



UFG

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

**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE
Pterodon emarginatus VOGEL (LEGUMINOSAE)
NO CERRADO**

DANIEL FERREIRA DE SOUSA

Orientador(a):
**Prof.^a Dra. THANNYA NASCIMENTO
SOARES**



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

Daniel Ferreira de Sousa

3. Título do trabalho

“DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *Pterodonemarginatus* VOGEL (LEGUMINOSAE) NO 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 **Thannya Nascimento Soares, Coordenadora de Curso**, em 01/07/2020, às 11:54, 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 **DANIEL FERREIRA DE SOUSA, Discente**, em 03/07/2020, às 20:26, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



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 **1414394** e o código CRC **F007AB79**.

Referência: Processo nº 23070.028723/2020-05

Daniel Ferreira de Sousa

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *Pterodon emarginatus* VOGEL (LEGUMINOSAE) NO CERRADO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador (a):

Prof. (a) Dr. (a) Thannya Nascimento Soares

Goiânia, GO – Brasil 2020

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

Sousa, Daniel Ferreira de
DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *Pterodon*
emarginatus VOGEL (LEGUMINOSAE) NO CERRADO
[manuscrito] / Daniel Ferreira de Sousa. - 2020.
56 f.

Orientador: Profa. Dra. Thannya Nascimento Soares.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de
Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-
graduação em Genética e Melhoramento de Plantas,
Goiânia, 2020.
Bibliografia. Apêndice.

1. Genética da Conservação. 2. microssatélites. 3.
recurso genético. 4. sucupira-branca. I. Soares, Thannya
Nascimento , orient. II. Título.



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 126/2020 da sessão de Defesa de Dissertação de **Daniel Ferreira de Sousa**, que confere o título de Mestre em **GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS**.

Ao/s 29/06/2020 - vinte e nove dias do mês de junho do ano de dois mil e vinte, a partir das 14h:00min, Exame realizado por vídeo-conferência, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada “**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE *Pterodon emarginatus* VOGEL (LEGUMINOSAE) NO CERRADO**”. Os trabalhos foram instalados pela Presidente e Orientadora - **Prof.^a Dr.^a Thannya Nascimento Soares - ICB/UFG** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: **Prof. Dr. Lázaro José Chaves - EA/UFG**, membro titular interno; **Prof.^a Dulce Maria Sucena da Rocha - UNB/FUP - FACULDADE DE PLANALTINA** membro titular externo. Durante a arguição os membros da banca **não fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido o candidato **aprovado** pelos seus membros. Proclamados os resultados pela **Prof.^a Dr.^a Thannya Nascimento Soares - ICB/UFG**, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, ao(s) 29/06/2020 - vinte e nove dias do mês de junho do ano de dois mil e vinte.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Thannya Nascimento Soares, Coordenadora de Curso**, em 29/06/2020, às 16:56, 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 **Dulce Maria Sucena da Rocha, Usuário Externo**, em 29/06/2020, às 17:04, 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 **Lazaro Jose Chaves, Professor do Magistério Superior**, em 30/06/2020, às 09:55, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



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 **1404678** e o código CRC **A5ECCC72**.

Referência: Processo nº 23070.028723/2020-05

SEI nº 1404678

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por me dar a capacidade para realização desse trabalho, pela saúde, e por me conceder clareza para lidar com as dificuldades passadas durante esse período. Sou grato aos meus pais Carlos Antônio de Sousa, e Nicealda Maria Ferreira Sousa, por me incentivar e apoiar, onde por meio de seus exemplos, me ensinaram a ter honra, e honestidade. Agradeço também pelo esforço realizado, no qual me possibilitou seguir meus objetivos.

Agradeço a minha orientadora a professora Thannya Nascimento Soares, pela disponibilidade, atenção, o auxílio, na execução deste trabalho, e fora dele, a confiança em mim depositada, e por me proporcionar crescimento.

Sou grato aos membros e coordenadoras do laboratório de Genética & Biodiversidade onde foi realizado a maior parte do trabalho, também se tornou um berço de novas, amizades e aprendizagem. Em especial sou imensamente grato aos meus amigos e colegas de laboratório, Jordana, Sara, Cíntia, Victória, Victor, que me auxiliaram e contribuíram com minha aprendizagem.

Agradeço aos meus amigos, Gabriel Gonçalves, Vinicius Santos, Francielly Teles, Kleonys Santos, por companheirismo, auxílio, e conselhos que contribuíram para minha formação pessoal. Agradeço também em especial a minha namorada Sabrina Sara Moreira Duarte, por toda a atenção, dedicação, carinho a mim cedidos, pelo companheirismo, auxílio, apoio. O meu muito obrigado a todas as pessoas que passaram na minha vida e que contribuíram de forma direta ou indireta.

Agradeço também aos membros da banca de qualificação e defesa final, Rejane Araújo Guimarães, Lázaro José Chaves e Ramilla dos Santos Braga, Dulce Maria Sucena da Rocha, cujas correções e conselhos contribuíram com a melhoria do trabalho e pessoal.

Sou grato ao programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas por minha formação teórica e pessoal, também sou grato a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela disponibilização de bolsa de mestrado, e a chamada MCTIC/CNPq Nº 28/2018 - Universal, proc. 431320/2018-7 e a chamada pública: Nº. 07/2016 – PROGRAMA DE APOIO DE APOIO A NÚCLEOS EMERGENTES – PRONEM, proc. 201710267000539. E ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia (INCT) em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade - EECBio, apoiado pelo MCTIC/CNPq e FAPEG (proc. 465610 / 2014-5) que concederam recursos financeiros para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS	6
SUMÁRIO	7
LISTA DE TABELAS	8
LISTA DE FIGURAS	9
RESUMO	10
ABSTRACT	12
1. INTRODUÇÃO.....	13
2. OBJETIVOS	15
2.1. Objetivo geral	15
2.2. Objetivos específicos.....	15
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	16
3.1. Conservação do cerrado.....	16
3.2. A Família Leguminosae e a espécie <i>Pterodon emarginatus</i>	17
3.3. Diversidade e estrutura genética em populações naturais de plantas ...	20
3.4. O uso de marcadores moleculares em estudos genético populacionais	21
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	24
4.1. Área de estudo e amostragem.....	24
4.2. Extração do DNA genômico e quantificação	25
4.3. Identificação dos genótipos dos locos microsatélites	26
4.4. Análises Estatísticas	27
5. RESULTADOS	28
6. DISCUSSÃO	35
7. CONCLUSÕES	38
8. REFERÊNCIAS	39
9. APÊNDICES	48

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1. Descrição das 13 populações amostradas de *Pterodon emarginatus* no Cerrado, evidenciando municípios de coleta, código da população, coordenadas geográficas (longitude e latitude) e número de indivíduos (N) por população. ----- 24
- Tabela 2. Características dos 10 marcadores desenvolvidos para *P. pubescens* e transferidos para *Pterodon emarginatus* em sistema Multipliex. Evidenciando o conjunto de pares de primers, o motivo de repetição (MR), sequências dos primers (forward e reverse), a fluorescência (FI) e temperatura de anelamento (TA) de cada par de primer, para as 13 populações. ----- 26
- Tabela 3. Estatísticas descritivas de diversidade genética relativas aos 10 locos microssatélites avaliados nas 13 populações de *Pterodon emarginatus* e seus respectivos Número de alelos por loco (*A*), Heterozigosidade esperada (*He*), Heterozigosidade observada (*Ho*) e Heterozigosidade máxima (*H_{máx}*). ----- 28
- Tabela 4. Estimativas de diversidade genética relativas à 13 populações de *Pterodon emarginatus* avaliadas com dez locos microssatélites. Na tabela são apresentadas as estimativas de número médio de alelos por população (*A*), riqueza alélica (*Ar*), heterozigosidade esperada pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg (*He*), heterozigosidade observada (*Ho*), índice de fixação intrapopulacional (*f*). ----- 29
- Tabela 5. Frequência e distribuição de alelos privados encontrados em 5 dos 10 locos em 5 populações de *Pterodon emarginatus* entre as 13 analisadas, que apresentaram frequência acima de 0,05. ----- 29
- Tabela 6. Índices de fixação genética populacional por locos nas 13 populações de *P. emarginatus* analisadas. ----- 30
- Tabela 7. Ranking das 13 populações prioritárias de *P. emarginatus* para a conservação segundo o algoritmo greedy, avaliados a partir de 10 marcadores microssatélites ---- 34

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Distribuição do bioma Cerrado (evidenciado em cinza) no território brasileiro. 16
- Figura 2. Registro fotográfico de *Pterodon emarginatus* Vogel: Árvore (A), Flor (B).
Fonte: TELLES, 2016. 19
- Figura 3. Padrões de marcadores microssatélites por eletroforese capilar. Em (A) representando homozigoto, em (B) heterozigoto. 23
- Figura 4. Mapa do Brasil indicando os pontos de coleta das 13 populações de *Pterodon emarginatus* no Cerrado (cujo território contínuo está marcado em cinza no mapa)... 25
- Figura 5. Gráfico de análise de agrupamento por método Bayesiano, evidenciando a formação de 6 grupos genéticos, destacados pelas cores amarelo, vermelho, azul marinho, azul claro, verde e rosa, das 13 populações *Pterodon emarginatus*, analisadas com 10 marcadores microssatélites..... 31
- Figura 6. Dendograma gerado a partir do método de agrupamento UPGMA utilizando a matriz de FST par a par em 13 populações de *P. emarginatus* a partir da utilização de 10 marcadores microssatélites. A correlação cofenética (0,904) foi significativa através do teste de Mantel ($p = 9.9999 \times 10^{-06}$). 31
- Figura 7. Correlação entre as distâncias geográficas e genéticas em 13 populações de *P. emarginatus* através da utilização de 10 marcadores microssatélites ($p = 0,745$). 32
- Figura 8. Identificação de descontinuidade genética (indicadas por setas vermelhas) através do algoritmo de Monmonier..... 33

RESUMO

Pterodon emarginatus Vogel, conhecida popularmente como sucupira-branca, possui características que possibilitam a sua exploração como recurso madeireiro, ornamental e medicinal. Conhecer a variabilidade genética nas populações naturais de um recurso genético vegetal é importante para a definição de estratégias para o seu uso e conservação. O presente estudo teve como objetivo conhecer a diversidade genética de populações naturais *P. emarginatus* no Cerrado, para fins de uso e conservação. Foram coletados 302 indivíduos, provenientes de 13 populações do Cerrado. Esses indivíduos foram analisados com 10 marcadores microssatélites. A detecção dos genótipos foi realizada pelo emprego do analisador genético ABI-3500 (*Applied Biosystems*). A qualidade dos locos foi avaliada com base em estimativas de probabilidade de identidade e da probabilidade de exclusão de paternidade, no programa *Identity4*. As análises de diversidade e estrutura genética populacional foram realizadas nos programas *GDA* e pelo pacote *hierfstat*, em ambiente R. Foi realizada a análise de agrupamento por método bayesiano, com o uso do programa *STRUCUTRE*. Foi estimada a divergência genética (F_{ST} par a par) e o teste de Mantel, com o uso dos pacotes *hierfstat* e *Vegan* em ambiente R. A presença de descontinuidade genética foi verificada com a aplicação do algoritmo de *Monmonier*. A identificação de populações prioritárias para conservação foi realizada pelo algoritmo *Greedy*, em ambiente R. A bateria de locos se mostrou adequada para a análises de discriminação individual e para estudos genético populacionais, uma vez que a probabilidade de identidade foi baixa ($PI = 2,4109 \times 10^{-11}$) e a exclusão de paternidade foi alta ($Q = 0,9998$). Foram identificados 15,9 alelos em média, por loco. A heterozigosidade observada (0,521) foi menor do que a heterozigosidade esperada (0,654). As populações exibiram estrutura genética populacional significativa ($\theta_p = 0,104$), com presença de endogamia decorrente do sistema reprodutivo ($f = 0,207$). A endogamia do conjunto de populações também foi alta e significativa ($F = 0,290$). Foram detectados seis grupos genéticos pela análise Bayesiana. Não foram detectadas relações entre a distância genética e geográfica. As populações de Araguaçu-TO e Porangatu-GO apresentaram descontinuidade genética com quatro populações. Não foi possível estabelecer um número mínimo de populações prioritárias para conservação, pois há a necessidade de se conservar todas elas (13) para se amostrar todos os alelos identificados no presente estudo. Este estudo revela que as populações naturais de *P. emarginatus*

apresentam alta diversidade genética, porém esta diversidade está estruturada nessas populações que, ainda, apresentam endogamia decorrente do sistema reprodutivo. Além disso, a divergência genética não é explicada pela distância geográfica e as populações apresentam baixa redundância de riqueza alélica. Tais resultados implicam na necessidade de um maior esforço amostral, tanto de indivíduos, quanto de populações, em trabalhos que visem a conservação e uso da espécie.

Palavra-chave: Genética da Conservação, microssatélites, recurso genético, sucupira-branca.

ABSTRACT

Pterodon emarginatus Vogel, popularly known as white sucupira, has characteristics that allow its exploitation as a timber, ornamental and medicinal resource. Knowing the genetic variability in natural populations of a plant genetic resource is important for defining strategies for its use and conservation. The present study had as objective to know the genetic diversity of natural populations of *P. emarginatus* in the Brazilian cerrado, for use and conservation purposes. 302 individuals were collected, from 13 Brazilian cerrado populations. These individuals were analyzed using 10 microsatellite markers. The detection of the genotypes was performed using the ABI-3500 genetic analyzer (*Applied Biosystems*). The quality of the loci was evaluated based on estimates of probability of identity and probability of exclusion of paternity, in the *Identity4* program. The analyzes of diversity and genetic population structure were performed in the *GDA* programs and by the hierfstat package, in environment R. The cluster analysis was performed by the Bayesian method, using the *STRUCUTRE* program. The genetic divergence (pairwise F_{ST}) and the Mantel test were estimated, using the hierfstat and Vegan packages in environment R. The presence of genetic discontinuity was verified with the application of the Monmonier algorithm. The identification of priority populations for conservation was performed by the Greedy algorithm, in an R environment. The battery of loci proved to be adequate for the analysis of individual discrimination and for population genetic studies, since the probability of identity was low ($PI = 2, 4109 \times 10^{-11}$) and the exclusion of paternity was high ($Q = 0.9999$). An average of 15.9 alleles were identified per locus. The observed heterozygosity (0.521) was less than the expected heterozygosity (0.654). The populations exhibited a significant population genetic structure ($\theta_p = 0.104$), with the presence of inbreeding due to the reproductive system ($f = 0.207$). The inbreeding of the population group was also high and significant ($F = 0.290$). Six groups were detected by Bayesian analysis. No relationship was detected between genetic and geographical distance. The populations of Araguaçu TO and Porangatu GO showed genetic discontinuity with four other populations. It was not possible to establish a minimum number of priority populations for conservation, as there is a need to conserve all of them (13) in order to sample all the alleles identified in the present study. This study reveals that the natural populations of *P. emarginatus* have high genetic diversity, but this diversity is structured among populations and that there is inbreeding within populations due to the reproductive system. In addition, the genetic divergence is not explained by the geographical distance and the populations have a low redundancy of allelic richness. Such results imply the need for a greater sampling effort, both of individuals and populations, in works aimed at the conservation and use of the species.

Keyword: Conservation Genetics, genetic resources, microsatellites, sucupira-branca.

1. INTRODUÇÃO

Pterodon emarginatus Vogel (Leguminosae), conhecida popularmente como sucupira-branca, é uma árvore com potencial de uso madeireiro, ornamental e medicinal (MATOS et al., 2007). Em virtude de sua alta resistência em processos de apodrecimento de madeiras, a sucupira-branca apresenta um potencial para utilização em fins madeireiros como na construção civil, móveis, objetos artesanais, postes, dentre outros. Para fins ornamentais, a sucupira-branca é utilizada em razão de suas flores com cores chamativas (GORGONE, 2020). No que diz respeito ao potencial medicinal de sucupira-branca, a ampla utilização desta planta em meios de uso popular, retratam uso no tratamento de infecções no trato respiratório, infecções ginecológicas, tratamento de diabetes e reumatismo (ALMEIDA & GOTTLIEB, 1975; LORENZI & MATOS, 2002; MASCARO et al., 2004; BUSTAMANTE et al., 2010).

As principais características morfológicas de *P. emarginatus* são a altura, que varia de 5 a 10 m em indivíduos adultos, o diâmetro do tronco de até 70 cm, a presença de folhas compostas, paripinadas, alternadas e espiraladas, contendo entre 14 a 20 folíolos de 2 a 6 cm de comprimento de 1 a 4 cm de largura. Uma característica marcante da espécie é a cor roxa das flores, com cerca de 1cm de diâmetro e 5 pétalas, dispostas em cachos (CAMILLO et al., 2016; SILVA et al., 2018).

No Brasil a distribuição geográfica de *P. emarginatus* é descrita nas regiões sudeste, centro oeste, norte e nordeste (LIMA, H.C. de; LIMA, 2015). No bioma Cerrado a espécie ocorre em áreas de cerrado *stricto sensu*, cerradão mesotrófico e áreas de transição entre cerrado e floresta semidecídua (CAMILLO et al., 2016; LORENZI, 1992), sendo característica de solos secos e arenosos (FELFINI et al., 2002).

Avaliar a variação genética em populações de espécies no Cerrado, torna possível a identificação de informações acerca da capacidade de resiliência das populações, o que auxilia na conservação da espécie e de seu habitat (TELLES et al., 2010). As estimativas de diferenciação populacional são imprescindíveis para a compreensão da relação entre as populações, e constituem ferramentas importantes para o desenvolvimento de estratégias, para conservação (DOĞAN; DOĞAN, 2016). Dentre os marcadores moleculares, os microssatélites apresentam-se como uma técnica eficaz para a avaliação da diversidade genética populacional, devido à codominância e alto grau de polimorfismo, além da abundância nos genomas de plantas (KUMAR YADAV et al., 2017; RITZ et al., 2000;

THOMAS; ANILKUMAR, 2008). Portanto, o estudo genético populacional com marcadores microssatélites pode contribuir com o melhor conhecimento sobre a biologia básica da espécie e para a aplicação deste conhecimento para o seu uso e conservação.

Existem poucos estudos genéticos sobre *P. emarginatus*. Rocha, (2006) ao analisar populações de *P. emarginatus* por meio de marcadores RAPD, identificou uma maior variabilidade dentro das populações em relação a variabilidade entre as populações, entretanto nesse mesmo estudo foram detectados grupos genéticos distintos, de acordo com os pontos de coleta. Já Melo (2018) identificou alta diversidade genética e endogamia decorrente do sistema reprodutivo em duas populações de *P. emarginatus*, com a utilização de locos desenvolvidos para *Pterodon pubescens* e transferidos para *P. emarginatus*.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

O presente estudo teve como objetivo conhecer a magnitude e a distribuição da variabilidade genética em populações naturais *P. emarginatus* no Cerrado, com o intuito de contribuir para a definição de estratégias prioritárias para conservação e uso desta espécie.

2.2. Objetivos específicos

- Conhecer os níveis de diversidade genética e endogamia nas populações de *P. emarginatus*;
- Avaliar a existência de agrupamentos genéticos das populações de *P. emarginatus*;
- Verificar se as populações que são espacialmente próximas são mais semelhantes geneticamente;
- Avaliar a existência de descontinuidade de fluxo gênico entre as populações estudadas;
- Identificar populações prioritárias para a conservação.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. Conservação do cerrado

O Brasil abriga uma das maiores riquezas florísticas do mundo (FORZZA et al., 2012). Nesse cenário, o cerrado, em território nacional está presente nos estados descritos na figura 1 (RIBEIRO; WALTER, 2008).

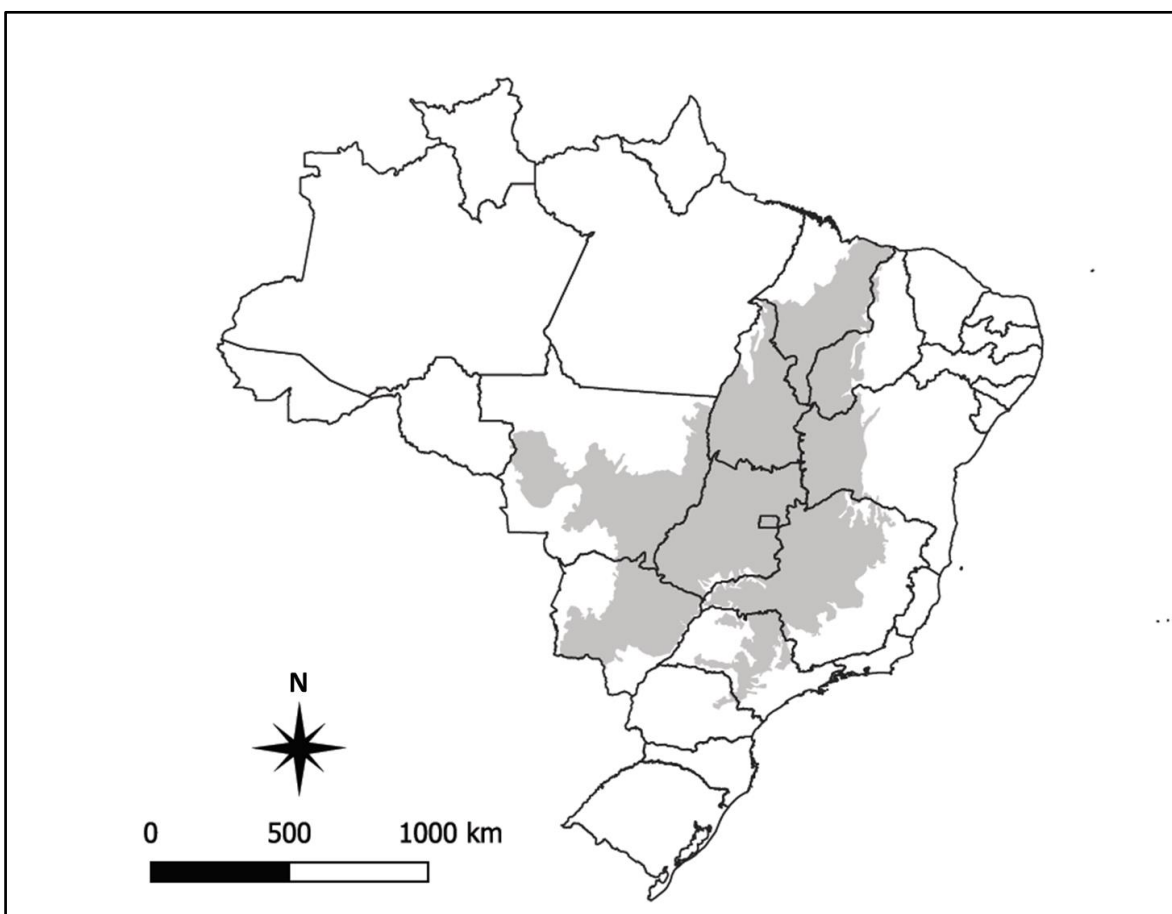


Figura 1. Distribuição do bioma Cerrado (evidenciado em cinza) no território brasileiro.

Esse bioma tem enfrentado um grande processo de perda de área natural devido a expansão agrícola que tem se intensificado em cerca dos últimos 30 anos, principalmente pelo crescimento nas áreas de pastagem, e plantio através da monocultura de milho, soja, cana de açúcar, café, entre outros (GRECCHI et al., 2013; HUNKE et al., 2015; KLINK; MACHADO, 2005; MARRIS, 2005; REDO; AIDE; CLARK, 2013; SANO et al., 2008).

A expansão agrícola tem aumentado significativamente o desenvolvimento econômico das regiões, entretanto juntamente com o desenvolvimento, o aumento da agricultura tem proporcionado sérios problemas ambientais associados a escassez de água, contaminação e degradação do solo, e problemas relacionados ao uso indiscriminado de agrotóxicos (LOPES; AYARZA; THOMAS, 2004). Segundo Strassburg et al. (2017), cerca de 46% da cobertura vegetal nativa do cerrado foi perdida, e apenas aproximadamente 19% permanece inalterada.

O crescimento de áreas de pastagem e plantio, tem gerado um processo de fragmentação das áreas de cobertura vegetal nativa, esse processo pode ser definido como uma alteração do habitat natural levando-o a uma divisão de áreas contínuas, gerando fragmentos de menor área isolados por uma paisagem diferente (CARVALHO; MARCO; FERREIRA, 2009).

A grande biodiversidade aliada ao alto endemismo e a perda de habitats, provocou um aumento constante no interesse em estudar os processos evolutivos e ecológicos, sobre as espécies nativas desse bioma, a fim de encontrar estratégias para conservação (SOUZA; TELLES; DINIZ-FILHO, 2016).

As plantas são de grande importância para a biodiversidade do mundo, sendo essas, consideradas um recurso essencial para o planeta, podendo ser cultivadas ou selvagens, elas representam grande importância ou potencial econômico e cultural. Além disso as espécies vegetais desempenham um papel fundamental no equilíbrio e estabilidade ambiental, fornecendo habitats que possibilitam a manutenção da vida de muitos organismos (CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY, 2012).

Dentre as principais medidas para a conservação dos recursos genéticos vegetais, a conservação *In Situ*, pode ser definida como, a manutenção de uma população em seu habitat natural, por meio de regeneração natural ou artificial desde que não ocorra seleção durante a colheita das sementes (KAGEYAMA, 1987). Já a conservação *Ex Situ* representa a manutenção de *pool* gênico fora do habitat natural da espécie, em condições artificiais, como por exemplo, coleções permanentes de sementes, culturas de tecidos e coleções *In Vivo* (PAIVA, 1994).

3.2. A Família Leguminosae e a espécie *Pterodon emarginatus*

A família Leguminosae, também conhecida como Fabaceae, tem grande importância na medicina e economia (AMINFAR; TOHIDFAR, 2018). Os indivíduos

pertencentes a esse grupo podem se apresentar em forma de ervas, arbustos, árvores ou lianas, e em geral possuem folhas alternas, inflorescências normalmente racemosas, e as flores bissexuadas (MIGUÉIS; GOMIDES; NETO, 2015). A distribuição cosmopolita das leguminosas, possibilitou a ocorrência em uma ampla gama de habitats, podendo ser encontradas até mesmo em ambientes extremos (DRYFLOR et al., 2016).

O elevado metabolismo de aminoácidos e nitrogênio, assim como a frequente presença de nódulos radiculares ocasionados por bactérias fixadoras de nitrogênio, proporcionam às espécies desse grupo, um alto potencial para a recuperação de áreas degradadas (AMARAL et al., 2015).

As plantas pertencentes a essa família ocupam a segunda posição mundial quanto ao interesse agrônomo, sendo superada apenas pelas gramíneas (LEWIS, G.; SCHRIRE, B.; MACKINDER, B. & LOCK, 2005). Cerca de 30% da cobertura vegetal do planeta é ocupada pela família leguminosae, dessa forma, a produção de grãos para alimentação é a principal finalidade para o plantio comercial desta família, as aplicações do uso das leguminosas se ampliam também para, construção civil, melhoramento do solo, e na indústria farmacêutica (BRAGA, 2015; LEWIS, G.; SCHRIRE, B.; MACKINDER, B. & LOCK, 2005).

Dentre as espécies de importância ou potencial econômico estão a soja (*Glycine max*) o feijão (*Phaseolus vulgaris*) na produção alimentícia, o jatobá (*Hymenaea* spp) na produção de madeira, o flamboyant (*Delonix regia*) com a utilização ornamental, o barbatimão (*Styphnodendron adstringens*), e a sucupira (*Pterodon* spp) com potencial farmacêutico (SANTANA, 2014).

As leguminosas representam uma das maiores famílias de angiospermas, e podem ser subdivida em 6 subfamílias como, Papilionoideae (Faboideae), Duparquetioideae, Caesalpinioideae, Cercidoideae, Detarioideae e Dialioideae (AZANI et al., 2017). Dentro da subfamília Papilionoideae a tribo Dipterygeae é composta por 3 gêneros, sendo esses, *Dipteryx* (Schreb), *Pterodon* (Vogel) e *Taralea* (Aubl.), dentre as características comuns a esses gêneros estão, a presença de corola papilionácea e a distribuição unicamente neotropical (SILVA et al., 2018).

Segundo o programa Flora do Brasil 2020, o gênero *Pterodon* possui 4 espécies descritas, sendo estas, *P. abruptus*, *P. apparacioi*, *P. emarginatus* e *P. pubescens*. Em geral, essas espécies podem ser descritas como árvores aromáticas, e apresentam em média altura de 5 a 15 metros em indivíduos adultos, ocorrendo principalmente em regiões centrais do

Brasil, onde são popularmente conhecidas como “Sucupira” ou “Faveira” (DUTRA; LEITE; BARBOSA, 2008; HANSEN; HARAGUCHI; ALONSO, 2010; OLIVEIRA; PAIVA, 2005).

A espécie *P. emarginatus* apresenta porte arbóreo médio, ritidoma amarelado ou acinzentado, casca descamante com a possível presença de fissuras, a copa é composta por ramos e gemas terminais glabros. As folhas compostas apresentam, folíolos ovados com comprimento variando de 2 a 6 cm, e largura entre 1 e 4 cm, as flores apresentam cor roxa com 5 pétalas com cerca de 1cm de diâmetro (Figura 2). Esta espécie é habitualmente encontrada nas regiões do cerrado brasileiro, e em zonas de transição para florestas semidecíduas (MACHADO et al., 2018), esta possui ampla distribuição, e não é endêmica do Brasil. Em território nacional, pode ser encontrada nos estados de Goiás, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, São Paulo, Rondônia, Tocantins, Bahia, Piauí, Maranhão e Ceará (CAMILLO et al., 2016).

A descrição taxonômica dessa espécie ocorre através de duas principais formas, onde segundo alguns autores, os indivíduos desta espécie podem apresentar dois morfotipos sendo representados indivíduos que apresentam flores roxas e róseas (LEWIS, 1987), ou através da separação desses morfotipos onde cada um é identificado como uma espécie distinta, *P. emarginatus* (flores roxas) e *P. pubescens* (flores róseas) (ROCHA, 2006).

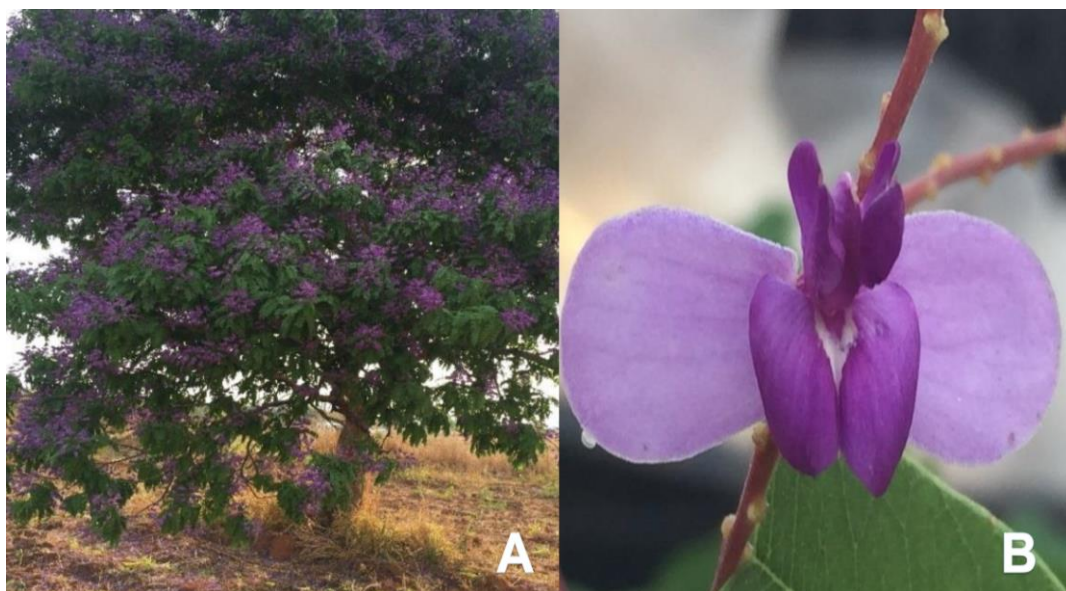


Figura 2. Registro fotográfico de *Pterodon emarginatus* Vogel: Árvore (A), Flor (B). Foto: Mariana Pires de Campos Telles (2016).

Garrafadas e extratos alcoólicos dessa planta, são amplamente utilizados como componentes energéticos, e na medicina popular, principalmente em decorrência da sua ação analgésica e antiinflamatória (MACHADO et al., 2018). Segundo Agra et al., (2008), os frutos de *P. emarginatus*, são utilizados na medicina popular, em tratamentos de reumatismo, dor de garganta, bronquite, amigdalite entre outros. Santos et al., (2010) demonstrou em seus estudos, com o extrato etílico bruto, atividade antimicrobiana desta planta. Dessa forma, o isolamento e caracterização de moléculas providas dessa espécie pode ser utilizado para fabricação de fármacos (HANSEN; HARAGUCHI; ALONSO, 2010).

A madeira é comumente utilizada desde seu uso como lenha, construção civil (LIMA et al., 2012) e também para fins ornamentais, e apícola (AQUINO; WALTER, B, M; RIBEIRO, J, 2007). Segundo Gaspar et al. (2016) a espécie *P. emarginatus*, apresenta alta fixação de carbono, assim como também pode ser usada na recuperação de áreas degradadas, devido a alta tolerância a solos de baixa fertilidade e luz solar (LORENZI, 1998; MELO, 2018; OLIVEIRA; PAIVA, 2005)

3.3. Diversidade e estrutura genética em populações naturais de plantas

Os estudos de diversidade genética são uma importante ferramenta na conservação e manejo de vegetais (LAVANHOLE, 2018). Para esses estudos, as proporções genotípicas esperadas sob os pressupostos do equilíbrio de Hardy-Weinberg são fundamentais, pois qualquer desvio dessas proporções pode fornecer sinais para inferências sobre a dinâmica da população alvo (DE MEEÛS, 2018).

Um dos fatores que pode ser responsável por essa dinâmica, é a distribuição espacial dos indivíduos, sendo essa capaz de influenciar nas forças evolutivas, podendo assim afetar a probabilidade de fixação de determinados alelos, provocando assim divergência ao esperado para uma população panmítica (SCHNEIDER et al., 2016).

Segundo Cruz et al. (2011) uma população do ponto de vista genético, é representada por um grupo de indivíduos pertencentes a uma mesma espécie que carregam em sua constituição genética diferentes genótipos, compartilham uma mesma área de distribuição e se acasalam formando descendentes com constituição genética proporcional a de seus genitores.

Dessa forma, diferentes localizações geográficas, podem gerar a estruturação genética através da descontinuidade das paisagens, provocando barreiras que impedem o fluxo gênico (MANEL et al., 2003), sendo esse o principal fator responsável pela

homogeneidade genética entre as subpopulações (PETIT; EXCOFFIER, 2009). Contudo é importante ressaltar, que a variação geográfica também é responsável por manter diferentes condições ambientais nas populações, podendo provocar diferentes pressões seletivas ampliando assim o processo de estruturação (LEMOS; VAZ-DOS-SANTOS; VAGENAS, 2012).

A subdivisão populacional pode ocorrer em diversos níveis, organizados de forma hierárquica ou não, dessa forma a população pode ser dividida em regiões ou grupos, onde esses podem ser novamente agrupados em unidades menores, e assim sucessivamente até atingir a unidade básica da população (EXCOFFIER, 2008).

Em geral, grande parte das populações se encontram subdivididas em conjuntos menores, nas quais podem ser denominadas de subpopulações. O cruzamento entre indivíduos agrupados em uma mesma subpopulação, pode se tornar mais frequente do que o acasalamento entre indivíduos de diferentes subpopulações, podendo assim levar a uma maior diferenciação genética entre indivíduos de subpopulações diferentes, do que indivíduos da mesma população (BORGES, 2015). Esse processo leva a diferenciação entre as subpopulações, sendo crucial para a evolução em todas as espécies, sendo esse, um fator determinante para a sobrevivência da espécie (MA; JI; ZHANG, 2015).

Dessa forma, a estimação da estrutura genética populacional permite determinar a forma como variabilidade genética se distribui nas populações de uma espécie (FAJARDO; VIEIRA; MOLINA, 2016). Este fator é frequentemente identificado em populações naturais de plantas, em virtude de sua imobilidade. (CASTRO, 2016; HEYWOOD, 1991; LOVELESS; HAMRICK, 1984)

3.4. O uso de marcadores moleculares em estudos genético populacionais

Uma das principais etapas dos estudos populacionais genético-moleculares é a identificação e seleção de marcadores moleculares adequados, nos quais se enquadram aqueles que apresentem reprodutibilidade, clareza nos resultados e sejam polimórficos suficiente para a diferenciação individual (MATOS-OLIVEIRA et al., 2018).

Essas ferramentas de análise genética possibilitaram examinar com maior precisão, a história evolutiva dos organismos, assim como uma melhor identificação da variabilidade e estrutura genética (DE LIMA et al., 2015; SØNSTEBØ; BORGSTRØM; HEUN, 2007). Os marcadores genéticos são amplamente aplicados em programas de conservação, pois através do emprego de marcadores é possível monitorar espécies

ameaçadas de extinção, espécies raras, e inferir sobre as forças evolutivas atuantes, taxa de sobrevivência e viabilidade populacional (FAJARDO; VIEIRA; MOLINA, 2016).

Os marcadores microssatélites também conhecidos como *Simple Sequence Repeat* (SSR), são repetições em tandem de motivos de um a seis pares de nucleotídeos repetidos diversas vezes. Essas regiões apresentam altas taxas de mutações, por isso são de grande proveito na genética de populações, pois as mutações tornam os marcadores SSR bastante polimórficos, permitindo assim a distinção genética entre indivíduos aparentados, e eficiência na diferenciação entre populações (SCHNEIDER, T. et al., 2018).

A região microssatélite tende a apresentar alta variação no tamanho dos fragmentos dos loci, devido à inserção errônea de nucleotídeos ocasionada pelo escorregamento da DNA polimerase durante o processo de replicação, assim como outros eventos, como crossing over desigual e retrotransposição (TURCHETTO-ZOLET, 2017).

A utilização dessas regiões como marcadores moleculares acontece devido a capacidade de se analisar o número de repetições, onde cada tamanho de fragmento amplificado pode ser interpretado como alelo (SARTORETTO; FARIAS, 2010). A visualização dos fragmentos originados pela amplificação dos marcadores microssatélites, pode ser feita por gel de agarose para fragmentos maiores, gel de poliacrilamida, para fragmentos menores, ou com a utilização de analisador automático de DNA, por meio da eletroforese capilar (Figura 3), que apresenta maior precisão em comparação aos demais métodos (GOULART et al., 2011).

A característica multialélica e codominante dos marcadores microssatélites, possibilita a obtenção de alto conteúdo de informação, assim, esses marcadores tornaram-se populares entre os geneticistas de populações (TURCHETTO-ZOLET, 2017). Outra característica favorável aos marcadores microssatélites, é a existência de sítios iniciadores conservados entre espécies próximas evolutivamente, permitindo assim, em alguns casos, a utilização dos mesmos primers para a genotipagem em espécies diferentes (SCHNEIDER, et al., 2018).

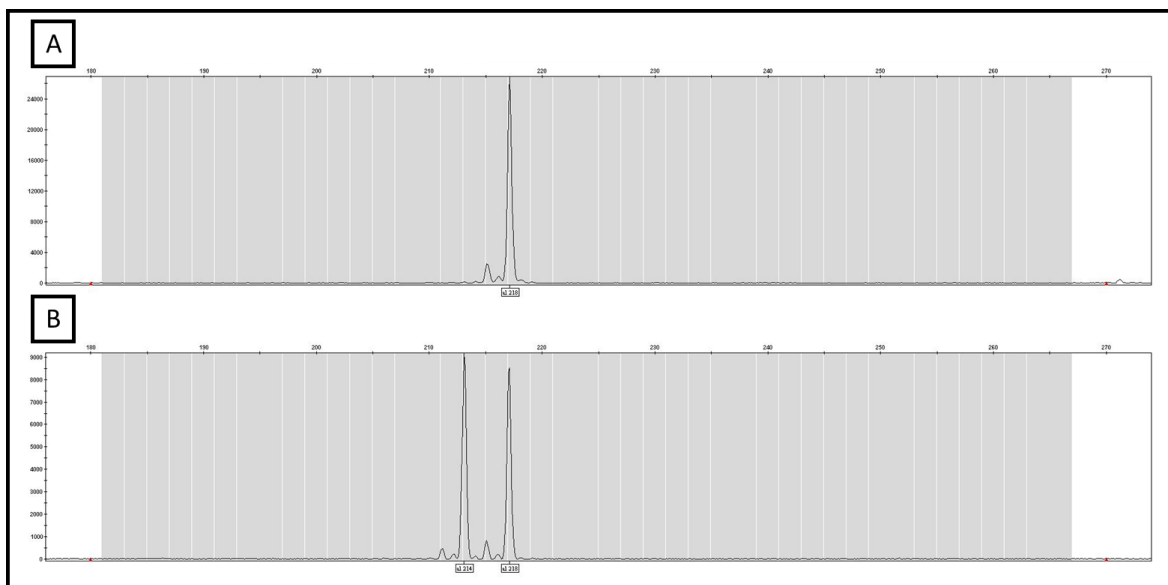


Figura 3. Padrões de marcadores microssatélites por eletroforese capilar. Em (A) representando homozigoto, em (B) heterozigoto.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Área de estudo e amostragem

Foram coletadas folhas de 302 indivíduos distribuídos em 13 locais de coleta nos estados da Bahia, Goiás, Maranhão e Tocantins (Tabela 1 e Figura 4). Durante a coleta, as folhas foram armazenadas em sacos plásticos contendo sílica gel esférica, para o transporte até o Laboratório de Genética & Biodiversidade da Universidade Federal de Goiás (LGBio/UFG). No laboratório, as folhas foram transferidas para tubos Falcon e armazenadas em freezers com temperatura de -80°C.

Tabela 1. Descrição das 13 populações amostradas de *Pterodon emarginatus* no Cerrado, evidenciando municípios de coleta, código da população, coordenadas geográficas (longitude e latitude) e número de indivíduos (N) por população.

Município	Código	Longitude	Latitude	N
Alto Paraíso – GO	PEMAPAGO	47° 52' 27"W	14° 12' 25"S	24
Alto Parnaíba – MA	PEMALPMA	46° 09' 59"W	09° 17' 10"S	24
Alvorada do Norte – GO	PEMANOGO	46° 36' 35"W	14° 35' 11"S	24
Araguaçu – TO	PEMARATO	49° 35' 21"W	12° 45' 15"S	24
Araguapaz – GO	PEMAPZGO	50° 33' 47"W	15° 05' 14"S	16
Cariri – TO	PEMCARTO	49° 09' 04"W	11° 51' 33"S	24
Carolina – MA	PEMCARMA	47° 26' 33"W	07° 05' 45"S	24
Luiz Eduardo Magalhães – BA	PEMLEMBA	45° 51' 20"W	12° 20' 23"S	22
Monte Alegre de Goiás – GO	PEMMAGGO	46° 45' 44"W	13° 08' 17"S	24
Nova Crixás – GO	PEMNCRGO	50° 19' 08"W	14° 04' 21"S	24
Nova Roselândia – TO	PEMNROTO	48° 54' 43"W	10° 38' 06"S	24
Porangatu – GO	PEMPORGO	49° 11' 45"W	13° 30' 51"S	24
Santa Rita do Novo Destino – GO	PEMSRNGO	49° 03' 07"W	14° 48' 47"S	24

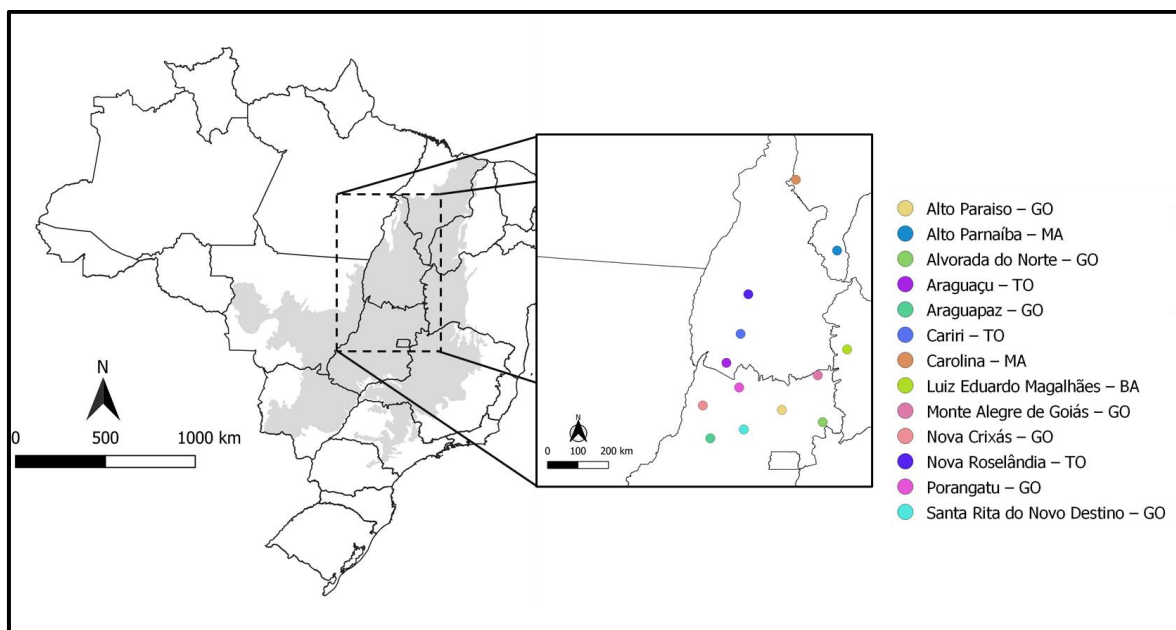


Figura 4. Mapa do Brasil indicando os pontos de coleta das 13 populações de *Pterodon emarginatus* no Cerrado (cujo território contínuo está marcado em cinza no mapa).

4.2. Extração do DNA genômico e quantificação

O DNA genômico foi extraído do tecido foliar segundo o protocolo de Doyle e Doyle (1987), que utiliza o detergente *Cationic hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide* 2% (CTAB). Esse protocolo consiste na maceração do material foliar, seguido pela ressuspensão do material macerado em solução CTAB 2% (Tris 100mM, pH8.0, EDTA 20mM, NaCl 1,4M, CTAB 2%, PVP 1% e água). Posteriormente é adicionado clorofórmio e álcool-isoamílico à solução e centrifugado para a separação dos ácidos nucleicos, dos demais compostos da solução. Em seguida, é adicionado isopropanol para a precipitação do DNA, posteriormente o DNA genômico é ressuspendido em uma solução de Tris-EDTA contendo RNase.

A quantificação do DNA total obtido foi realizada por meio de eletroforese horizontal. Para tanto, foi preparada uma solução contendo 4µL de tampão de carregamento e 3µL de DNA e, juntamente com os marcadores de massa molecular de DNA *Lambda* (λ) (10ng/µL, 20ng/µL, 50ng/µL, 100ng/µL, 200ng/µL), as soluções foram aplicadas ao gel de agarose a 1% preparado com uma solução de brometo de etídio e submetido a corrente elétrica. Os géis foram fotografados para a análise por comparação visual de bandas de DNA de cada indivíduo, com o marcador de massa molecular. O DNA genômico de cada indivíduo foi diluído para concentração de 2,5 ng/µL.

4.3. Identificação dos genótipos dos locos microssatélites

Foram utilizados 10 marcadores microssatélites transferidos de *Pterodon pubescens* para *P. emarginatus* por Melo (2018) (Tabela 2) e o protocolo da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) seguiu os padrões adotados pela autora desse trabalho. A detecção dos genótipos foi realizada pelo emprego de eletroforese capilar automatizada pelo analisador genético ABI-3500 (*Applied Biosystems*), utilizando primers marcados com fluorescência (Tabela 2). A genotipagem foi realizada em 2 sistemas multiplex (Tabela 2). A identificação dos genótipos individuais foi realizada pelo uso do programa *GeneMapper* 5 (*Applied Biosystems*).

Tabela 2. Características dos 10 marcadores desenvolvidos para *P. pubescens* e transferidos para *Pterodon emarginatus* em sistema Multiplex. Evidenciando o conjunto de pares de *primers*, o motivo de repetição (MR), sequências dos *primers* (forward e reverse), a fluorescência (FI) e temperatura de anelamento (TA) de cada par de *primer*, para as 13 populações.

Multiplex	Primer	MR	Sequência do <i>primer</i>	FI	TA
Multiplex 1	Pem 05	(AGCC) ₄	F: GAGCTTAAATAGCAGAAAGCAA R: ACAGTAGGGTTTGACTACGATG	6 FAM	54°C
	Pem 15	(AGGC) ₄	F: CTTTAGCTTAAATTGCCTTTCA R: ATACACCTTAACCGAATGTCAC	PET	54°C
	Pem 21	(AG) ₂	F: TAATACCATGTTAGCATCCTCC R: CATCACACTAGTGGTCTTGTTG	6 FAM	56°C
	Pem 24	(AG) ₂	F: CAATAGGAACATTATTCATGGG R: TCACAGGAAGCTTCTTTACAAC	NED	54°C
	Pem 26	(AG) ₂	F: TCTATAGTCCACTTGGCTTTGT R: AAATTACAATGAGCCATCAGAG	NED	56°C
Multiplex 2	Pem 10	(AAGG) ₄	F: GTTAGAAATAAATGAAGCGTCG R: AGGAAGAAGAAGTTAGTGGCTT	6 FAM	54°C
	Pem 18	(AG) ₂	F: GGGAGAGACGTAGAAATCATAA R: ATTCCGTATAAACTTACCCTCC	NED	54°C
	Pem 22	(AC) ₂	F: ATCCAAATTTGTTGGTATGTTG R: GCCAATAGAGGATAGGAGACAC	VIC	54°C
	Pem 23	(AG) ₂	F: CAAATCTATGCTCGCACTCTAT R: CACGCTTCAAATCAATATACTTT	6 FAM	54°C
	Pem 25	(AC) ₂	F: ACCCATTGTCATTATCACTTGT R: CTATCAGGCTATCAGCAGTCTC	PET	56°C

4.4. Análises Estatísticas

Para avaliar o poder de discriminação do conjunto de marcadores foram estimadas a Probabilidade de identidade (PI) e a Probabilidade de Exclusão de Paternidade (Q), com o uso do programa *Identity 4.0* (WAGNER; SEFC, 1999).

Os parâmetros de diversidade e estrutura genética, de heterozigosidade observada (H_O), número de alelos por loco polimórfico (A), diversidade genética de Nei (He), riqueza alélica (AR) e índices de fixação f , F e θ , propostos por Weir e Cockerham (1984) e as frequências alélicas (Apêndice B), foram estimados pelo programa *FSTAT 2.9.3* (GOUDET, 1995).

Para as mensurações de distância genética entre as populações, foram estimados os valores de F_{ST} par a par (WEIR; COCKERHAM, 1984), gerando assim, uma matriz de distâncias genéticas, a partir do uso do pacote *hierfstat* (GOUDET, 2005) do programa *R*. A matriz de distâncias genéticas foi utilizada para a construção de um dendrograma, construído pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com auxílio do pacote *ape* do *software R* (PARADIS; CLAUDE; STRIMMER, 2004). Também foi realizada a análise de agrupamento por método bayesiano no software *STRUCTURE 2.3.4* (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000). A estimação do número de grupos genéticos foi realizada através das estatísticas MedMedK, MedMeanK, MaxMedK e MaxMeaK segundo Puechmaille (2016), estimadas no programa *StructureSelector* (LI; LIU, 2018).

A matriz de distâncias geográficas foi obtida pelo cálculo das distâncias euclidianas entre as coordenadas geográficas das populações. Essa matriz foi correlacionada à matriz de distâncias genéticas pelo teste de Mantel, com o uso do pacote *Vegan* (OKSANEN et al., 2017) em ambiente *R*.

A identificação de descontinuidade genética entre as populações foi realizada com a aplicação do algoritmo de *Monmnier* com a utilização do pacote *Adegenet* (JOMBART et al., 2008). A identificação de populações prioritárias para conservação foi realizada através do algoritmo de *Greedy*, utilizando a função proposta por Diniz-Filho et al. (2016) em ambiente *R*.

5. RESULTADOS

Foram encontrados 159 alelos distribuídos em 10 locos, nos 302 indivíduos de *P. emarginatus* analisados (Apêndice A). O número médio de alelos por loco (*A*) foi igual a 15,9, variando de 7 (PEM 15) a 34 alelos (PEM 21) (Tabela 3), já a riqueza alélica (*AR*) média dos locos foi de 6,3. As medidas de heterozigosidade esperada por loco apresentaram variação de 0,599 (PEM 05) a 0,913 (PEM 21) com média de 0,729. A heterozigosidade observada média dos locos foi de 0,521, em que o loco PEM 22 apresentou menor valor ($H_O = 0,252$) e o loco PEM 21 o maior ($H_O = 0,871$).

Tabela 3. Estatísticas descritivas de diversidade genética relativas aos 10 locos microsatélites avaliados nas 13 populações de *Pterodon emarginatus* e seus respectivos Número de alelos por loco (*A*), Heterozigosidade esperada (*He*), Heterozigosidade observada (*Ho*) e Heterozigosidade máxima (*Hmáx*).

Loco	<i>A</i>	<i>He</i>	<i>Ho</i>	<i>Hmáx</i>
PEM 05	8	0,599	0,368	0,875
PEM 15	7	0,654	0,636	0,857
PEM 21	34	0,913	0,871	0,971
PEM 24	15	0,629	0,556	0,933
PEM 26	24	0,779	0,470	0,958
PEM 10	8	0,629	0,387	0,875
PEM 18	13	0,803	0,593	0,923
PEM 22	19	0,749	0,252	0,947
PEM 23	21	0,900	0,536	0,952
PEM 25	10	0,631	0,545	0,900
Média	15,9	0,729	0,521	0,919

Dentre os dez locos analisados, nenhum aderiu ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os locos PEM 26, PEM22 e PEM23 apresentaram maior quantidade de genótipos em desequilíbrio de ligação (Apêndice B). Apesar desses indícios de desvios aos princípios de aleatoriedade nesses locos, a bateria de marcadores exibiu boa capacidade de discriminação individual, pois a probabilidade de identidade foi baixa ($PI = 2,4109 \times 10^{-11}$)

e a probabilidade exclusão de paternidade foi alta ($Q = 0,9998$).

A população de Alvorada do Norte-GO (PEMANOGO) apresentou o maior índice de diversidade genética médio ($He = 0,702$), enquanto a população de Nova Crixás-GO (PEMNCRGO) apresentou o menor índice de diversidade genética ($He = 0,584$), (tabela 6). A heterozigosidade observada (Ho) apresentou média igual a 0,521, enquanto a heterozigosidade esperada (He) média foi igual a 0,654. Quase todas as populações apresentaram valores significativos de endogamia intrapopulacional ($f = 0,207$) (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas de diversidade genética relativas à 13 populações de *Pterodon emarginatus* avaliadas com dez locos microssatélites. Na tabela são apresentadas as estimativas de número médio de alelos por população (A), riqueza alélica (Ar), heterozigosidade esperada pelo equilíbrio de Hardy-Weinberg (He), heterozigosidade observada (Ho), índice de fixação intrapopulacional (f).

Populações	A	AR	He	Ho	f
PEMALPMA	7,6	6,594	0,670	0,579	0,138
PEMANOGO	7,5	6,634	0,702	0,558	0,208*
PEMAPAGO	6,2	5,463	0,651	0,463	0,294*
PEMAPZGO	6,0	6,000	0,611	0,494	0,197
PEMARATO	7,1	6,267	0,638	0,504	0,213*
PEMCARMA	6,9	6,147	0,658	0,517	0,219*
PEMCARTO	7,1	6,392	0,651	0,492	0,248*
PEMLEMBA	7,4	6,643	0,692	0,518	0,256*
PEMMAGGO	7,7	6,845	0,675	0,533	0,214*
PEMNCRGO	6,1	5,501	0,584	0,482	0,178*
PEMNROTO	6,5	5,979	0,663	0,504	0,244*
PEMPORGO	6,6	6,086	0,674	0,559	0,173*
PEMSRNGO	7,0	6,244	0,637	0,567	0,112
Média	6,9	6,215	0,654	0,521	0,207*

* Valor significativo ao nível de 5%

Foram encontrados cinco alelos privados com frequência acima de 0,05 nas populações (Tabela 5). Estes alelos estão presentes nas populações de Alto Parnaíba (PEMALPMA), Carolina (PEMCARMA) e Porangatu (PEMPORGO).

Tabela 5. Frequência e distribuição de alelos privados encontrados em 5 dos 10 locos em 5

populações de *Pterodon emarginatus* entre as 13 analisadas, que apresentaram frequência acima de 0,05.

Populações	Locos	Alelo	Frequência
PEMALPMA	PEM 23	308	0,063
PEMALPMA	PEM 26	362	0,104
PEMCARMA	PEM 24	204	0,167
PEMCARMA	PEM 10	186	0,167
PEMPORGO	PEM 10	198	0,417

As populações de *P. emarginatus* apresentaram alta endogamia decorrente do sistema reprodutivo ($f = 0,208$) e estrutura genética significativas ($\theta p = 0,104$), com índice de fixação em relação a população total ($F = 0,290$) também significativo (tabela 6) .

Tabela 6. Índices de fixação genética populacional por locos nas 13 populações de *P. emarginatus* analisadas.

Locos	f	θp	F
PEM 05	0,129	0,325	0,401
PEM 15	-0,010	0,038	0,031
PEM 21	0,019	0,028	0,049
PEM 24	0,037	0,081	0,122
PEM 26	0,378*	0,029	0,398
PEM 10	0,285*	0,144	0,392
PEM 18	0,132	0,156	0,271
PEM 22	0,591*	0,179	0,668
PEM 23	0,368*	0,057	0,407
PEM 25	0,120*	0,019	0,138
Overall	0,208*	0,101	0,290

*Valores significativos ao nível de 5%

A análise de agrupamento por métodos Bayesianos, indicou a formação de 6 grupos genéticos distintos (Figura 5). As populações de Araguapaz-GO (PEMAPZGO) e Nova Crixás-GO (PEMNCRGO) se agruparam e as populações de Carolina-MA (PEMCARMA) e Alto Parnaíba-MA (PEMALPMA) são as que mais se diferenciam das demais, devido aos indivíduos de cada uma destas populações serem alocados em dois grupos genéticos distintos.

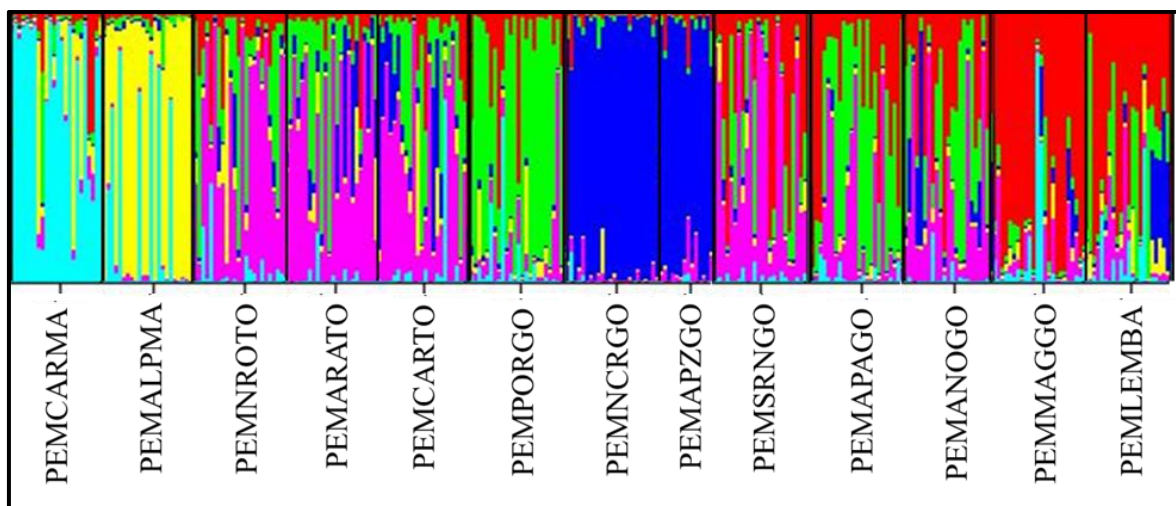


Figura 5. Gráfico de análise de agrupamento por método Bayesiano, evidenciando a formação de 6 grupos genéticos, destacados pelas cores amarelo, vermelho, azul marinho, azul claro, verde e rosa, das 13 populações *Pterodon emarginatus*, analisadas com 10 marcadores microssatélites.

A análise de divergência genética entre as populações (Apêndice C) demonstrou a formação de 3 grupos distintos e uma elevada semelhança genética entre as populações de Araguapaz-GO (PEMAPZGO) e Nova Crixás-GO (PEMNCRGO) (Figura 6).

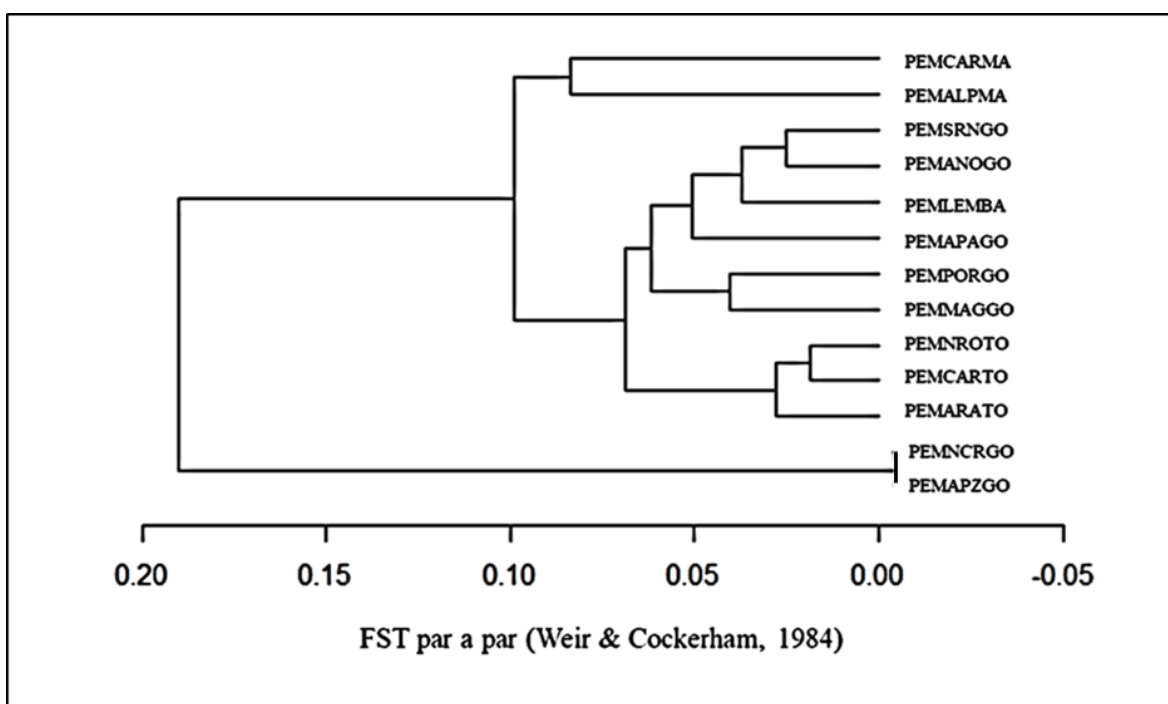


Figura 6. Dendrograma gerado a partir do método de agrupamento UPGMA utilizando a matriz de FST par a par em 13 populações de *P. emarginatus* a partir da utilização de 10 marcadores microssatélites. A correlação cofenética (0,904) foi significativa através do teste

de Mantel ($p = 9.9999 \times 10^{-6}$).

Não foi detectada correlação significativa entre as matrizes de distâncias geográficas e genéticas, indicando que os padrões de divergência genética das populações não são influenciados pelo espaço, conforme é possível visualizar no diagrama de dispersão de pontos (figura 7). Da mesma forma, o correlograma de Mantel não apresentou significância em nenhuma das classes de distâncias geográficas.

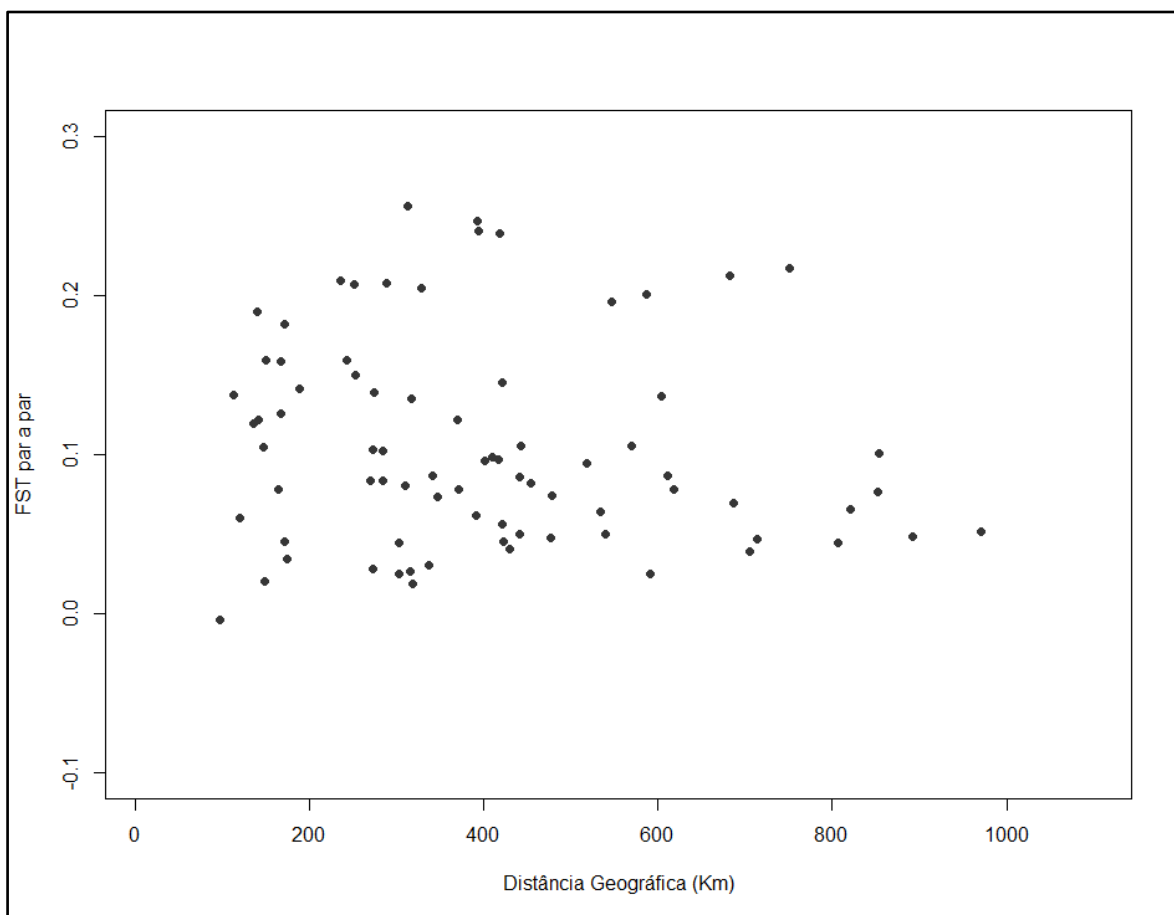


Figura 7. Correlação entre as distâncias geográficas e genéticas em 13 populações de *P. emarginatus* através da utilização de 10 marcadores microssatélites ($p = 0,745$).

A análise de descontinuidade genética revelou a existência de barreiras ao fluxo gênico entre as populações Porangatu-GO (PEMPORGO) e Alto Paraíso-GO (PEMAPAGO), Porangatu (PEMPORGO) e Santa Rita do Novo Destino (PEMSRNGO), Araguaçu-TO (PEMARATO) e Nova Crixás-GO (PEMNCRGO), Araguaçu-TO (PEMARATO) e Cariri-TO (PEMCARTO), conforme pode ser visualizado na figura 9.

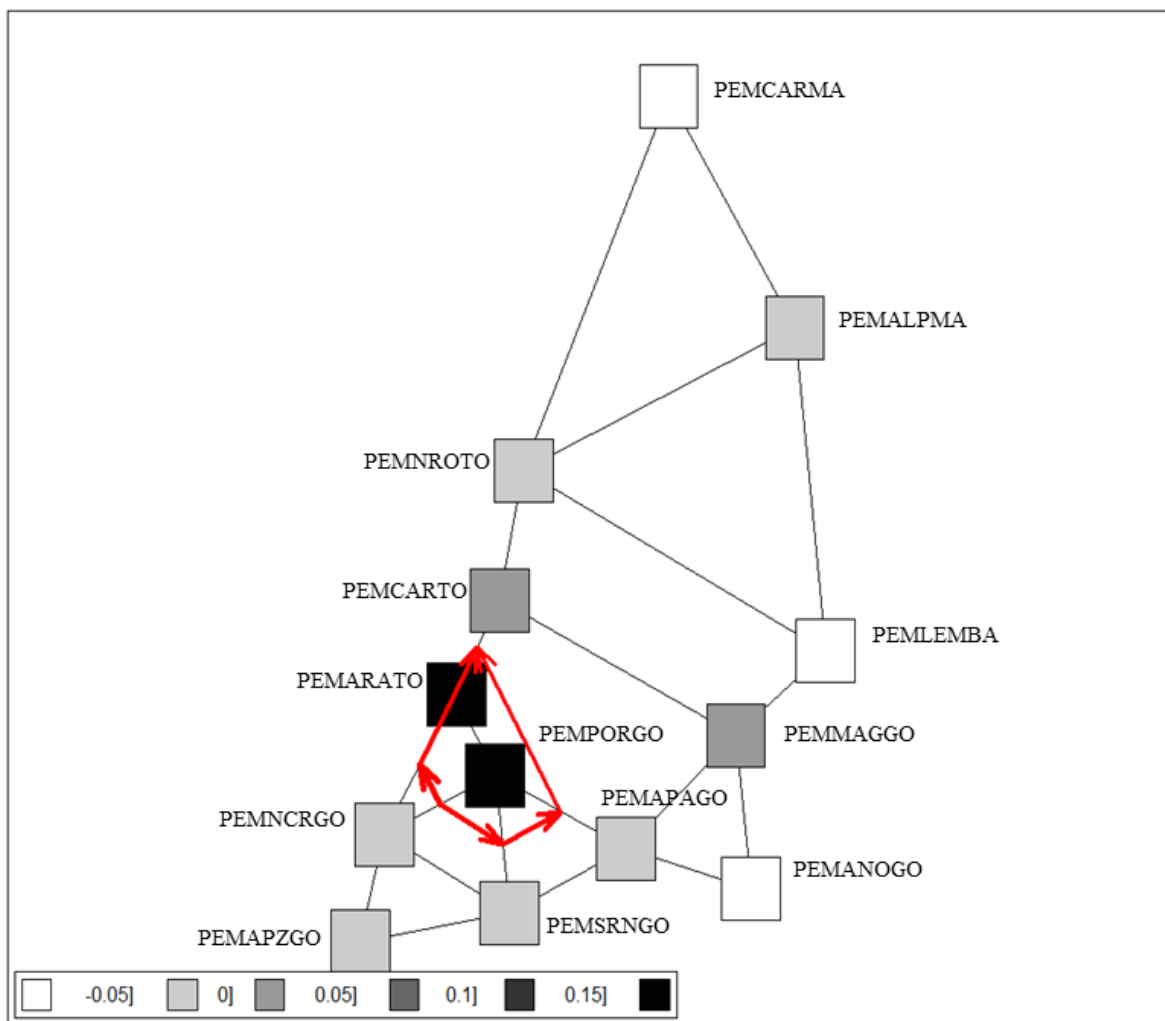


Figura 8. Identificação de descontinuidade genética (indicadas por setas vermelhas) através do algoritmo de Monmonier

O algoritmo *Greedy* apontou que as 13 populações amostradas são prioritárias para a conservação, indicando haver necessidade de amostrar todas as populações para assegurar a conservação de todos os alelos (Tabela 7). Também foi possível identificar que mais de 70% dos alelos podem ser encontrados em apenas três populações, que são as populações de Porangatu-GO (PEMPORGO), Monte Alegre de Goiás-GO (PEMMAGGO) e Carolina-MA (PEMCARMA).

Tabela 7. Ranking das 13 populações prioritárias de *P. emarginatus* para a conservação segundo o algoritmo greedy, avaliados a partir de 10 marcadores microsatélites

Corrida	NA	PP	PA	PAA
1	46	PEMPORGO	43.81	43.81
2	18	PEMMAGGO	17.14	60.95
3	11	PEMCARMA	10.48	71.43
4	8	PEMALPMA	07.62	79.05
5	6	PEMAPZGO	05.71	84.76
6	5	PEMAPAGO	04.76	89.52
7	3	PEMLEMBA	02.86	92.38
8	2	PEMSRNGO	01.90	94.29
9	2	PEMNCRGO	01.90	96.19
10	1	PEMNROTO	00.95	97.14
11	1	PEMCARTO	00.95	98.10
12	1	PEMARATO	00.95	99.05
13	1	PEMANOGO	00.95	100.00

NA = Número de alelos representados por população

PP = Populações

PA = Porcentagem de alelos representados por população

PAA = Porcentagem acumulada de alelos representados por população

6. DISCUSSÃO

Medidas de probabilidade de identidade e exclusão de paternidade são utilizadas para identificar a capacidade de discriminação individual da bateria de locos. Os valores encontrados no presente estudo ($PI = 2,4109 \times 10^{-11}$ e $Q = 0,9998$) indicam que os dez locos utilizados neste estudo são eficientes para estudos genético populacionais e discriminação individual. Santana (2014) obteve os valores de probabilidade de identidade ($PI = 1,497759 \times 10^{-6}$), e exclusão de paternidade ($Q = 0,981$), com uso de 9 marcadores microssatélites transferidos de *Phaseolus vulgaris* para populações de *Pterodon* ssp. Pinto (2017) encontrou valores semelhantes aos valores encontrados no presente estudo, com a probabilidade de identidade ($PI = 3,551 \times 10^{-8}$) e de exclusão de paternidade ($Q = 0,994$) em estudo de populações do gênero *Pterodon*, utilizando 3 marcadores desenvolvidos para *Dipteryx alata* e 3 marcadores desenvolvidos para *Phaseolus vulgaris*, ambos transferidos para *Pterodon* ssp. Os resultados obtidos no presente estudo indicam que a bateria de locos utilizada apresenta maior capacidade de distinção individual e de exclusão de falsa paternidade, em relação aos outros estudos com espécies do mesmo gênero, o que indica baixa influência dos alelos nulos sobre a qualidade dos locos utilizados.

Foram detectados muitos alelos por loco, com média de 15,9, variando entre 7 e 34 alelos por locos. Esta média de número de alelos por loco é superior ao encontrado por Santana (2014) que encontrou, em média, 5 alelos por loco, variando de 2 alelos a 13 alelos por loco, e Pinto (2017) que encontrou média de 7,7 alelos por loco, variando entre 4 a 22 alelos. A identificação de uma grande quantidade de alelos possibilita obter uma maior informação a respeito da distinção de indivíduos e de populações, o que torna os locos utilizados passíveis de utilização em uma ampla gama de estudos genético populacionais (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998).

Segundo Kalinowski (2004), a presença de alelos privados pode ser consequência do processo de amostragem de indivíduos. Entretanto, a presença destes alelos é útil na genética da conservação, pela identificação de populações com necessidade diferenciada de manejo uma vez que a presença de alelos privados pode ser uma medida simples de distinção entre grupos de indivíduos. Os 5 alelos privados encontrados, distribuídos em 3 populações, apresentaram baixa frequência, com exceção do alelo 198 (PEM 10) com frequência igual a 0,417, da população de Porangatu GO (PEMPORGO).

Wang et al., (2007) relatou em seu trabalho que a distribuição de alelos privados

apresenta relação significativa com o tamanho do alelo em questão, uma vez que é mais frequente de ser encontrados alelos privados quem possuem tamanhos extremos tanto comprimentos muito longos, quanto comprimentos muito curtos, em relação ao conjunto de demais alelos do loco de uma região microssatélite.

Compreender as medidas de diversidade genética de uma população é importante pois é a diversidade que assegura uma maior capacidade de sobrevivência das mesmas, em relação às pressões ambientais (ELLEGREN; GALTIER, 2016). As elevadas medidas de diversidade ($H_e = 0,654$) indicam que as populações observadas apresentam um alto potencial de sobrevivência. As medidas de diversidade genética encontradas por Santana (2014) e Pinto (2017), apresentaram médias de ($H_e = 0,563$) e ($H_e = 0,555$) respectivamente, em contraste à heterozigosidade esperada aqui obtida, que apresentou maior valor médio. Já os resultados encontrados por Melo (2018) ($H_e = 0,646$) são semelhantes aos resultados encontrados no presente estudo, indicando que o aumento no número de populações analisadas não resultou em grandes diferenças nos valores de diversidade genética.

Os valores encontrados para os índices de fixação intrapopulacional médio ($f = 0,207$) indicam que existe alta endogamia decorrente do sistema reprodutivo. Também foram encontrados elevados índices de endogamia global ($F = 0,290$). Tais valores diferem aos encontrados por Santana (2014) ($f = 0,144$; $F = 0,195$), Pinto (2017) ($f = 0,070$; $F = 0,138$) e Melo (2018) ($f = 0,108$), que em geral encontraram valores menores para tais índices. Os resultados aqui obtidos sugerem uma necessidade especial de observação dessas populações, uma vez que, a endogamia leva ao aumento da homozigosidade que por sua vez é capaz de expor os alelos deletérios a seleção natural (CHARLESWORTH; WILLIS, 2009; KARIYAT; STEPHENSON, 2019).

As populações avaliadas no presente estudo apresentaram estrutura genética populacional moderada ($\theta p = 104$), com valor um pouco mais alto do que os encontrados por Santana (2014) ($\theta p = 0,06$) e Pinto (2017) ($\theta p = 0,073$). Avaliar as medidas de estruturação genética em populações naturais de espécies vegetais, é uma importante forma de reconhecer os padrões de distribuição genética da espécie, assim como auxilia em estratégias de conservação da espécie (LIMA et al., 2015).

No presente estudo, não foram encontradas relações significativas entre a divergência genética e a distância geográfica, sugerindo aleatoriedade na distribuição espacial dos alelos nas populações. Os resultados encontrados, diferem dos encontrados por (PINTO, 2017), que identificou que parte da divergência genética entre as populações de seu

estudo eram decorrentes da distância geográfica das mesmas.

Foi possível identificar que as populações Araguaçu-TO (PEMARATO) e Porangatu-GO (PEMPORGO) se isolaram das demais, com presença de barreiras ao fluxo gênico. O algoritmo de *Monmonier* foi desenvolvido para visualização de tendência em dados contidos em matrizes, através de uma rede geométrica que conecta as populações através de triangulação de Delaunay (MANNI; GUÉRARD; HEYER, 2004). A identificação de barreiras nas populações centrais sugere a existência de fatores ambientais ou biológicos que inibem a dispersão e o fluxo gênico das populações em questão. Dentre esses fatores, as adaptações voltadas a dispersão de sementes por anemocoria presente nesta espécie, pode apresentar dificuldades devido a barreiras físicas (JANZEN, 1980; PAIVA et al., 2001; PINTO et al., 2014).

No presente estudo, não foi possível identificar um número mínimo de populações, menor do que o total, que contenham todos os alelos. Entretanto, foi possível identificar que são necessárias sete populações para a conservação de 92,38% dos alelos, sendo estas: Porangatu-GO (PEMPORGO), Monte Alegre de Goiás-GO (PEMMAGGO), Carolina-MA (PEMCARMA), Alto Parnaíba-MA (PEMALPMA), Araguapaz-GO (PEMAPZGO), Alto Paraíso-GO (PEMAPAGO) e Luiz Eduardo Magalhães-BA (PEMLEMBA). Identificar uma quantidade mínima de populações que representam toda ou grande parte da variabilidade genética conhecida de uma espécie, é útil para identificar as populações prioritárias para a conservação tanto “*ex situ*”, através da orientação para o estabelecimento de pontos de coleta, quanto em estratégias para definição de reservas biológicas na conservação “*in situ*” (DINIZ-FILHO et al., 2012). Em populações naturais é comum ser necessário muitas populações para representar todos os alelos, sendo possível em alguns casos não identificar um número mínimo de populações prioritárias para conservação (DINIZ-FILHO et al. 2016). Braga (2015) ao avaliar 30 populações de *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae), com a utilização de nove locos microssatélites, foi capaz de identificar 16 populações prioritárias para conservação. Sendo assim é importante ressaltar que apesar de não ser possível identificar um número mínimo de populações necessárias para a conservação do conjunto total de alelos, foi possível detectar a maior parte dos alelos se concentra em um pequeno grupo de populações, colocando-as em posição de destaque para medidas de manejo e conservação.

7. CONCLUSÕES

- As populações apresentaram altos níveis diversidade genética, estruturação genética populacional moderada e elevada endogamia decorrente do sistema reprodutivo.
- Foi possível identificar barreiras que restringem o fluxo gênico entre seis populações, de forma a isolar as populações de Araguaçu-TO e Porangatu GO.
- O resultado da análise de identificação de populações prioritárias, demonstrou serem necessárias todas as populações para amostrar todos os alelos detectados. Entretanto, sete populações são necessárias para conservar a maior parte desses alelos.

8. REFERÊNCIAS

- AGRA, M. F.; SILVA, K. N.; BASÍLIO, I. J. L. D.; FREITAS, P. F.; BARBOSA-FILHO, J. M. Survey of medicinal plants used in the region Northeast of Brazil. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, João Pessoa, v. 18, n. 3, p. 472–508, 2008.
- AMARAL, G. M.; FONTANA, C.; DE GASPER, A. L.; DE FREITAS, D. S.; SEVEGANANI, L. Aspectos da distribuição de Mimosoideae (Fabaceae) arbóreas no planalto de Santa Catarina, sul do Brasil. **Neotropical Biology and Conservation**, São Leopoldo, v. 10, n. 2, p. 74–84, 2015.
- AMINFAR, Z.; TOHIDFAR, M. In silico analysis of squalene synthase in Fabaceae family using bioinformatics tools. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, Egito, v. 16, n. 2, p. 739-747, 2018.
- AQUINO, F. D. G.; WALTER, B. M. T.; RIBEIRO, J. F. Espécies Vegetais de Uso Múltiplo em Reservas Legais de Cerrado-Balsas. **Revista Brasileira de Biociências**, Farroupilha, v. 5, n. 1, p. 147–149, 2007.
- AZANI, N. et al. A new subfamily classification of the leguminosae based on a taxonomically comprehensive phylogeny. **Taxon**, Washington, v. 66, n. 1, p. 44–77, 2017.
- BAVARESCO, O. S. A.; PEREIRA, I. C. P.; MELO, C. D.; LOBATO, F.; FALCAI, A.; BOMFIM, M. R. Q. Utilização popular da *Pterodon* spp no tratamento de doenças reumáticas. **Revista de Investigação Biomédica**, São Luís, v. 8, p. 81–91, 2016.
- BORGES, R. C. **Diversidade genética em sapucaia por meio de marcadores ISSR**. 2015. 71 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2015.
- BRAGA, R. S. **Genética geográfica de *Hymenaea stigonocarpa* (FABACEAE)**. 2015. 134 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agroonomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.
- BUENO, M. L.; OLIVEIRA - FILHO, A. T.; PANTARA, V.; POTT, A.; DAMASCENO - JUNIOR, G. A. Flora arbórea do Cerrado de Mato Grosso do Sul. **Iheringia - Serie Botanica**, Porto Alegre, v. 73, p. 53–64, 2018.
- CAMILLO, J et al. *Pterodon emarginatus* *Pterodon pubescens*. In: VIEIRA, R. F. C.; CAMILLO, U.; CORADIN, L (Ed). **Espécies Nativas da Flora Brasileira de Valor**

Econômico Atual ou Potencial Plantas para o Futuro - Região Centro-Oeste. 1. ed. Brasília - DF: BIODIVERSIDADE 44, 2016. p. 1–1162.

CARLSSON, J. Effects of microsatellite null alleles on assignment testing. **Journal of Heredity**, Reino Unido, v. 99, n. 6, p. 616–623, 2008.

CARVALHO, M. V.; MARCO, P. D.; FERREIRA, L. G. The Cerrado into-pieces : Habitat fragmentation as a function of landscape use in the savannas of central Brazil. **Biological Conservation**, v. 142, n. 7, p. 1392–1403, 2009.

CASTRO, R. S. D. **Variação genética quantitativa e estrutura populacional de *Hymenaea stigonocarpa* (Mart . ex Hayne) no cerrado.** 2016. 99 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2016.

CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J. H. The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics**, Londres, v. 10, n. 11, p. 783-796, 2009.

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

DE LIMA, R. A.; LOPES, M. T. G.; BENTES, J. L. S.; VALENTE, M. S. F.; PEREIRA, J. O.; MUNIZ, G. I. B. Diversidade e estrutura genética de *Senna reticulata*. **Floresta**, Curitiba, v. 45, n. 3, p. 507–514, 2015.

DE MEEÛS, T. Revisiting FIS, FST, Wahlund Effects, and Null Alleles. **Journal of Heredity**, Reino Unido, v. 109, n. 4, p. 446–456, 2018.

Diniz-Filho, J. A. F., Melo, D. B., de Oliveira, G., Collevatti, R. G., Soares, T. N., Nabout, J. C., ... & Loyola, R. D. (2012). Planning for optimal conservation of geographical genetic variability within species. **Conservation Genetics**, 13(4), 1085-1093.

DOĞAN, I.; DOĞAN, N. Statistical Measures for Genetic Differentiation: Review. **Turkiye Klinikleri Journal of Biostatistics**, Turquia, v. 8, n. 2, p. 180–186, 2016.

DOYLE, J. J; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, Los Angeles, v. 19, n. 1, p. 11–15, 1987.

DRYFLOR et al. Plant diversity patterns in neotropical dry forests and their conservation implications. **Science**, Nova Iorque, v. 353, n. 6306, p. 1383–1387, 2016.

DUTRA, R. C.; LEITE, M. N.; BARBOSA, N. R. Quantification of phenolic constituents and antioxidant activity of *Pterodon emarginatus* vogel seeds. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 9, n. 4, p. 606–614, 2008.

ELLEGREN, Hans; GALTIER, Nicolas. **Determinants of genetic diversity**. **Nature Reviews Genetics**. [S.l: s.n.]. , 2016

EXCOFFIER, L. Analysis of Population Subdivision. **Handbook of Statistical Genetics**, n. 1928, p. 980–1020, 2008.

FAJARDO, C. G.; VIEIRA, F. A.; MOLINA, W. F. Conservação Genética de Populações Naturais: Uma Revisão para Orchidaceae. **Biota Amazônia**, Macapá, v. 6, n. 3, p. 108–118, 2016.

FELFINI, J. M. et al. **Plantas da APA gama e cabeça de veado: espécies, ecossistemas e recuperação**. Brasília - DF: UNB, 2002.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores em análise genética**. 2-Ed. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1996. 220p.

Flora do Brasil 2020 under construction. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Available at: < <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/> >. Accessed on: 15 Oct. 2020

FORZZA, R. C. et al. New Brazilian Floristic List Highlights Conservation Challenges. **BioScience**, Uberlândia, v. 62, n. 1, p. 39–45, 2012.

GASPAR, R. O.; JUNIOR, I. M. L.; RODRIGUES, M. I.; ARAÚJO, J. B. C. N.; LOBÃO, M. S. Dendrocronologia na Análise do Crescimento em Diâmetro, Volume, Biomassa e Dióxido de Carbono no Cerrado. **Nativa**, Cuiabá, v. 4, n. 1, p. 48–52, 2016.

GOUDET, J. FSTAT (Version 1.2): A Computer Program to Calculate F-statistics. **Journal of Heredity**, Reino Unido, v. 86, n. 6, p. 485–486, 1995.

GOUDET, J. hierfstat, a package for r to compute and test hierarchical F-statistics. **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 1, p. 184–186, 2005.

GOULART, I.C.G.R.; MEROTTO JUNIOR, A.; NUNES, A. L.; BERED, F. Otimização da utilização de marcadores moleculares microsatélites e sua aplicação em estudos com plantas daninhas. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 29, n. spe, p. 1175–1181, 2011.

GRECCHI, R. C.; GWYN, Q. H. J.; BÉNIÉ, G. B.; FORMAGGIO, A. R. Assessing the spatio-temporal rates and patterns of land-use and land-cover changes in the Cerrados of southeastern Mato Grosso, Brazil. **International Journal of Remote Sensing**, Reino Unido, v. 34, n. 15, p. 5369–5392, 2013.

HANSEN, D.; HARAGUCHI, M.; ALONSO, A. Pharmaceutical properties of “sucupira” (*Pterodon* spp). **Brazilian Journal of Pharmaceutical Sciences**, São Paulo, v. 46, n. 4, p. 607–616, 2010.

HEYWOOD, J. S. Spatial analysis of genetic variation in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 22, n. 1, p. 335–355, 1991.

HUNKE, P.; MUELLER, E. N.; SCHRÖDER, B.; ZEILHOFER, P. The Brazilian Cerrado : assessment of water and soil degradation in catchments under intensive agricultural use. **Ecohydrology**, v. 8, n. 6, p. 1154-1180, 2015.

JANZEN D.H. **Ecologia vegetal nos trópicos**. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 1980.

JOMBART, Thibaut et al. Package ‘ adegenet ’. **Bioinformatics Application Note**, v. 24, n. 11, p. 1403–1405, 2008.

KAGEYAMA, P. Y. Conservação in situ de recursos genéticos de plantas. **Ipef**, Piracicaba, n. 35, p. 7-37, 1987.

KALINOWSKI, S. T. Counting alleles with rarefaction: Private alleles and hierarchical sampling designs. **Conservation Genetics**, Suíça, v. 5, n. 4, p. 539–543, 2004.

KARIYAT, R. R.; STEPHENSON, A. G. Inbreeding depression: it’s not just for population biologists. **American Journal of Botany**, v. 106, n. 3, p. 331-333, 2019.

KELLY, A. C.; MATEUS-PINILLA, N. E.; DOUGLAS, M.; SHELTON, P.; NOVAKOFSKI, J. Microsatellites behaving badly: Empirical evaluation of genotyping errors and subsequent impacts on population studies. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 10, n. 4, p. 2534–2553, 2011.

KLINK, C. A.; MACHADO, R. B. A conservação do Cerrado brasileiro. **Megadiversidade**, Belo Horizonte, v. 1, n. 1, p. 147–155, 2005.

KUMAR YADAV, A.; TOMAR, S. S.; JHA, A. K.; SINGH, J. Importance of Molecular Markers in Livestock Improvement: A Review. **International Journal of Agriculture Innovations and Research**, Bhopal, v. 5, n. 4, p. 2319–1473, 2017.

LAVANHOLE, D. F. **Ecofisiologia de germinação de theobroma ecofisiologia de germinação de *Theobroma cacao* L.** 2018. 58 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória, 2018.

LEMOS, C. A.; VAGENAS, D. N. F.; VAZ-DOS-SANTOS, A. M. Uso de técnicas moleculares para análise da variação geográfica em clupeídeos: revisão de metodologias, síntese de conceitos e aplicabilidade. **Revista Ceciliana**, Santos, v. 4, n. 2, p. 94–97, 2012.

LEWIS, G.; SCHRIRE, B.; MACKINDER, B. & LOCK, M. **Legumes of the world**. [S.l.]: Kew, Royal Botanic Gardens, 2005.

- LEWIS, Gwilym P. **Legumes of Bahia**. Richmond, England: Royal Botanic Gardens, 1987.
- LI, Y. L.; LIU, J. X. StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. **Molecular Ecology Resources**, Reino Unido, v. 18, n. 1, p. 176-177, 2018.
- LIMA, Raquel Alencar et al. Diversidade e estrutura genética de *Senna reticulata*. **Floresta**, v. 45, n. 3, p. 507-514, 2015.
- LIMA, H.C.; LIMA, I.B. **Pterodon in Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>>. Acesso em: 15 jul. 2019.
- LIMA, I. L. P.; SCARIOT, A.; MEDEIROS, M. B.; SEVILHA, A. C. Diversidade e uso de plantas do cerrado em comunidade de geraizeiros no norte do estado de Minas Gerais, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, Cáceres, v. 26, n. 3, p. 675-684, 2012.
- LOBATO, J. N.; SOUZA AZEVEDO, R. C.; CORREA, E. J. A.; PARREIRA, A. G.; ALVES, S. N.; SILVA, A. F. Cerrado Brazilian Biome : Characterization and Importance. **International Invention of Scientific Journal**, Mayur, v. 01, n. 1, p. 1–5, 2017.
- LOPES, A. S.; AYARZA, M.; THOMAS, R. J. Managing and conserving acid savanna soils for agricultural development: Lessons from the Brazilian Cerrados. In: **Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) International Center for Tropical Agriculture Apartado Aéreo 6713**, v. 70770, p. 11, 2004.
- LORENZI, H. **Arvores brasileiras: manual de identificacao e cultivo de plantas arboreas do Brasil**. Nova Odessa: Plantarum. [S.l: s.n.]. , 1998
- 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.
- MA, L.; Ji, Y. J.; ZHANG, D. X. Statistical measures of genetic differentiation of populations: Rationales, history and current states. **Current Zoology**, Reino Unido, v. 61, n. 5, p. 886–896, 2015.
- MACHADO, M. S. L.; BRUNO, K. A.; MELO, M. O.; KOIKE, M. K. Fitoterapia brasileira : análise dos efeitos biológicos da sucupira (*Bowdichia virgilioides* e *Pterodon emarginatus*). **Brazilian Journal of Natural Sciences**, São Paulo, v. 2, n. 1, 2018.
- MANEL, S.; SCHWARTZ, M. K.; LUIKART, G.; TABERLET, P. Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, n. 4, p. 189-197, 2003.
- MANNI, Franz; GUÉRARD, Etienne; HEYER, Evelyne. Geographic patterns of (genetic,

morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by using Monmonier's algorithm. **Human biology**, p. 173-190, 2004.

MARRIS, Emma. **The forgotten ecosystem**. **Nature**. [S.l: s.n.]. , 2005

MATOS, P. S; NASCIMENTO, R. S. M.; ARAÚJO, G. P.; CERQUEIRA, R. C.; REIS, AT. T. C. C. Superação de Dormência Tegumentar em Sementes Leguminosae (Papilionoideae). **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v. 5, n. 2, p. 720–722, 2007.

MATOS-OLIVEIRA, C. F.; DIAS, C. S.; SANTOS, E. S L.; CERQUEIRA-SILVA, C. B. M. Caracterização e seleção de regiões ISSR para análise genético- populacional de *Atta sexdens*. **Multi-Science Journal**, Goiânia, v. 1, n. 9, p. 4–6, 2018.

MELO, Priscila Z E I. **UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E TAMANHO GENÔMICO E MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA *Pterodon pubescens* E *Pterodon emarginatus* (Leguminosae)**. 2018. 1-61 f. 2018.

MIGUÉIS, Graciela da Silva; GOMIDES, Núbia Alves Mariano Teixeira Pires; NETO, Germano Guarim. Espécies Fabacea Papilionoideae ocorrentes no estado de Mato Grosso. **Biodiversidade**, v. 14, n. 3, p. 94–116, 2015.

OKSANEN, Jari et al. Package “vegan”: Community Ecology Package. **R package version 2.4-4**, p. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>, 2017. Disponível em: <<https://github.com/vegandevs/vegan/issues%0Ahttps://github.com/vegandevs/vegan>>.

OLIVEIRA, D. M.; PAIVA, E. A. Anatomy and ontogeny of *Pterodon emarginatus* (Fabaceae: Faboideae) seed. **Brazilian journal of biology = Revista brasleira de biologia**, v. 65, n. 3, p. 483–494, 2005.

PAIVA, João Rodrigues de. CONSERVAÇÃO Ex Situ DE RECURSOS GENÉTICOS DE PLANTAS NA REGIÃO TROPICAL ÚMIDA. **Acta Amazonica**, v. 24, n. 1–2, p. 63–80, 1994.

PARADIS, Emmanuel; CLAUDE, Julien; STRIMMER, Korbinian. APE: An R package for analyses of phylogenetics and evolution. **Bioinformatics**, v. 20, n. 2, p. 289–290, 2004.

PEARSE, Devon E; CRANDALL, Keith A. Beyond F ST : Analysis of population genetic data for conservation. p. 585–602, 2004.

PETIT, Rémy J; EXCOFFIER, Laurent. Gene flow and species delimitation. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 24, n. 7, p. 386–393, 2009. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/B6VJ1-4W6X26P-6/2/bff1514e6cca307eeebb3f22617b1dae>>.

- PETKOVA, D.; NOVEMBRE, J.; STEPHENS, M. Visualizing spatial population structure with estimated effective migration surfaces. **Nature Genetics**, v. 48, n. 1, p. 94–100, 2015.
- PINTO, MARCOS VINÍCIUS PEREIRA. **DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE PTERODON EMARGINATUS VOGEL (LEGUMINOSAE)**. 2017. 52 f. UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS, 2017.
- PRITCHARD, Jonathan K.; STEPHENS, Matthew; DONNELLY, Peter. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945–959, 2000.
- PUECHMAILLE, Sebastien J. The program structure does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven: subsampling and new estimators alleviate the problem. **Molecular ecology resources**, v. 16, n. 3, p. 608–627, 2016.
- RATTER, J. A.; RIBEIRO, J. F.; BRIDGEWATER, S. The Brazilian cerrado vegetation and threats to its biodiversity. **Annals of Botany**, v. 80, n. 3, p. 223–230, 1997.
- REDO, Daniel; AIDE, T. Mitchell; CLARK, Matthew L. Vegetation change in Brazil's dryland ecoregions and the relationship to crop production and environmental factors: Cerrado, Caatinga, and Mato Grosso, 2001–2009. **Journal of Land Use Science**, v. 8, n. 2, p. 123–153, 2013.
- REYNOLDS, Jason et al. Using Remote Sensing and Random Forest to Assess the Conservation Status of Critical Cerrado Habitats. 2016.
- RIBEIRO, J F; WALTER, Bruno M. T. As principais fitofisionomias do bioma Cerrado. **Cerrado Ecol. e flora**. [S.l: s.n.], 2008. p. 152–212.
- RITZ, L. R. et al. Phylogenetic analysis of the tribe Bovini using microsatellites. **Animal Genetics**, v. 31, n. 3, p. 178–185, 2000.
- ROCHA, Dulce Maria Sucena da. **Aspectos taxonomicos, geneticos e reprodutivos de Pterodon pubescens(Benth.)Benth., e P. emarginatus Vog.(leguminosae, Dipteyxae)**. 2006. 2006.
- SANO, Edson Eyji et al. Mapeamento semidetalhado do uso da terra do Bioma Cerrado. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 43, n. 1, p. 153–156, 2008.
- SANTANA, Ariane Rolins. **TRANSFERIBILIDADE E DESENVOLVIMENTO DE SISTEMA MULTIPLEX DE GENOTIPAGEM DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA Pterodon emarginatus Vogel (FABACEAE) Orientador**. 2014. 1–61 f. Universidade Federal de Goiás, 2014.

SANTOS, Alexandre P. et al. Composição química, atividade antimicrobiana do óleo essencial e ocorrência de esteróides nas folhas de *Pterodon emarginatus* Vogel, Fabaceae. **Brazilian Journal of Pharmacognosy**, v. 20, n. 6, p. 891–896, 2010.

SARTORETTO, Laudete Maria; FARIAS, Paulo Celso Mello. Diversidade genética e técnicas biotecnológicas. **Unoesc & Ciência**, v. 1, n. 2, p. 155–162, 2010.

SCHNEIDER, David M.; MARTINS, Ayana B.; DE AGUIAR, Marcus A.M. The mutation-drift balance in spatially structured populations. **Journal of Theoretical Biology**, v. 402, p. 9–17, 2016.

SCHNEIDER, T. et al. Biologia molecular aplicada à ciência das plantas daninhas. **Revista Brasileira de Herbicidas**, v. 17, n. 1, p. 12–24, 2018.

SILVA, Nayla Fernanda et al. Leaflet anatomy of the Dipterygeae clade (Faboideae: Fabaceae): Evolutionary implications and systematics. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 187, n. 1, p. 99–117, 2018.

SOKAL RR AND WARTENBERG DE (1983) A test of spatial autocorrelation analysis using an isolation-by-distance model. **Genetics** 105:219-237.

SØNSTEBØ, J. H.; BORGSTRØM, R.; HEUN, M. A comparison of AFLPs and microsatellites to identify the population structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) populations from Hardangervidda, Norway. **Molecular Ecology**, v. 16, n. 7, p. 1427–1438, 2007.

SOUZA, D.C.L. Técnicas moleculares para caracterização e conservação de plantas medicinais e aromáticas: uma revisão. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v. 17, n. 3, p. 495–503, 2015.

SOUZA, Uéric José Alves de; TELLES, Mariana Pires De Campos; DINIZ-FILHO, José Alexandre Felizola. Tendências da literatura científica sobre genética de populações de plantas do Cerrado. **Hoehnea**, v. 43, n. 3, p. 461–477, 2016.

STRASSBURG, Bernardo B N et al. Moment of truth for the Cerrado hotspot. v. 0099, n. March, p. 13–15, 2017.

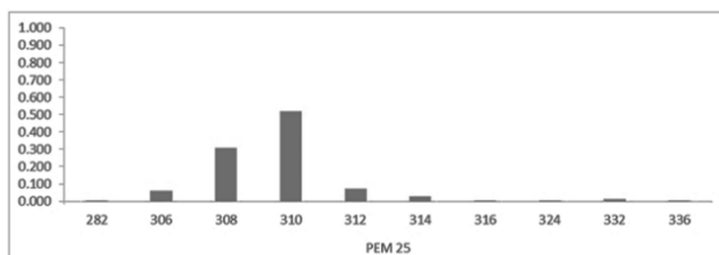
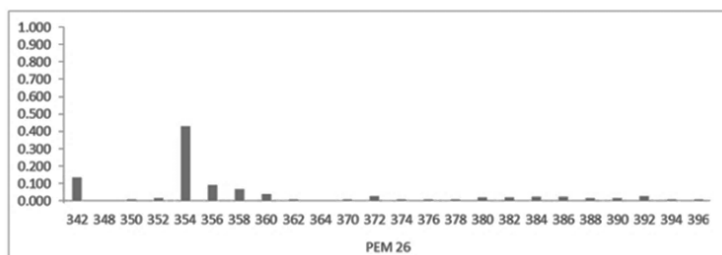
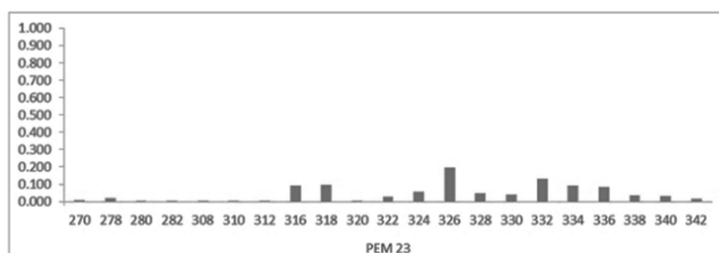
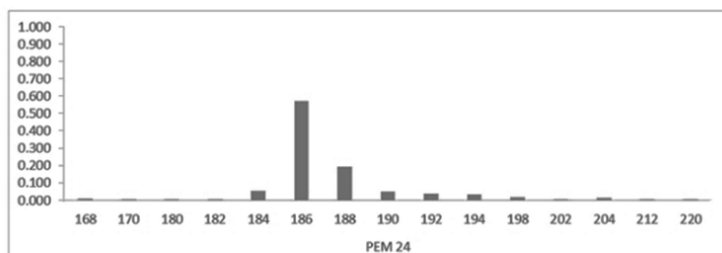
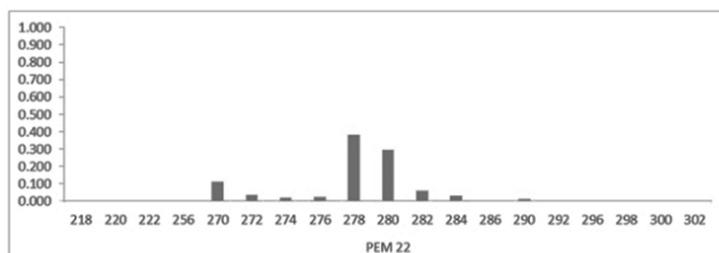
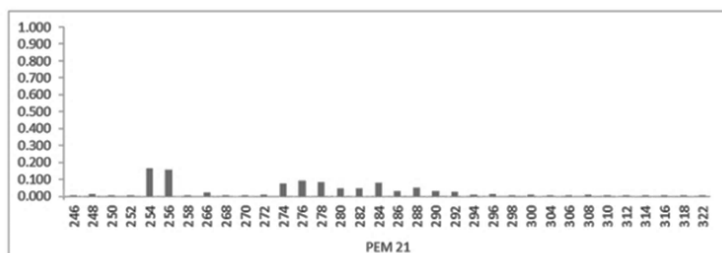
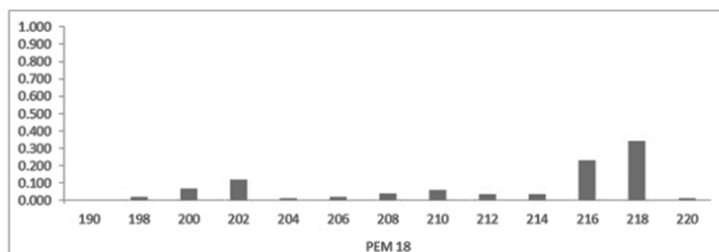
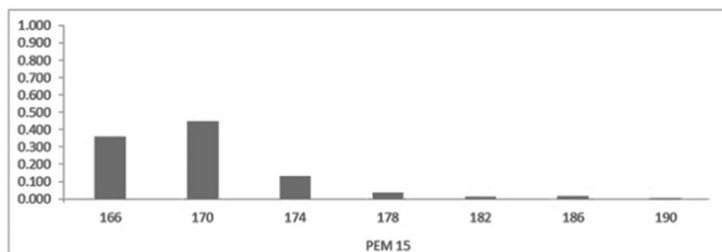
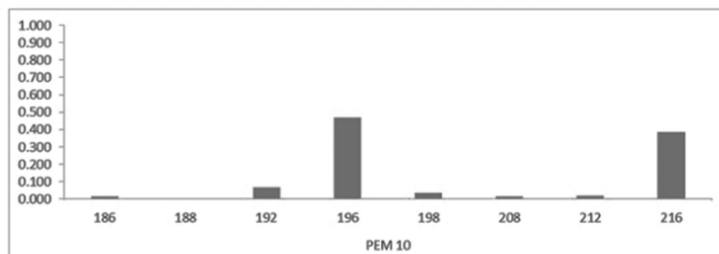
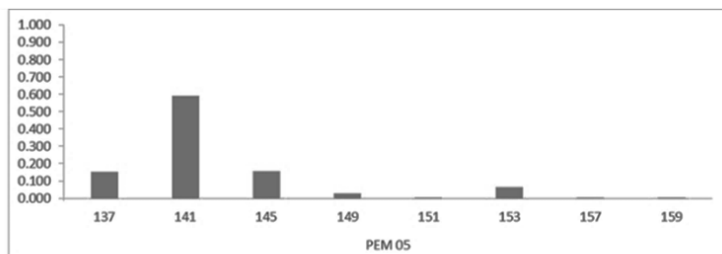
TELLES, Mariana Pires de Campos et al. Estrutura genética em populações naturais de *tibouchina papyrus* (pau-papel) em áreas de campo rupestre no cerrado. **Revista Brasileira de Botanica**, v. 33, n. 2, p. 291–300, 2010.

THOMAS, Naicy; ANILKUMAR, K. Genetic characteristics of five microsatellite markers associated with milk production traits in crossbred Dairy Cattle of Kerala. **Veterinary World**, v. 1, n. 8, p. 245–247, 2008.

- TURCHETTO-ZOLET, A. C. et al. **Marcadores Moleculares na Era Genômica : Metodologias e Aplicações**. 1. ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017.
- VAN OOSTERHOUT, Cock et al. MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Molecular Ecology Notes**, v. 4, n. 3, p. 535–538, 2004.
- WAGNER, H.W.; SEFC, K.M. **Identity 4.0**. . Vienna: Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences. , 1999
- WANG, Sijia et al. Genetic variation and population structure in Native Americans. **PLoS Genetics**, v. 3, n. 11, p. 2049–2067, 2007.
- WEIR, B S; COCKERHAM, C Clark. Atistics for the analysis of population structure. v. 38, n. 6, p. 1358–1370, 1984.

9. APÊNDICES

Apêndice A. Gráficos de frequências alélicas por loco obtidas em 13 populações de *P. emarginatus* através de 10 locos microssatélites



Apêndice B. Resultado dos testes de desequilíbrio de ligação por loco e por população.

PEMALPMA

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,001*	0,013*	0,007*	0,000*	0,034*	0,008*	0,000*	0,000*	0,069
PEM 15	-	-	0,421	0,620	0,009*	0,315	0,039*	0,003*	0,004*	0,625
PEM 21	-	-	-	0,865	0,071	0,467	0,720	0,019*	0,022*	0,991
PEM 24	-	-	-	-	0,149	0,539	0,539	0,039*	0,019*	0,995
PEM 26	-	-	-	-	-	0,024*	0,015*	0,000*	0,000*	0,320
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,140	0,001*	0,018*	0,592
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,008*	0,001*	0,506
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,033*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,084
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMANOGO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,840	0,825	0,267	0,000*	0,682	0,952	0,000*	0,196	0,767
PEM 15	-	-	0,194	0,181	0,000*	0,162	0,470	0,000*	0,001*	0,378
PEM 21	-	-	-	0,363	0,000*	0,192	0,393	0,000*	0,005*	0,230
PEM 24	-	-	-	-	0,000*	0,036*	0,036*	0,000*	0,001*	0,237
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,161	0,000*	0,000*	0,076
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,023*	0,409
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,002*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMAPAGO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,030*	0,065	0,023*	0,000*	0,182	0,344	0,000*	0,000*	0,019*
PEM 15	-	-	0,037*	0,005*	0,000*	0,067	0,337	0,000*	0,000*	0,001*
PEM 21	-	-	-	0,029*	0,000*	0,066	0,081	0,000*	0,001*	0,005*
PEM 24	-	-	-	-	0,000*	0,017*	0,017*	0,000*	0,000*	0,001*
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,254	0,000*	0,001*	0,006*
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,013*	0,160
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,002*

PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
--------	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Valor significativo ao nível de 5%

PEMAPZGO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,367	0,519	0,675	0,005*	0,001*	0,035*	0,001*	0,011*	0,318
PEM 15	-	-	0,933	0,890	0,200	0,015*	0,029*	0,029*	0,126	0,742
PEM 21	-	-	-	0,400	0,004*	0,002*	0,205	0,001*	0,016*	0,885
PEM 24	-	-	-	-	0,001*	0,032*	0,032*	0,093	0,011*	0,888
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,002*	0,000*	0,000*	0,091
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*	0,020*
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,009*	0,002*	0,069
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,013*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,233
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMARATO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,409	0,303	0,329	0,001*	0,440	0,162	0,193	0,000*	0,164
PEM 15	-	-	0,495	0,793	0,002*	0,645	0,080	0,577	0,000*	0,268
PEM 21	-	-	-	0,766	0,000*	0,305	0,065	0,082	0,000*	0,077
PEM 24	-	-	-	-	0,000*	0,315	0,315	0,079	0,000*	0,079
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,044*	0,142	0,000*	0,324
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,025*	0,000*	0,043*
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,100
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMCARMA

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,292	0,092	0,376	0,000*	0,000*	0,003*	0,001*	0,000*	0,363
PEM 15	-	-	0,784	0,881	0,005*	0,001*	0,437	0,001*	0,065	1,000
PEM 21	-	-	-	0,391	0,000*	0,003*	0,024*	0,000*	0,000*	0,349
PEM 24	-	-	-	-	0,005*	0,012*	0,012*	0,001*	0,001*	0,942
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*	0,022*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,001*	0,000*	0,000*	0,016*
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,264

PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,002*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMCARTO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,874	0,205	0,059	0,008*	0,313	0,000*	0,000*	0,000*	0,537
PEM 15	-	-	0,450	0,381	0,096	0,357	0,017*	0,001*	0,000*	0,112
PEM 21	-	-	-	0,038*	0,001*	0,060	0,000*	0,000*	0,000*	0,167
PEM 24	-	-	-	-	0,001*	0,107	0,107	0,000*	0,000*	0,324
PEM 26	-	-	-	-	-	0,003*	0,000*	0,000*	0,000*	0,002*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*	0,478
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,003*
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMLEMBA

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,000*	0,000*	0,006*	0,000*	0,004*	0,018*	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 15	-	-	0,165	0,162	0,004*	0,500	0,276	0,000*	0,005*	0,003*
PEM 21	-	-	-	0,115	0,001*	0,044*	0,707	0,000*	0,001*	0,000*
PEM 24	-	-	-	-	0,010*	0,568	0,568	0,000*	0,008*	0,001*
PEM 26	-	-	-	-	-	0,003*	0,136	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,552	0,000*	0,001*	0,001*
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,001*	0,102	0,016*
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMMAGGO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,309	0,474	0,565	0,006*	0,031*	0,557	0,018*	0,000*	0,286
PEM 15	-	-	0,722	0,194	0,060	0,031*	0,636	0,031*	0,000*	0,824
PEM 21	-	-	-	0,072	0,001*	0,003*	0,363	0,000*	0,000*	0,027*
PEM 24	-	-	-	-	0,001*	0,010*	0,010*	0,002*	0,000*	0,073
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,037*	0,000*	0,000*	0,010*

PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,013*	0,000*	0,000*	0,001*
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,003*	0,000*	0,384
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,002*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMNCRGO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,768	0,973	0,345	0,000*	0,052	0,461	0,011*	0,000*	0,208
PEM 15	-	-	0,887	0,761	0,002*	0,222	0,327	0,046*	0,021*	0,331
PEM 21	-	-	-	0,876	0,023*	0,350	0,427	0,078	0,001*	0,581
PEM 24	-	-	-	-	0,008*	0,171	0,171	0,036*	0,000*	0,403
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,029*	0,000*	0,000*	0,005*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,109	0,000*	0,000*	0,373
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,009*	0,001*	0,435
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,024*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,001*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMNROTO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,475	0,781	0,369	0,006*	0,197	0,027*	0,003*	0,000*	0,062
PEM 15	-	-	0,402	0,286	0,002*	0,150	0,004*	0,000*	0,000*	0,044*
PEM 21	-	-	-	0,589	0,003*	0,499	0,008*	0,000*	0,000*	0,370
PEM 24	-	-	-	-	0,019*	0,598	0,598	0,007*	0,000*	0,249
PEM 26	-	-	-	-	-	0,017*	0,001*	0,000*	0,000*	0,001*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,018*	0,000*	0,000*	0,109
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMPORGO

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,321	0,162	0,268	0,045*	0,000*	0,239	0,000*	0,011*	0,032*
PEM 15	-	-	0,558	0,393	0,074	0,001*	0,773	0,000*	0,013*	0,163

PEM 21	-	-	-	0,708	0,219	0,000*	0,641	0,000*	0,029*	0,130
PEM 24	-	-	-	-	0,287	0,000*	0,000*	0,000*	0,179	0,138
PEM 26	-	-	-	-	-	0,000*	0,686	0,000*	0,004*	0,020*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,001*	0,000*	0,000*	0,000*
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,001*	0,161	0,365
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,005*
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Valor significativo ao nível de 5%

PEMSRNT0

	PEM 05	PEM 15	PEM 21	PEM 24	PEM 26	PEM 10	PEM 18	PEM 22	PEM 23	PEM 25
PEM 05	-	0,923	0,675	0,988	0,056	0,832	0,860	0,007*	0,341	0,241
PEM 15	-	-	0,206	0,821	0,008*	0,485	0,204	0,014*	0,329	0,356
PEM 21	-	-	-	0,937	0,005*	0,044*	0,200	0,000*	0,214	0,217
PEM 24	-	-	-	-	0,026*	0,417	0,417	0,040*	0,839	0,461
PEM 26	-	-	-	-	-	0,006*	0,004*	0,000*	0,003*	0,012*
PEM 10	-	-	-	-	-	-	0,268	0,000*	0,213	0,121
PEM 18	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,068	0,475
PEM 22	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000*	0,000*
PEM 23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,355
PEM 25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

* Valor significativo ao nível de 5%

Apêndice C. Matriz de F_{ST} par a par estimado segundo Weir & Cockerham (1984), para as 13 populações de *P. emarginatus*, com a utilização de 10 locos microssatélites.

	PEMALPMA	PEMANOGO	PEMAPAGO	PEMAPZGO	PEMARATO	PEMCARMA	PEMCARTO	PEMLEMBA	PEMMAGGO	PEMNCRGO	PEMNROTO	PEMPORGO	PEMSRNT0
PEMALPMA	-	0,105	0,105	0,246	0,145	0,084	0,126	0,097	0,095	0,256	0,103	0,101	0,136
PEMANOGO	0,105	-	0,027	0,150	0,045	0,080	0,035	0,028	0,045	0,158	0,021	0,045	0,025
PEMAPAGO	0,105	0,027	-	0,207	0,096	0,087	0,074	0,060	0,050	0,209	0,045	0,052	0,066
PEMAPZGO	0,246	0,150	0,207	-	0,137	0,239	0,135	0,182	0,207	-0,004	0,159	0,212	0,196
PEMARATO	0,145	0,045	0,096	0,137	-	0,121	0,025	0,103	0,122	0,141	0,030	0,105	0,050
PEMCARMA	0,084	0,080	0,087	0,239	0,121	-	0,120	0,064	0,062	0,241	0,082	0,078	0,073
PEMCARTO	0,126	0,035	0,074	0,135	0,025	0,120	-	0,099	0,078	0,139	0,019	0,070	0,086
PEMLEMBA	0,097	0,028	0,060	0,182	0,103	0,064	0,099	-	0,056	0,190	0,078	0,076	0,047
PEMMAGGO	0,095	0,045	0,050	0,207	0,122	0,062	0,078	0,056	-	0,204	0,048	0,040	0,087
PEMNCRGO	0,256	0,158	0,209	-0,004	0,141	0,241	0,139	0,190	0,204	-	0,160	0,217	0,201
PEMNROTO	0,103	0,021	0,045	0,159	0,030	0,082	0,019	0,078	0,048	0,160	-	0,049	0,039
PEMPORGO	0,101	0,045	0,052	0,212	0,105	0,078	0,070	0,076	0,040	0,217	0,049	-	0,084
PEMSRNT0	0,136	0,025	0,066	0,196	0,050	0,073	0,086	0,047	0,087	0,201	0,039	0,084	-