,0099	0,0084
	240	0,0720	0,0089	0,8989	0,0060	0,0069	0,0073
	241	0,0975	0,0089	0,8690	0,0090	0,0073	0,0082
FAI	242	0,0320	0,1566	0,0181	0,1750	0,2895	0,3287
	243	0,0373	0,0501	0,0415	0,0090	0,6777	0,1844
	244	0,1359	0,1422	0,2422	0,0349	0,2490	0,1958
	245	0,0201	0,0165	0,0089	0,0538	0,6651	0,2357
	246	0,0428	0,4217	0,2041	0,0164	0,1883	0,1267
	247	0,0094	0,0512	0,0072	0,0139	0,5502	0,3682
	248	0,0346	0,0293	0,2313	0,0285	0,5172	0,1591
	249	0,0688	0,0302	0,0968	0,0822	0,4865	0,2354
	250	0,0113	0,7047	0,0123	0,0136	0,1120	0,1461
	251	0,0068	0,1123	0,0060	0,0100	0,2310	0,6339
	252	0,0817	0,0150	0,0477	0,0040	0,7410	0,1106
	253	0,0070	0,0118	0,0092	0,0050	0,7668	0,2001
	254	0,0313	0,0685	0,1858	0,6499	0,0276	0,0369
	255	0,0226	0,0218	0,0171	0,0070	0,6992	0,2323
	256	0,0371	0,1188	0,0134	0,1304	0,1244	0,5758
	257	0,0166	0,0945	0,0819	0,0307	0,5498	0,2265
	258	0,0103	0,0674	0,0516	0,0126	0,5883	0,2698
	259	0,0148	0,0267	0,0160	0,0060	0,6842	0,2523
	260	0,0954	0,3335	0,0680	0,0130	0,1572	0,3329
	261	0,0164	0,1111	0,0185	0,0094	0,3376	0,5070

<i>Continuação</i>							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
FAI	262	0,0182	0,5349	0,0225	0,0400	0,1014	0,2830
	263	0,0316	0,3694	0,0322	0,0201	0,2221	0,3245
	264	0,0117	0,0189	0,0280	0,2992	0,5665	0,0757
	265	0,5124	0,0463	0,0402	0,0120	0,2360	0,1530
	266	0,0060	0,0331	0,0100	0,0063	0,6430	0,3016
	267	0,0114	0,1380	0,0090	0,0260	0,4688	0,3467
	268	0,0300	0,2842	0,0192	0,0169	0,4673	0,1824
	269	0,0110	0,0553	0,0155	0,0080	0,6298	0,2804
	270	0,0137	0,1992	0,0346	0,0091	0,2591	0,4843
	271	0,0053	0,0156	0,0080	0,0052	0,7281	0,2377
	272	0,0070	0,3982	0,0115	0,0937	0,1397	0,3498
	273	0,0790	0,1006	0,0273	0,0173	0,5341	0,2417
SILC	274	0,0176	0,0416	0,0293	0,0073	0,6841	0,2200
	275	0,0585	0,3561	0,0483	0,0072	0,1893	0,3406
	276	0,0158	0,2492	0,0445	0,0103	0,1176	0,5626
	277	0,2991	0,3109	0,1257	0,0069	0,1497	0,1078
	278	0,0914	0,2541	0,0333	0,0111	0,3472	0,2629
	279	0,0404	0,0720	0,1516	0,0277	0,3029	0,4055
	280	0,1402	0,2181	0,0567	0,1499	0,2491	0,1861
	281	0,2792	0,2181	0,0140	0,0050	0,2856	0,1982
	282	0,0110	0,0698	0,0102	0,1360	0,5977	0,1753
	283	0,3217	0,1880	0,0409	0,1570	0,2164	0,0761
	284	0,0978	0,0795	0,1242	0,0150	0,5241	0,1595
	285	0,0274	0,1072	0,4021	0,0221	0,3682	0,0731
	286	0,0186	0,2782	0,1027	0,1225	0,2179	0,2601
	287	0,0558	0,2123	0,0915	0,0132	0,1313	0,4959
	288	0,0192	0,1704	0,0246	0,0378	0,4845	0,2635
	289	0,0330	0,2666	0,0119	0,0740	0,4476	0,1669
	290	0,0358	0,3268	0,0598	0,0226	0,1347	0,4203
	291	0,0173	0,0618	0,0344	0,0112	0,4625	0,4128
	292	0,0357	0,1016	0,4939	0,0167	0,1726	0,1796
	293	0,1450	0,3253	0,0423	0,0070	0,1228	0,3576
	294	0,2066	0,1812	0,0759	0,0130	0,3838	0,1395
	295	0,0417	0,4074	0,0159	0,1017	0,2799	0,1535
	296	0,1966	0,3342	0,0097	0,0223	0,3369	0,1003
	297	0,0482	0,4278	0,0060	0,0173	0,3226	0,1781
	298	0,0471	0,0835	0,0280	0,0120	0,4055	0,4239
	299	0,0539	0,0950	0,1676	0,0248	0,1254	0,5333
	300	0,0157	0,7576	0,0480	0,0255	0,0706	0,0826
	301	0,2646	0,0957	0,0286	0,0298	0,2935	0,2877
	302	0,2968	0,1784	0,1035	0,0150	0,1966	0,2096
	303	0,0227	0,0365	0,0207	0,0379	0,6396	0,2426
	304	0,0197	0,0815	0,0198	0,0138	0,3922	0,4731

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
SILC	305	0,7042	0,0317	0,1321	0,0130	0,0622	0,0568
SILP	306	0,1529	0,0709	0,0291	0,0144	0,5807	0,1519
	307	0,0146	0,1052	0,6414	0,0099	0,1327	0,0962
	308	0,1747	0,3571	0,1668	0,0261	0,1143	0,1611
	309	0,0255	0,4454	0,0428	0,0116	0,3194	0,1554
	310	0,0143	0,4833	0,1674	0,0221	0,1559	0,1570
	311	0,0118	0,1037	0,2382	0,0106	0,0874	0,5483
	312	0,2955	0,0630	0,2405	0,0151	0,2433	0,1427
	313	0,0376	0,2259	0,0646	0,0435	0,3261	0,3024
	314	0,4083	0,0723	0,0289	0,0140	0,2564	0,2201
	315	0,0307	0,1739	0,0347	0,0414	0,5954	0,1239
	316	0,0922	0,1305	0,0296	0,4988	0,1084	0,1405
	317	0,3053	0,1204	0,0579	0,0110	0,3640	0,1415
	318	0,6759	0,0383	0,1569	0,0110	0,0565	0,0614
	319	0,1917	0,1516	0,0173	0,0145	0,3323	0,2926
	320	0,0687	0,6183	0,0119	0,0100	0,1315	0,1596
	321	0,2453	0,6016	0,0370	0,0040	0,0485	0,0635
	322	0,0228	0,0553	0,0350	0,0098	0,4602	0,4170
	323	0,0403	0,1077	0,0151	0,0120	0,3078	0,5170
	324	0,0916	0,1973	0,0652	0,0111	0,1084	0,5264
	325	0,5820	0,1016	0,0286	0,0145	0,1661	0,1072
	326	0,2993	0,4115	0,1038	0,0090	0,0866	0,0898
	327	0,0087	0,3925	0,0365	0,0227	0,2553	0,2843
	328	0,0212	0,0714	0,0247	0,0080	0,5193	0,3554
	329	0,0456	0,1749	0,5588	0,0111	0,0627	0,1468
	330	0,2169	0,1359	0,0488	0,0080	0,3158	0,2746
	331	0,0362	0,4229	0,0264	0,0052	0,1452	0,3642
	332	0,7655	0,0816	0,0269	0,0212	0,0370	0,0678
	333	0,0231	0,3641	0,1206	0,3758	0,0483	0,0681
	334	0,0060	0,1238	0,0128	0,0060	0,6492	0,2021
	335	0,0230	0,6334	0,0140	0,0081	0,1777	0,1439
	336	0,2231	0,6322	0,0272	0,0086	0,0472	0,0617
	337	0,0153	0,7114	0,0760	0,0237	0,0527	0,1209
ITP	338	0,0109	0,6423	0,0232	0,0281	0,2046	0,0908
	339	0,0181	0,0847	0,0086	0,0109	0,6491	0,2286
	340	0,0197	0,0217	0,5431	0,0040	0,3023	0,1092
	341	0,0423	0,3544	0,0521	0,0088	0,3911	0,1513
	342	0,0097	0,3601	0,0090	0,0306	0,4450	0,1456
	343	0,0237	0,6558	0,0159	0,0072	0,1114	0,1860
	344	0,0105	0,7774	0,0140	0,0050	0,0719	0,1212
	345	0,0177	0,7507	0,0540	0,0108	0,0767	0,0902
	346	0,0557	0,7603	0,0629	0,0081	0,0483	0,0647
	347	0,0113	0,0883	0,0303	0,0063	0,6481	0,2157

Continuação							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
ITP	348	0,0083	0,7013	0,0113	0,1063	0,0751	0,0978
	349	0,0507	0,5842	0,0332	0,0081	0,2268	0,0970
	350	0,0134	0,4675	0,0990	0,0151	0,2157	0,1893
	351	0,1846	0,6269	0,0482	0,0070	0,0543	0,0790
	352	0,0055	0,4483	0,0115	0,0070	0,2962	0,2314
	353	0,0160	0,4839	0,1963	0,0156	0,1472	0,1411
	354	0,0080	0,0668	0,0625	0,0070	0,5284	0,3273
	355	0,0246	0,2572	0,0090	0,0080	0,1797	0,5215
	356	0,0395	0,7294	0,0132	0,0605	0,0608	0,0966
	357	0,0260	0,5978	0,1866	0,0192	0,1099	0,0605
	358	0,0079	0,4412	0,0191	0,0106	0,3557	0,1655
	359	0,0316	0,0874	0,0511	0,0214	0,5909	0,2176
	360	0,0156	0,6856	0,0121	0,0291	0,1694	0,0882
	361	0,0090	0,7872	0,0114	0,0272	0,0680	0,0971
	362	0,0353	0,1421	0,2202	0,0312	0,4362	0,1350
	363	0,0158	0,6422	0,0252	0,0040	0,1607	0,1521
	364	0,2783	0,3715	0,0271	0,0081	0,2043	0,1106
NIQ	365	0,0079	0,3079	0,0106	0,0070	0,0888	0,5779
	366	0,0083	0,6743	0,0141	0,0191	0,1581	0,1260
	367	0,1524	0,0792	0,0164	0,0642	0,4157	0,2720
	368	0,0050	0,5597	0,0147	0,0044	0,0598	0,3564
	369	0,0187	0,1459	0,0222	0,0107	0,0795	0,7231
	370	0,0050	0,3327	0,0213	0,0060	0,0805	0,5545
	371	0,1656	0,2347	0,0613	0,0080	0,1850	0,3454
	372	0,0199	0,0936	0,0393	0,0126	0,2997	0,5350
	373	0,0098	0,6608	0,0060	0,0282	0,0522	0,2430
	374	0,0177	0,0785	0,0384	0,0070	0,4621	0,3963
	375	0,1491	0,2691	0,1029	0,0138	0,1729	0,2922
	376	0,0083	0,1354	0,0623	0,0128	0,1291	0,6520
	377	0,2314	0,1348	0,2878	0,0485	0,1140	0,1834
	378	0,0400	0,1419	0,4036	0,0521	0,1757	0,1867
	379	0,0453	0,4581	0,0091	0,0431	0,1663	0,2782
	380	0,0090	0,2764	0,0097	0,0050	0,3558	0,3442
	381	0,0100	0,1648	0,0193	0,0094	0,1459	0,6506
	382	0,0070	0,7751	0,0082	0,0061	0,0689	0,1348
	383	0,0399	0,1415	0,4040	0,0519	0,1752	0,1875
	384	0,0050	0,6387	0,0207	0,0060	0,1947	0,1349
	385	0,0088	0,1743	0,0141	0,0070	0,2034	0,5924
	386	0,0080	0,6040	0,0177	0,0060	0,1090	0,2553
	387	0,0230	0,7885	0,0103	0,0070	0,0581	0,1131
	388	0,0059	0,0505	0,0070	0,0050	0,6676	0,2640
	389	0,0704	0,1920	0,0113	0,0090	0,1825	0,5348
	390	0,0442	0,1224	0,1109	0,0072	0,0898	0,6255

<i>Continuação</i>							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
NIQ	391	0,0717	0,2680	0,2975	0,0171	0,1474	0,1983
	392	0,0254	0,7127	0,0254	0,0060	0,0504	0,1800
	393	0,3458	0,1349	0,0139	0,0347	0,3336	0,1372
	394	0,0110	0,2088	0,0789	0,0433	0,3528	0,3052
	395	0,0823	0,5334	0,0204	0,0396	0,0628	0,2615
	396	0,0063	0,1635	0,0112	0,0070	0,1223	0,6897
GOI	397	0,0304	0,1408	0,0163	0,1270	0,5135	0,1721
	398	0,0120	0,0420	0,0080	0,1005	0,6057	0,2319
	399	0,0070	0,2452	0,0066	0,0086	0,5471	0,1855
	400	0,0089	0,0643	0,0098	0,0347	0,7329	0,1495
	401	0,0099	0,4842	0,0581	0,0272	0,0596	0,3610
	402	0,0096	0,5283	0,0298	0,0090	0,2732	0,1501
	403	0,0808	0,1804	0,3175	0,0617	0,1080	0,2517
	404	0,0122	0,7229	0,0543	0,0116	0,1208	0,0782
	405	0,0331	0,0506	0,0336	0,0065	0,7128	0,1634
	406	0,0545	0,5951	0,0101	0,0139	0,0671	0,2593
	407	0,0382	0,3539	0,0822	0,0140	0,1887	0,3229
	408	0,0182	0,4317	0,0160	0,0060	0,3881	0,1400
	409	0,8292	0,0279	0,0342	0,0167	0,0543	0,0377
	410	0,0753	0,5381	0,1075	0,1515	0,0552	0,0723
	411	0,0148	0,4684	0,0080	0,0050	0,0720	0,4318
	412	0,0189	0,6346	0,0325	0,0344	0,1380	0,1416
	413	0,4154	0,1326	0,0792	0,1583	0,0450	0,1694
	414	0,0442	0,2228	0,0139	0,0075	0,5894	0,1222
	415	0,0246	0,6153	0,1493	0,0060	0,1435	0,0613
	416	0,0174	0,3126	0,0885	0,0104	0,3428	0,2283
	417	0,0201	0,8169	0,0110	0,0060	0,0566	0,0894
	418	0,0220	0,3731	0,0835	0,2513	0,2001	0,0700
	419	0,0179	0,1275	0,1588	0,0152	0,1030	0,5776
	420	0,0540	0,2658	0,0491	0,3679	0,0934	0,1697
	421	0,7999	0,0787	0,0249	0,0458	0,0192	0,0315
	422	0,8680	0,0365	0,0345	0,0110	0,0143	0,0357
	423	0,7948	0,0135	0,1440	0,0090	0,0193	0,0194
	424	0,0633	0,0175	0,8945	0,0050	0,0106	0,0092
	425	0,8941	0,0152	0,0528	0,0150	0,0096	0,0134
	426	0,7106	0,0214	0,2300	0,0144	0,0091	0,0145
	427	0,8547	0,0121	0,0967	0,0110	0,0140	0,0114
	428	0,3036	0,0645	0,3779	0,0132	0,0664	0,1744
MUT	429	0,9073	0,0181	0,0189	0,0205	0,0199	0,0153
	430	0,6457	0,0206	0,1540	0,0321	0,0693	0,0783
	431	0,0241	0,0142	0,6704	0,2458	0,0170	0,0285
	432	0,8293	0,0262	0,0209	0,0297	0,0399	0,0540
	433	0,8676	0,0262	0,0375	0,0208	0,0256	0,0222

<i>Continuação</i>							
População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
MUT	434	0,9354	0,0137	0,0267	0,0065	0,0088	0,0089
	435	0,9624	0,0069	0,0151	0,0040	0,0060	0,0056
	436	0,9542	0,0080	0,0175	0,0060	0,0069	0,0074
	437	0,6857	0,0279	0,0705	0,0311	0,0799	0,1049
	438	0,7989	0,0687	0,0466	0,0070	0,0422	0,0365
	439	0,5752	0,0193	0,1733	0,0162	0,1409	0,0751
	440	0,1817	0,0185	0,7687	0,0069	0,0133	0,0109
	441	0,5645	0,1659	0,0215	0,0050	0,1129	0,1303
	442	0,9423	0,0134	0,0170	0,0060	0,0102	0,0111
	443	0,9663	0,0060	0,0092	0,0069	0,0056	0,0060
	444	0,8876	0,0163	0,0711	0,0049	0,0109	0,0092
	445	0,9497	0,0106	0,0120	0,0044	0,0145	0,0088
	446	0,9455	0,0111	0,0172	0,0060	0,0111	0,0091
	447	0,6631	0,0307	0,2161	0,0070	0,0323	0,0508
	448	0,9675	0,0060	0,0110	0,0040	0,0052	0,0063
	449	0,4445	0,0637	0,0745	0,0276	0,2185	0,1712
	450	0,8331	0,0270	0,0192	0,0749	0,0196	0,0262
	451	0,9105	0,0296	0,0100	0,0060	0,0231	0,0208
	452	0,8450	0,0191	0,0093	0,0159	0,0797	0,0310
BSA	453	0,9238	0,0154	0,0070	0,0263	0,0151	0,0124
	454	0,8925	0,0294	0,0207	0,0171	0,0107	0,0296
	455	0,9295	0,0096	0,0197	0,0171	0,0110	0,0131
	456	0,9157	0,0115	0,0173	0,0060	0,0267	0,0227
	457	0,6944	0,0373	0,2057	0,0125	0,0252	0,0249
	458	0,2195	0,3740	0,2056	0,0092	0,1045	0,0872
	459	0,7180	0,0171	0,0249	0,1649	0,0369	0,0382
	460	0,9592	0,0070	0,0061	0,0155	0,0065	0,0057
	461	0,5972	0,0156	0,0080	0,3593	0,0111	0,0088
	462	0,9457	0,0120	0,0140	0,0077	0,0099	0,0107
	463	0,3191	0,1069	0,0481	0,0467	0,2652	0,2140
	464	0,9637	0,0080	0,0063	0,0040	0,0098	0,0082
	465	0,5325	0,0663	0,0539	0,0869	0,1317	0,1287
	466	0,9176	0,0124	0,0204	0,0276	0,0098	0,0122
	467	0,9456	0,0080	0,0253	0,0070	0,0063	0,0078
	468	0,7936	0,0173	0,0869	0,0337	0,0413	0,0273
	469	0,9544	0,0080	0,0154	0,0070	0,0072	0,0080
	470	0,8460	0,0099	0,0141	0,1135	0,0077	0,0088
	471	0,9357	0,0147	0,0141	0,0110	0,0120	0,0125
	472	0,9691	0,0050	0,0100	0,0040	0,0066	0,0053
	473	0,9061	0,0189	0,0359	0,0068	0,0143	0,0180
	474	0,1183	0,0238	0,7932	0,0227	0,0242	0,0178
	475	0,9204	0,0121	0,0402	0,0089	0,0101	0,0083
	476	0,9314	0,0097	0,0325	0,0129	0,0062	0,0073

Continuação

População	Indivíduo	Grupo1	Grupo2	Grupo3	Grupo4	Grupo5	Grupo6
BSA	477	0,4549	0,0557	0,1446	0,0100	0,2281	0,1068
	478	0,9266	0,0194	0,0220	0,0060	0,0123	0,0137
	479	0,7236	0,1510	0,0262	0,0082	0,0396	0,0514
	480	0,9509	0,0135	0,0117	0,0058	0,0083	0,0098
	481	0,9439	0,0118	0,0125	0,0060	0,0137	0,0121
	482	0,9147	0,0227	0,0091	0,0141	0,0216	0,0178
	483	0,9657	0,0076	0,0083	0,0060	0,0063	0,0061
	484	0,9622	0,0068	0,0105	0,0070	0,0071	0,0064
MAT	485	0,3012	0,3178	0,0115	0,0914	0,1904	0,0877
	486	0,1014	0,4116	0,0393	0,0220	0,2565	0,1691
	487	0,0090	0,3653	0,1844	0,0060	0,1291	0,3062
	488	0,0258	0,0357	0,0090	0,0050	0,6672	0,2573
	489	0,0188	0,0306	0,0241	0,0060	0,7777	0,1429
	490	0,0983	0,0194	0,0109	0,0106	0,7030	0,1579
	491	0,7688	0,0437	0,0206	0,1106	0,0268	0,0295
	492	0,0919	0,0863	0,2432	0,0330	0,3209	0,2247
	493	0,2892	0,0224	0,0150	0,1082	0,4571	0,1080
	494	0,1627	0,0363	0,0112	0,0060	0,6331	0,1507
	495	0,0385	0,0129	0,0110	0,0047	0,7148	0,2181
	496	0,0165	0,3366	0,0175	0,0040	0,3864	0,2390
	497	0,4049	0,1916	0,2691	0,0112	0,0329	0,0902
	498	0,0065	0,0330	0,0075	0,0180	0,6327	0,3024
	499	0,0077	0,1012	0,0124	0,0059	0,2039	0,6689
	500	0,0107	0,0585	0,0075	0,0242	0,5386	0,3605
	501	0,0527	0,4860	0,0125	0,0507	0,2320	0,1661
	502	0,0101	0,0144	0,0070	0,0050	0,7373	0,2262
	503	0,3387	0,0272	0,0148	0,0445	0,4721	0,1027
	504	0,0282	0,1681	0,0184	0,0102	0,3190	0,4562
	505	0,0941	0,0418	0,0122	0,0172	0,6897	0,1450
	506	0,0187	0,2395	0,0257	0,0154	0,0771	0,6236
	507	0,0845	0,0338	0,0100	0,0321	0,6173	0,2223
	508	0,0312	0,0121	0,0142	0,0069	0,7001	0,2356
	509	0,4218	0,0506	0,3160	0,0703	0,0560	0,0854
	510	0,0137	0,0272	0,0090	0,0060	0,7285	0,2157
	511	0,0156	0,7640	0,0290	0,0179	0,0574	0,1161
	512	0,0724	0,2968	0,0297	0,0263	0,1120	0,4628
	513	0,0422	0,0493	0,0114	0,0090	0,6740	0,2141
	514	0,0741	0,0706	0,0134	0,0070	0,4702	0,3647
	515	0,1665	0,1664	0,1668	0,1667	0,1668	0,1666
	516	0,2352	0,1829	0,2604	0,0430	0,1110	0,1676

Apêndice O. Atribuição de pais para 176 sementes de uma população de *A.occidentale* ecótipo do Cerrado e a distância de dispersão de pólen

Sementes	Matriz	Pais candidatos	Trio Δ	Nível de confiança	Distância de dispersão
matriz1_1	Matriz1	Matriz1	$8,05 \times 10^{14}$	85%	0
matriz1_3	Matriz1	A60	$1,18 \times 10^{14}$	80%	24,86
matriz1_4	Matriz1	Matriz3	$3,39 \times 10^{14}$	85%	37,88
matriz1_10	Matriz1	A56	$1,37 \times 10^{14}$	85%	25,86
matriz1_11	Matriz1	Matriz3	$1,74 \times 10^{14}$	85%	37,88
matriz1_12	Matriz1	Matriz1	$4,40 \times 10^{14}$	85%	0
matriz1_15	Matriz1	A44	$7,63 \times 10^{13}$	80%	69,64
matriz2_1	Matriz2	Matriz5	$9,31 \times 10^{13}$	80%	49,92
matriz2_6	Matriz2	Matriz1	$3,85 \times 10^{14}$	85%	14,06
matriz2_7	Matriz2	A1	$8,48 \times 10^{13}$	80%	12,43
matriz2_8	Matriz2	Matriz12	$1,42 \times 10^{14}$	85%	113,87
matriz2_9	Matriz2	Matriz3	$8,11 \times 10^{13}$	80%	24,86
matriz2_11	Matriz2	Matriz1	$1,37 \times 10^{14}$	85%	14,06
matriz2_12	Matriz2	A60	$3,55 \times 10^{14}$	85%	37,88
matriz2_13	Matriz2	A48	$1,58 \times 10^{14}$	85%	68,85
matriz2_15	Matriz2	A60	$7,97 \times 10^{13}$	80%	37,88
matriz2_17	Matriz2	A13	$7,61 \times 10^{14}$	85%	24,72
matriz3_3	Matriz3	Matriz3	$2,27 \times 10^{14}$	85%	0
matriz3_4	Matriz3	A14	$2,31 \times 10^{14}$	85%	27,94
matriz3_9	Matriz3	A36	$4,33 \times 10^{14}$	85%	95,71
matriz3_10	Matriz3	Matriz3	$1,13 \times 10^{14}$	80%	0
matriz3_11	Matriz3	A60	$8,01 \times 10^{13}$	80%	62,52
matriz3_12	Matriz3	A21	$1,12 \times 10^{14}$	80%	9,21
matriz3_14	Matriz3	A1	$3,58 \times 10^{14}$	85%	37,3
matriz3_17	Matriz3	A49	$3,64 \times 10^{14}$	85%	62,46
matriz3_18	Matriz3	Matriz3	$7,10 \times 10^{13}$	80%	0
matriz3_19	Matriz3	A54	$1,33 \times 10^{14}$	85%	44,89
matriz4_2	Matriz4	A34	$1,18 \times 10^{14}$	80%	72,05
matriz4_4	Matriz4	A47	$2,79 \times 10^{14}$	85%	92,15
matriz4_5	Matriz4	A31	$3,04 \times 10^{14}$	85%	30,14
matriz4_7	Matriz4	A19	$1,29 \times 10^{14}$	85%	23,2
matriz4_8	Matriz4	Matriz5	$3,36 \times 10^{14}$	85%	20,23
matriz4_11	Matriz4	A58	$5,06 \times 10^{14}$	85%	62,95
matriz4_16	Matriz4	Matriz2	$2,77 \times 10^{14}$	85%	37,3
matriz4_17	Matriz4	A10	$3,98 \times 10^{14}$	85%	45,19
matriz4_18	Matriz4	A42	$3,85 \times 10^{14}$	85%	83,03
matriz4_19	Matriz4	A28	$7,38 \times 10^{13}$	80%	3,92
matriz5_3	Matriz5	Matriz8	$4,00 \times 10^{14}$	85%	35,59
matriz5_6	Matriz5	Matriz5	$1,34 \times 10^{14}$	85%	0
matriz5_15	Matriz5	A56	$3,46 \times 10^{14}$	85%	58,37
matriz6_2	Matriz6	A60	$7,97 \times 10^{13}$	80%	79,64
matriz6_4	Matriz6	A58	$1,25 \times 10^{14}$	85%	53,82
matriz6_6	Matriz6	Matriz7	$6,91 \times 10^{13}$	80%	17,01
matriz6_9	Matriz6	A21	$7,76 \times 10^{13}$	80%	11,65
matriz6_10	Matriz6	A4	$3,16 \times 10^{14}$	85%	44,03

Continuação					
Sementes	Matriz	Pais candidatos	Trio Δ	Nível de confiança	Distância de dispersão
matriz6_13	Matriz6	A12	$4,37 \times 10^{14}$	85%	44,64
matriz6_14	Matriz6	Matriz9	$1,69 \times 10^{14}$	85%	53,06
matriz6_16	Matriz6	A18	$4,96 \times 10^{14}$	85%	19,41
matriz6_17	Matriz6	A32	$6,56 \times 10^{14}$	85%	18,56
matriz6_18	Matriz6	Matriz8	$1,50 \times 10^{14}$	85%	39,09
matriz6_19	Matriz6	A12	$1,76 \times 10^{14}$	85%	44,64
matriz6_20	Matriz6	Matriz4	$1,25 \times 10^{14}$	85%	26,84
matriz7_6	Matriz7	A19	$1,37 \times 10^{14}$	85%	36,69
matriz7_7	Matriz7	A60	$8,03 \times 10^{13}$	80%	95,87
matriz7_8	Matriz7	A56	$3,91 \times 10^{14}$	85%	59,81
matriz7_9	Matriz7	A1	$1,64 \times 10^{14}$	85%	70,2
matriz7_10	Matriz7	A11	$5,36 \times 10^{14}$	85%	54,74
matriz7_11	Matriz7	A60	$8,03 \times 10^{13}$	80%	95,87
matriz7_12	Matriz7	A42	$1,12 \times 10^{14}$	80%	44,24
matriz7_15	Matriz7	Matriz10	$3,27 \times 10^{14}$	85%	38,47
matriz7_17	Matriz7	A60	$9,46 \times 10^{13}$	80%	95,87
matriz8_5	Matriz8	Matriz13	$4,51 \times 10^{14}$	85%	44,03
matriz8_7	Matriz8	A1	$1,15 \times 10^{14}$	80%	93,01
matriz8_8	Matriz8	A36	$1,35 \times 10^{14}$	85%	45,14
matriz8_10	Matriz8	A4	$8,23 \times 10^{13}$	80%	83,13
matriz8_12	Matriz8	A17	$4,31 \times 10^{14}$	85%	56,3
matriz8_15	Matriz8	A48	$2,50 \times 10^{14}$	85%	83,29
matriz8_16	Matriz8	A48	$2,14 \times 10^{14}$	85%	83,29
matriz8_18	Matriz8	A52	$1,10 \times 10^{14}$	80%	110,12
matriz8_20	Matriz8	A23	$8,75 \times 10^{13}$	80%	56,77
matriz9_2	Matriz9	A8	$5,22 \times 10^{14}$	85%	88,13
matriz9_4	Matriz9	A49	$8,08 \times 10^{13}$	80%	93,09
matriz9_5	Matriz9	A1	$1,68 \times 10^{14}$	85%	106,96
matriz9_6	Matriz9	Matriz17	$7,04 \times 10^{13}$	80%	106,04
matriz9_8	Matriz9	Matriz8	$3,22 \times 10^{14}$	85%	14,03
matriz9_9	Matriz9	A19	$7,78 \times 10^{13}$	80%	72,68
matriz9_10	Matriz9	A52	$2,40 \times 10^{14}$	85%	123,97
matriz9_11	Matriz9	A60	$7,89 \times 10^{13}$	80%	132,68
matriz9_14	Matriz9	Matriz11	$3,46 \times 10^{14}$	85%	33,88
matriz9_15	Matriz9	Matriz15	$2,87 \times 10^{14}$	85%	85,58
matriz9_16	Matriz9	A9	$2,06 \times 10^{14}$	85%	91,21
matriz9_17	Matriz9	A23	$8,21 \times 10^{13}$	80%	70,33
matriz9_20	Matriz9	Matriz5	$2,21 \times 10^{14}$	85%	48,15
matriz10_1	Matriz10	Matriz10	$7,50 \times 10^{14}$	85%	0
matriz10_4	Matriz10	Matriz10	$4,80 \times 10^{14}$	85%	0
matriz10_6	Matriz10	Matriz5	$2,28 \times 10^{14}$	85%	54,81
matriz10_8	Matriz10	Matriz10	$5,20 \times 10^{14}$	85%	0
matriz10_10	Matriz10	A1	$3,62 \times 10^{14}$	85%	108,51
matriz10_13	Matriz10	Matriz4	$6,91 \times 10^{13}$	80%	75,03
matriz10_14	Matriz10	A1	$9,91 \times 10^{13}$	80%	108,51

					<i>Continuação</i>
Sementes	Matriz	Pais candidatos	Trio Δ	Nível de confiança	Distância de dispersão
matriz10_17	Matriz10	Matriz5	$3,83 \times 10^{14}$	85%	54,81
matriz11_1	Matriz11	Matriz11	$7,89 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_2	Matriz11	Matriz11	$5,89 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_4	Matriz11	Matriz11	$5,38 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_5	Matriz11	Matriz11	$5,50 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_6	Matriz11	A30	$8,19 \times 10^{13}$	80%	91,89
matriz11_8	Matriz11	A9	$1,26 \times 10^{14}$	85%	94,26
matriz11_10	Matriz11	Matriz11	$2,66 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_11	Matriz11	Matriz11	$7,21 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_12	Matriz11	Matriz11	$7,81 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_15	Matriz11	Matriz11	$7,48 \times 10^{14}$	85%	0
matriz11_16	Matriz11	Matriz17	$1,51 \times 10^{14}$	85%	92,34
matriz11_17	Matriz11	Matriz11	$1,01 \times 10^{15}$	85%	0
matriz11_18	Matriz11	A48	$1,12 \times 10^{14}$	80%	76,88
matriz11_19	Matriz11	Matriz17	$1,86 \times 10^{14}$	85%	92,34
matriz12_1	Matriz12	Matriz17	$2,07 \times 10^{14}$	85%	105,12
matriz12_2	Matriz12	Matriz17	$2,07 \times 10^{14}$	85%	105,12
matriz12_3	Matriz12	Matriz12	$6,26 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_4	Matriz12	Matriz17	$2,18 \times 10^{14}$	85%	105,12
matriz12_6	Matriz12	Matriz8	$3,13 \times 10^{14}$	85%	41,57
matriz12_7	Matriz12	Matriz12	$2,76 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_10	Matriz12	A52	$1,04 \times 10^{14}$	80%	133,12
matriz12_12	Matriz12	Matriz12	$2,06 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_13	Matriz12	Matriz12	$2,18 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_15	Matriz12	Matriz12	$2,06 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_16	Matriz12	Matriz12	$4,77 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_17	Matriz12	Matriz12	$5,67 \times 10^{14}$	85%	0
matriz12_20	Matriz12	A21	$2,87 \times 10^{14}$	85%	85,06
matriz13_2	Matriz13	Matriz13	$1,21 \times 10^{14}$	80%	0
matriz13_3	Matriz13	A60	$6,99 \times 10^{13}$	80%	95,84
matriz13_5	Matriz13	A17	$1,19 \times 10^{14}$	80%	35,31
matriz13_7	Matriz13	Matriz11	$4,01 \times 10^{14}$	85%	43,6
matriz13_17	Matriz13	A60	$6,99 \times 10^{13}$	80%	95,84
matriz13_20	Matriz13	A60	$7,97 \times 10^{13}$	80%	95,84
matriz14_3	Matriz14	A23	$2,38 \times 10^{14}$	85%	52,99
matriz14_4	Matriz14	Matriz15	$1,72 \times 10^{14}$	85%	5,44
matriz14_11	Matriz14	A60	$1,97 \times 10^{14}$	85%	70,66
matriz14_14	Matriz14	A40	$7,57 \times 10^{13}$	80%	79,4
matriz14_16	Matriz14	A1	$1,36 \times 10^{14}$	85%	52,49
matriz14_17	Matriz14	Matriz14	$7,88 \times 10^{14}$	85%	0
matriz14_18	Matriz14	A49	$1,32 \times 10^{14}$	85%	10,22
matriz14_20	Matriz14	A4	$8,08 \times 10^{13}$	80%	47,25
matriz15_1	Matriz15	Matriz17	$3,43 \times 10^{14}$	85%	20,49
matriz15_2	Matriz15	A60	$3,14 \times 10^{14}$	85%	76,02
matriz15_3	Matriz15	Matriz18	$2,79 \times 10^{14}$	85%	41,78

					<i>Continuação</i>
Sementes	Matriz	Pais candidatos	Trio Δ	Nível de confiança	Distância de dispersão
matriz15_9	Matriz15	Matriz3	$1,53 \times 10^{14}$	85%	54,64
matriz15_11	Matriz15	Matriz14	$1,86 \times 10^{14}$	85%	5,44
matriz15_14	Matriz15	Matriz19	$4,62 \times 10^{14}$	85%	48,76
matriz15_15	Matriz15	A57	$4,30 \times 10^{14}$	85%	37,57
matriz15_17	Matriz15	A52	$1,18 \times 10^{14}$	80%	49,7
matriz15_18	Matriz15	A17	$3,91 \times 10^{14}$	85%	35,33
matriz15_20	Matriz15	A60	$3,14 \times 10^{14}$	85%	76,02
matriz16_4	Matriz16	A4	$1,18 \times 10^{14}$	80%	58,49
matriz16_15	Matriz16	Matriz10	$1,26 \times 10^{14}$	85%	91,44
matriz16_17	Matriz16	A4	$1,11 \times 10^{14}$	80%	58,49
matriz16_18	Matriz16	A4	$1,18 \times 10^{14}$	80%	58,49
matriz17_1	Matriz17	A60	$1,42 \times 10^{14}$	85%	72,79
matriz17_2	Matriz17	A16	$6,07 \times 10^{14}$	85%	40,96
matriz17_4	Matriz17	A56	$6,95 \times 10^{14}$	85%	42,01
matriz17_6	Matriz17	A54	$3,14 \times 10^{14}$	85%	38,66
matriz17_8	Matriz17	A60	$7,97 \times 10^{13}$	80%	72,79
matriz17_11	Matriz17	A56	$6,72 \times 10^{14}$	85%	42,01
matriz17_14	Matriz17	A56	$6,94 \times 10^{14}$	85%	42,01
matriz17_19	Matriz17	A60	$3,55 \times 10^{14}$	85%	72,79
matriz18_1	Matriz18	A60	$7,95 \times 10^{13}$	80%	54,85
matriz18_2	Matriz18	A43	$1,71 \times 10^{14}$	85%	61,03
matriz18_4	Matriz18	Matriz6	$1,36 \times 10^{14}$	85%	78,68
matriz18_5	Matriz18	A44	$1,37 \times 10^{14}$	85%	58,22
matriz18_7	Matriz18	Matriz1	$2,04 \times 10^{14}$	85%	51,49
matriz18_13	Matriz18	A10	$1,64 \times 10^{14}$	85%	44,61
matriz18_14	Matriz18	A11	$2,54 \times 10^{14}$	85%	43,96
matriz18_15	Matriz18	Matriz4	$2,26 \times 10^{14}$	85%	89,8
matriz18_17	Matriz18	A10	$7,43 \times 10^{13}$	80%	44,61
matriz18_18	Matriz18	A30	$7,67 \times 10^{13}$	80%	90,99
matriz19_8	Matriz19	Matriz20	$7,89 \times 10^{14}$	85%	51,01
matriz19_9	Matriz19	A45	$2,15 \times 10^{14}$	85%	63,07
matriz19_12	Matriz19	A4	$1,99 \times 10^{14}$	85%	24,72
matriz19_15	Matriz19	A1	$8,45 \times 10^{13}$	80%	20,11
matriz19_16	Matriz19	A63	$8,30 \times 10^{13}$	80%	44,01
matriz19_17	Matriz19	A18	$2,17 \times 10^{14}$	85%	43,53
matriz20_2	Matriz20	A17	$1,57 \times 10^{14}$	85%	11,24
matriz20_5	Matriz20	Matriz20	$5,04 \times 10^{14}$	85%	0
matriz20_8	Matriz20	Matriz20	$3,24 \times 10^{14}$	85%	0
matriz20_18	Matriz20	A3	$1,52 \times 10^{14}$	85%	42,51
matriz20_19	Matriz20	A36	$1,43 \times 10^{14}$	85%	77,33
matriz20_20	Matriz20	A18	$8,13 \times 10^{13}$	80%	17,50

Apêndice P. Coordenadas geográficas de indivíduos de uma população de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, no município de Cocalzinho – Goiás

Indivíduos	Latitude	Longitude	Altitude
Adulto 01	-15,341	-48,36669	643 m
Adulto 02	-15,34103	-48,36664	641 m
Adulto 03	-15,34104	-48,36665	642 m
Adulto 04	-15,34108	-48,36665	641 m
Adulto 05	-15,3411	-48,36674	644 m
Adulto 06	-15,3412	-48,36657	649 m
Adulto 07	-15,34117	-48,36664	653 m
Adulto 08	-15,34112	-48,36652	650 m
Adulto 09	-15,3411	-48,36655	655 m
Adulto 10	-15,3411	-48,3665	657 m
Adulto 11	-15,34108	-48,36652	658 m
Adulto 12	-15,34104	-48,36645	665 m
Adulto 13	-15,34112	-48,36644	665 m
Adulto 14	-15,34114	-48,36646	665 m
Adulto 15	-15,34116	-48,36648	663 m
Adulto 16	-15,34119	-48,36641	672 m
Adulto 17	-15,34127	-48,36646	672 m
Adulto 18	-15,34127	-48,36652	672 m
Adulto 19	-15,34129	-48,36658	676 m
Adulto 20	-15,34132	-48,36663	674 m
Adulto 21	-15,34136	-48,36655	677 m
Adulto 22	-15,34129	-48,36665	673 m
Adulto 23	-15,34134	-48,36663	676 m
Adulto 24	-15,34134	-48,36645	676 m
Adulto 25	-15,3414	-48,36633	678 m
Adulto 26	-15,34135	-48,36642	680 m
Adulto 27	-15,34155	-48,36654	689 m
Adulto 28	-15,34142	-48,36676	686 m
Adulto 29	-15,34145	-48,36686	679 m
Adulto 30	-15,34142	-48,36678	683 m
Adulto 31	-15,34168	-48,3666	689 m
Adulto 32	-15,34156	-48,36636	694 m
Adulto 33	-15,3415	-48,36629	691 m
Adulto 34	-15,34171	-48,36612	691 m
Adulto 35	-15,34156	-48,3661	693 m
Adulto 36	-15,34185	-48,36592	697 m
Adulto 37	-15,34189	-48,36577	697 m
Adulto 38	-15,34186	-48,36576	698 m
Adulto 39	-15,34177	-48,36576	696 m
Adulto 40	-15,34169	-48,36581	695 m
Adulto 41	-15,34146	-48,36576	691 m
Adulto 42	-15,34151	-48,36596	693 m

Indivíduos	Latitude	Longitude	<i>Continuação</i>
			Altitude
Adulto 43	-15,34128	-48,3661	696 m
Adulto 44	-15,34127	-48,36616	692 m
Adulto 45	-15,34122	-48,36608	692 m
Adulto 46	-15,34118	-48,36614	694 m
Adulto 47	-15,34114	-48,36593	692 m
Adulto 48	-15,34107	-48,36603	692 m
Adulto 49	-15,34106	-48,36612	693 m
Adulto 50	-15,34091	-48,36639	689 m
Adulto 51	-15,34087	-48,36636	688 m
Adulto 52	-15,34078	-48,36647	679 m
Adulto 53	-15,34088	-48,3665	679 m
Adulto 54	-15,34095	-48,36649	687 m
Adulto 55	-15,34096	-48,36653	689 m
Adulto 56	-15,34103	-48,36651	688 m
Adulto 57	-15,34104	-48,36651	687 m
Adulto 58	-15,34096	-48,36642	688 m
Adulto 59	-15,34092	-48,36665	686 m
Adulto 60	-15,34079	-48,36679	684 m
Adulto 61	-15,34079	-48,36693	687 m
Adulto 62	-15,34088	-48,36692	685 m
Adulto 63	-15,34088	-48,36696	686 m
Juvenil 01	-15,341	-48,36666	689 m
Juvenil 02	-15,34107	-48,36671	687 m
Juvenil 03	-15,34114	-48,36673	687 m
Juvenil 04	-15,34109	-48,36672	685 m
Juvenil 05	-15,34111	-48,36665	682 m
Juvenil 06	-15,34111	-48,36666	689 m
Juvenil 07	-15,34119	-48,3667	689 m
Juvenil 08	-15,3412	-48,36672	690 m
Juvenil 09	-15,34111	-48,36674	686 m
Juvenil 10	-15,34111	-48,36666	688 m
Juvenil 11	-15,34117	-48,36666	690 m
Juvenil 12	-15,34118	-48,36663	691 m
Juvenil 13	-15,3412	-48,36662	685 m
Juvenil 14	-15,34119	-48,36663	690 m
Juvenil 15	-15,34112	-48,36653	688 m
Juvenil 16	-15,34122	-48,36654	691 m
Juvenil 17	-15,34126	-48,36644	692 m
Juvenil 18	-15,34127	-48,36641	692 m
Juvenil 19	-15,34129	-48,36646	693 m
Juvenil 20	-15,34128	-48,36647	693 m
Juvenil 21	-15,34129	-48,36658	694 m
Juvenil 22	-15,3413	-48,3666	696 m

Indivíduos	Latitude	Longitude	<i>Continuação</i>
			Altitude
Juvenil 23	-15,34134	-48,3666	695 m
Juvenil 24	-15,34137	-48,36663	695 m
Juvenil 25	-15,34132	-48,36665	696 m
Juvenil 26	-15,34137	-48,36651	690 m
Juvenil 27	-15,34134	-48,36638	696 m
Juvenil 28	-15,3414	-48,36638	696 m
Juvenil 29	-15,34135	-48,36649	696 m
Juvenil 30	-15,34139	-48,36661	693 m
Juvenil 31	-15,34143	-48,36661	693 m
Juvenil 32	-15,34135	-48,36686	692 m
Juvenil 33	-15,34162	-48,36658	695 m
Juvenil 34	-15,34166	-48,3664	698 m
Juvenil 35	-15,34152	-48,36633	697 m
Juvenil 36	-15,34167	-48,36628	698 m
Juvenil 37	-15,34156	-48,36629	697 m
Juvenil 38	-15,34163	-48,36631	697 m
Juvenil 39	-15,34172	-48,36627	699 m
Juvenil 40	-15,34156	-48,36623	694 m
Juvenil 41	-15,34152	-48,36576	694 m
Juvenil 42	-15,34152	-48,36583	696 m
Juvenil 43	-15,34156	-48,36597	699 m
Juvenil 44	-15,34137	-48,36606	699 m
Juvenil 45	-15,34126	-48,36611	697 m
Juvenil 46	-15,34122	-48,36611	696 m
Juvenil 47	-15,34117	-48,36608	694 m
Juvenil 48	-15,34109	-48,3661	697 m
Juvenil 49	-15,34108	-48,36611	694 m
Juvenil 50	-15,341	-48,36627	688 m
Juvenil 51	-15,34101	-48,36634	689 m
Juvenil 52	-15,34095	-48,36633	694 m
Juvenil 53	-15,34095	-48,36632	691 m
Juvenil 54	-15,3409	-48,36644	687 m
Juvenil 55	-15,34091	-48,36645	686 m
Juvenil 56	-15,34097	-48,36648	688 m
Juvenil 57	-15,34101	-48,36642	690 m
Juvenil 58	-15,34113	-48,36648	683 m
Juvenil 59	-15,34111	-48,36647	684 m
Matriz01	-15,34101	-48,36675	731 m
Matriz02	-15,34111	-48,36667	715 m
Matriz03	-15,34133	-48,36663	684 m
Matriz04	-15,34144	-48,36673	692 m
Matriz05	-15,34155	-48,36658	684 m
Matriz06	-15,34144	-48,36648	694 m

Indivíduos	Latitude	Longitude	<i>Continuação</i>
			Altitude
Matriz07	-15,34155	-48,36637	702 m
Matriz08	-15,34176	-48,36633	698 m
Matriz09	-15,34188	-48,36629	693 m
Matriz10	-15,34183	-48,36616	692 m
Matriz11	-15,34176	-48,36600	685 m
Matriz12	-15,34187	-48,36596	696 m
Matriz13	-15,34140	-48,36616	693 m
Matriz14	-15,34109	-48,36621	689 m
Matriz15	-15,34112	-48,36617	690 m
Matriz16	-15,34101	-48,36611	694 m
Matriz17	-15,34094	-48,36613	687 m
Matriz18	-15,34076	-48,36628	684 m
Matriz19	-15,34088	-48,36655	686 m
Matriz20	-15,34130	-48,36636	718 m

Apêndice Q. Variabilidade genética de 182 progênie da Coleção de Germoplasma de *Anacardium occidentale* na Universidade Federal de Goiás. Sendo, *N*- número de indivíduos; *Ap*- número médio de alelos; *He*- diversidade genética de Nei (1978); *Ho*- heterozigosidade observada e *f*- coeficiente de endogamia

Progênie	<i>N</i>	<i>Ap</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>f</i>
1	3	3	0,700	0,611	0,153
2	3	3	0,622	0,611	0,022
3	3	3	0,688	0,527	0,276
4	3	3,33	0,766	0,888	-0,207
5	3	2,83	0,566	0,583	-0,037
6	3	3,09	0,616	0,555	0,120
7	3	2,75	0,633	0,666	-0,066
8	3	3	0,638	0,722	-0,168
9	3	3,58	0,738	0,833	-0,165
10	3	3,58	0,744	0,750	-0,009
11	3	3,16	0,711	0,805	-0,171
12	3	3,08	0,616	0,694	-0,162
13	3	2,66	0,577	0,611	-0,073
14	2	2,18	0,527	0,583	-0,166
15	3	3	0,538	0,555	-0,038
16	3	2,66	0,583	0,583	0,000
17	3	3,25	0,711	0,722	-0,0196
18	3	3,27	0,633	0,722	-0,181
19	3	3,33	0,755	0,833	-0,132
20	3	3,08	0,650	0,638	0,0212
21	3	3,50	0,772	0,888	-0,196
22	3	3	0,711	0,583	0,214
23	3	3,36	0,677	0,666	0,020
24	2	2,33	0,611	0,625	-0,034
25	3	2,81	0,550	0,611	-0,142
26	3	2,83	0,661	0,666	-0,010
27	3	2,91	0,622	0,638	-0,033
28	3	3,18	0,627	0,635	-0,022
29	3	3,16	0,688	0,667	0,040
30	3	3,16	0,672	0,750	-0,148
31	3	3,66	0,783	0,833	-0,081
32	3	3,09	0,622	0,666	-0,090
33	3	2,90	0,572	0,583	-0,024
34	3	3,09	0,622	0,611	0,022
35	3	3,41	0,755	0,833	-0,132
36	3	3,16	0,672	0,805	-0,260
37	3	2,83	0,588	0,583	0,011
38	3	3	0,594	0,611	-0,035
39	3	3,08	0,655	0,694	-0,075

Progênie	N	A_p	He	Ho	<i>continuação</i>
					f
40	3	2,83	0,572	0,583	-0,024
41	3	3,50	0,750	0,777	-0,046
42	3	3,16	0,694	0,777	-0,154
43	3	3,08	0,711	0,666	0,076
44	3	3	0,672	0,666	0,010
45	3	2,75	0,594	0,611	-0,035
46	3	3	0,644	0,694	-0,098
47	3	3,25	0,655	0,750	-0,186
48	3	2,83	0,622	0,638	-0,033
49	3	3,08	0,694	0,694	0,000
50	3	3,18	0,633	0,694	-0,123
51	3	3,58	0,777	0,777	0,000
52	3	2,91	0,644	0,722	-0,155
53	3	3,16	0,694	0,722	-0,050
54	3	3,18	0,661	0,722	-0,118
55	3	3,33	0,711	0,638	0,123
56	3	3	0,644	0,638	0,010
57	3	3	0,583	0,611	-0,060
58	3	3,18	0,655	0,666	-0,021
59	3	3	0,650	0,638	0,021
60	3	3	0,616	0,527	0,173
61	3	2,72	0,538	0,583	-0,105
62	3	3,08	0,672	0,750	-0,148
63	3	3	0,644	0,666	-0,043
64	3	3,33	0,738	0,777	-0,066
65	3	2,91	0,633	0,638	-0,010
66	3	3,27	0,672	0,777	-0,204
67	3	3,33	0,694	0,666	0,049
68	3	3,41	0,716	0,833	-0,212
69	3	3,16	0,661	0,694	-0,063
70	3	3,25	0,661	0,722	-0,118
71	3	2,909	0,594	0,638	-0,095
72	3	3	0,594	0,638	-0,095
73	3	2,83	0,611	0,583	0,056
74	3	3,41	0,727	0,694	0,056
75	3	3,36	0,672	0,638	0,061
76	2	2,50	0,680	0,708	-0,062
77	3	2,63	0,516	0,527	-0,027
78	3	2,83	0,600	0,638	-0,082
79	3	3	0,633	0,666	-0,066
80	3	3,16	0,694	0,722	-0,050
81	3	3,25	0,683	0,750	-0,125
82	3	3	0,677	0,583	0,168

<i>continuação</i>					
Progênie	<i>N</i>	<i>Ap</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>f</i>
83	3	3,18	0,638	0,694	-0,111
84	3	3	0,688	0,722	-0,061
85	3	3,41	0,744	0,833	-0,153
86	2	2,50	0,555	0,541	0,037
87	2	2,75	0,722	0,750	-0,058
88	3	3,16	0,700	0,750	-0,090
89	3	3,08	0,672	0,750	-0,148
90	3	3,25	0,722	0,722	0,000
91	3	3,25	0,727	0,750	-0,038
92	3	2,91	0,622	0,694	-0,149
93	3	3,27	0,655	0,666	-0,021
94	3	2,90	0,600	0,611	-0,023
95	3	2,90	0,594	0,611	-0,035
96	3	3,08	0,661	0,666	-0,010
97	3	2,83	0,633	0,694	-0,123
98	3	2,91	0,683	0,611	0,128
99	3	2,83	0,638	0,666	-0,054
100	3	3,08	0,711	0,722	-0,019
101	3	2,75	0,650	0,694	-0,086
102	3	3,08	0,677	0,666	0,020
103	3	2,83	0,594	0,583	0,023
104	3	3	0,672	0,555	0,207
105	2	2,27	0,541	0,583	-0,120
106	3	2,83	0,583	0,583	0,000
107	3	3,45	0,683	0,805	-0,234
108	2	2,33	0,458	0,500	-0,142
109	3	3,16	0,672	0,694	-0,041
110	3	3	0,694	0,750	-0,102
111	3	2,81	0,527	0,583	-0,135
112	3	3,25	0,705	0,666	0,067
113	3	2,91	0,633	0,666	-0,066
114	3	2,90	0,594	0,555	0,080
115	3	3,33	0,705	0,694	0,019
116	3	3	0,6250	0,569	0,110
117	3	3,16	0,705	0,750	-0,080
118	3	3,08	0,661	0,666	-0,010
119	3	3	0,688	0,666	0,040
120	3	3	0,655	0,666	-0,021
121	3	2,83	0,633	0,694	-0,123
122	3	3,08	0,683	0,722	-0,072
123	3	3	0,694	0,750	-0,102
124	3	2,72	0,522	0,611	-0,222
125	3	2,50	0,533	0,611	-0,189

<i>continuação</i>					
Progênie	<i>N</i>	<i>Ap</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>f</i>
126	3	3,10	0,561	0,555	0,012
127	3	3,18	0,622	0,583	0,076
128	3	3,16	0,677	0,722	-0,083
129	3	2,54	0,505	0,527	-0,055
130	3	3,08	0,711	0,722	-0,019
131	3	3	0,555	0,611	-0,128
132	3	3,18	0,655	0,666	-0,021
133	3	3,41	0,750	0,805	-0,094
134	3	2,66	0,577	0,555	0,047
135	3	3	0,644	0,611	0,063
136	3	3,41	0,744	0,805	-0,104
137	3	3	0,661	0,722	-0,118
138	3	3,33	0,694	0,750	-0,102
139	3	3,25	0,688	0,750	-0,113
140	3	3,08	0,705	0,750	-0,080
141	3	3,08	0,683	0,722	-0,072
142	3	3,50	0,738	0,694	0,074
143	3	3	0,655	0,694	-0,075
144	3	3,16	0,700	0,722	-0,040
145	3	3,25	0,694	0,722	-0,050
146	3	3,40	0,588	0,666	-0,170
147	3	3,25	0,722	0,805	-0,148
148	3	2,83	0,583	0,666	-0,185
149	3	3,54	0,666	0,750	-0,161
150	3	2,66	0,594	0,583	0,023
151	3	2,66	0,627	0,583	0,086
152	3	3,16	0,683	0,666	0,030
153	3	2,75	0,644	0,638	0,010
154	3	3,33	0,727	0,777	-0,087
155	3	3,25	0,705	0,722	-0,029
156	3	2,91	0,650	0,666	-0,032
157	3	3,36	0,694	0,694	0,000
158	3	3,41	0,761	0,833	-0,121
159	3	3,20	0,600	0,638	-0,082
160	3	3,25	0,700	0,694	0,009
161	3	3	0,700	0,638	0,106
162	3	3,33	0,700	0,694	0,009
163	3	3,41	0,727	0,694	0,056
164	3	3,58	0,777	0,722	0,087
165	3	3,27	0,661	0,638	0,041
166	3	3,08	0,677	0,722	-0,083
167	3	3,09	0,650	0,638	0,021
168	3	3,16	0,722	0,722	0,000

continuação

Progênie	N	A_p	He	Ho	f
169	2	2,45	0,597	0,625	-0,071
170	3	3,27	0,661	0,694	-0,063
171	3	3,27	0,683	0,777	-0,178
172	3	3	0,633	0,722	-0,181
173	3	2,91	0,622	0,694	-0,149
174	3	2,91	0,616	0,611	0,011
174	3	2,75	0,644	0,638	0,010
176	2	2,63	0,652	0,708	-0,133
177	3	3,27	0,616	0,611	0,011
178	3	2,91	0,661	0,666	-0,010
179	3	3,25	0,700	0,638	0,106
180	3	3,09	0,644	0,638	0,010
181	3	2,75	0,583	0,527	0,116
182	3	3,08	0,661	0,722	-0,118
Média	537	3,05	0,655	0,677	-0,041

Apêndice R. Modelo estatístico para explicar relação entre variáveis preditivas, percentual de remanescente e tipo de matriz, com as variáveis resposta diversidade genética (He), riqueza alélica (Ar) e coeficiente de endogamia (f) de 17 populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado, utilizando critério de Akaike

Variável resposta	Modelo estatístico	Variáveis preditivas	Buffer 2 km			Buffer 5 km		
			K	ΔAIC_c	WAIC _c	K	ΔAIC_c	WAIC _c
He	GAM	% rem,	3	0,0	0,32	3	0,5	0,19
	Mle	% rem,	3	0,3	0,27	3	0,0	0,25
	GLM	% rem.	3	1,9	0,12	3	0,6	0,19
		tipo matriz	3	1,9	0,12	3	0,6	0,18
		% rem./tipo	4	5,3	0,02	4	3,9	0,03
		Nulo	3	1,8	0,13	3	1,1	0,14
f	GAM	% rem.	3	3,7	0,06	3	1,7	0,09
	Mle	% rem,	3	2,5	0,11	3	0,2	0,20
	GLM	% rem.	3	1,8	0,17	3	0,1	0,21
		tipo matriz	3	0,0	0,42	3	0,0	0,22
		% rem. /tipo	4	3,1	0,09	4	3,5	0,03
		Nulo	3	2,6	0,11	3	0,1	0,21
Ar	GAM	% rem.	3	0,0	0,35	3	1,2	0,18
	Mle	% rem.	3	1,0	0,21	3	1,3	0,17
	GLM	% rem,	3	1,9	0,14	3	1,8	0,139
		tipo matriz	3	1,9	0,13	3	0,0	0,33
		% rem./tipo	4	5,3	0,02	4	3,5	0,06
		Nulo	3	2,1	0,12	3	2,4	0,10

Apêndice S. Valores de R_{ST} e F_{ST} para doze locos microssatélite desenvolvidos por (Croxford et al., 2006) avaliados em 583 indivíduos provenientes de vinte populações de *A. occidentale* ecótipo do Cerrado

Marcador	Parâmetros	
	R_{ST}	F_{ST}
MAOR11	0,259*	0,092*
MAOR16	0,098	0,050*
MAOR3	0,048	0,051*
MAOR35	0,075	0,056*
MAOR42	0,084	0,086*
MAOR6	0,117*	0,049*
MAOR12	0,080	0,059*
MAOR17	0,061	0,053*
MAOR2	0,048	0,113*
MAOR29	0,056	0,099*
MAOR41	0,000*	0,068*
Total	0,095*	0,070*

*Valor significativo, valor de $p \leq 0,05$