



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS - UFG
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE MESTRADO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO

MODELAGEM DE NICHOS EM ESPÉCIES DE PLANTAS DO CERRADO E DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DA VARIABILIDADE GENÉTICA

Fábio André G. S. Cavalcanti

Goiânia/GO
2010



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS - UFG
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE MESTRADO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO

MODELAGEM DE NICHOS EM ESPÉCIES DE PLANTAS DO CERRADO E DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DA VARIABILIDADE GENÉTICA

Fábio André G. S. Cavalcanti

Dissertação apresentada ao Departamento de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre, no Programa de Pós Graduação em Ecologia e Evolução.

Orientadora: Dr^a. E Prof^a. Mariana Pires
de Campos Telles

Co-Orientador: Dr^o. João Carlos Nabout

Goiânia/GO
2010

Nunca me deixe esquecer
Que tudo que tenho e sou
Vem de ti, Senhor....

Agradecimentos

Primeiramente, a DEUS que me deu a oportunidade de viver e tem cuidado de mim nos mínimos detalhes. A este DEUS maravilhoso que fez o impossível para que eu pudesse realizar um grande sonho da minha vida. Sempre me guardando nas idas e vindas de Brasília a Goiânia, me dando força a cada manhã e me livrando de todo mal. Obrigado Senhor!!!

A minha família, Tina, Aray e Marco, que sempre me apoiaram e me incentivaram em todas as horas. Aos incentivos e conselhos sábios que me fortaleciam e me dava vontade de caminhar cada vez mais. Pai e Mãe se eu me tornar a metade do que vocês foram para mim já me tornarei uma pessoa muito vitoriosa. Meu irmão obrigado por sempre me fortalecer nas minhas conquistas. Saiba que a maior parte deste título acadêmico pertence a vocês....

Em especial, a minha professora e orientadora Dra. Mariana Telles por ter acreditado em meu trabalho, dando-me a oportunidade de participar deste programa e poder integrar sua equipe. Autonomia e liberdade sempre foram confiadas a mim... Além do mais pelos ensinamentos de carinho, dedicação, paciência, amor ao que faz, profissionalismo de como um bom orientador e líder deve possuir. Saiba que aprendi muito com você.

Também gostaria de agradecer em especial aos meus co-orientadores Dr. João Carlos Nabout e Dr. José Alexandre. Saiba que os seus ensinamentos foram de grandes valias para este trabalho. Obrigado pela paciência que tiveram comigo.

A minha nova família Dani, Eder, Geyzinha, Camila (Camilets), Bárbara (Barbrets), Paulina, Lu, Elaine, Marina (Marinex), Priscilinha, Priscila, Marina, Marcão, Ronny e Lailah. Quando eu digo família não digo apenas de forma abstrata, mas na forma mais real e carinhosa que esta palavra pode significar, é isso que cada um de vocês representa na minha vida mesmo. Nunca me esquecerei de vocês e de todos os momentos de pamonharia e de ralação nas aulas. Já sinto bastante saudades de cada um de vocês.

A toda galera do LGBIO, por terem-me aguentado, agora só vai ter a Su para cantar para vocês. Obrigado por todos os momentos de descontrações e alegrias. Também queria agradecer a todos por terem permitido que um “candango” pudesse fazer parte desta equipe tão especial. Desculpa pelo monopólio muitas vezes do computador. Um muito obrigado a todos vocês, em especial aos professores Renato, Thannya, Rosane, Talge, e Monik (Monikets).

Ao novos amigos que fiz e conheci em GYN e me fizeram ver como esta cidade é realmente encantadora e especial. E aos antigos de BsB, que nunca me deixaram esquecer como minha cidade continua linda!!!.

Ao professores/pesquisadores do programa de mestrado em Ecologia e Evolução da UFG que me enriqueceram com novos conhecimentos e aprendizados e me prepararam para os novos desafios que virão. Além, dos funcionários da UFG.

A banca pelas sugestões e enriquecimento deste nosso trabalho.

Tenho certeza que esqueci algumas pessoas, não porque são menos importantes, mas porque a memória não facilita a esta altura do campeonato (a pressão aumenta a cada dia!!!). Então a todos que de uma forma direta ou indiretamente permitiu que eu realizasse um dos meus sonhos, a todos um muitíssimo obrigado!!!! Saiba que este trabalho é muito mais de vocês, teve muito mais o esforço de vocês do que meu.... sem vocês eu nunca teria conseguido. Um super, mega, grande abraço a todos!!!

Sumário

Lista de Tabelas	VIII
Lista de Figuras	XIII
Resumo	01
Abstract	02
 1. Introdução	 03
2. Objetivos	
2.1 Objetivo Geral	09
2.2 Objetivos Específicos	09
2.3 Predições	10
 3. Fundamentações Teóricas	
3.1 Cerrado Brasileiro	11
3.2 Distribuição das espécies vegetais e conceito de nicho	16
3.3 Modelos de distribuição das espécies	19
3.4 Genética da conservação e marcadores genéticos.	22
 4. Material e Métodos	
4.1 Espécies vegetais e suas variáveis genéticas	28
4.2 Modelagem de nicho e ocupação humana	29
4.3 Análise dos dados	30
 5. Resultados e Discussão	
5.1 Distribuição geográfica potencial	33
5.2 Relação dos parâmetros genéticos com aspectos ecológicos, impacto humano e espaço	44
 6. Conclusões	 61
 7. Referências Bibliográficas	 62
 8. Anexos	 74

Lista de Tabelas

- Tabela 1.** Relação das espécies vegetais contendo a referência do estudo, o marcador molecular utilizado e o número de populações amostradas (N). 34
- Tabela 2.** Relação da distribuição geográfica potencial das espécies, por meio do mapa consenso, em número de células e quilômetros quadrados. Em negrito as espécies que apresentaram menor (*V. epidendroides*) e maior (*S. lycocarpum*) distribuição geográfica potencial. 35
- Tabela 3.** Parâmetro de heterozigosidade observada (H_o) correlacionado com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 46
- Tabela 4.** Teste de heterogeneidade “Q” entre os estudos avaliados pelo parâmetro de heterozigosidade observada (H_o) através da meta-análise com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 46
- Tabela 5.** Parâmetro de heterozigosidade esperada (H_e) correlacionado com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 49
- Tabela 6.** Teste de heterogeneidade “Q” entre os estudos avaliados pelo parâmetro de heterozigosidade esperada (H_e) através da meta-análise com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS)..... 49

Tabela 7. Parâmetro de endogamia (f) correlacionada com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS)..... 51

Tabela 8. Teste de heterogeneidade “Q” entre os estudos avaliados pelo parâmetro de endogamia (f) através da meta-análise com os índices ecológicos (IE), humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 51

Tabela 9. Localização das populações de *V. epidendroides* (longitude – Long; e latitude - Lat) com seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 75

Tabela 10. Localização das populações de *E. dysenterica* (longitude – Long; e latitude - Lat), que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS)..... 75

Tabela 11. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *C. brasiliense*, que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, que com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 75

Tabela 12. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *G. pulchra* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 76

Tabela 13. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *B. ipanemense* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados

genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 76

Tabela 14. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *E. dysenterica*, que utilizaram RAPD como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 76

Tabela 15. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *D. mollis* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 77

Tabela 16. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *T. papyrus* com seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 77

Tabela 17. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *C. brasiliense*, que utilizaram SSR como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS)..... 77

Tabela 18. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *E. dysenterica*, que utilizaram SSR como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS)..... 78

Tabela 19. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *D. alata* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 78

Tabela 20. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *S. lycocarpum* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS). 79

Tabela 21. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *V. epidendroides* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade (i.e. Correção de DUTILLEUL). 79

Tabela 22. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *E. dysenterica*, que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL). 79

Tabela 23. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *C. brasiliense*, que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL). 79

Tabela 24. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *G. pulchra* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 80

Tabela 25. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *B. ipanemense* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL). 80

Tabela 26. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *E. dysenterica*, que utilizaram RAPD como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH)) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 80

Tabela 27. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *D. mollis* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 80

Tabela 28. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *T. papyrus* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 81

Tabela 29. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *C. brasiliense*, que utilizaram SSR como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 81

Tabela 30. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *E. dysenterica*, que utilizaram SSR como marcador molecular com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL). 81

Tabela 31. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *D. alata* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). 81

Tabela 32. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *S. lycocarpum* com as índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL). 82

Lista de Figuras

Figura 1. Distribuição do Cerrado Brasileiro. Fonte: Embrapa (2005) 12

Figura 2. Esquema adaptado das principais fitofisionomias do bioma Cerrado, segundo Ribeiro & Walter (1998). Fonte: Ribeiro & Walter (2001) 13

Figura 3. Distribuição da quantidade de artigos publicados por ano, utilizando modelos de distribuição de espécies. 20

Figura 4. Mapa consenso gerado para a espécie *V. epidendroides* (A) e para a espécie *E. dysenterica* (B); 39

Figura 5. Mapa consenso gerado para o *C. brasiliense*: Trabalho que utilizou populações com marcadores de isoenzimas (A); Trabalho que utilizou populações com marcadores SSR (B); 40

Figura 6. Mapa consenso gerado para a espécie *G. pulchra* (A) e para a espécie *B. ipanemense* (B); 41

Figura 7. Mapa consenso gerado para a espécie *D. mollis* (A) e para a espécie *T. papyrus* (B); 42

Figura 8. Mapa consenso gerado para a espécie *D. alata* (A) e para a espécie *S. lycocarpum* (B); 43

Resumo

Fatores ecológicos e evolutivos podem explicar os padrões de variabilidade genética intrapopulacional ao longo da distribuição geográfica de uma espécie. Habitats mais adequados, em termos ecológicos, permitem a sobrevivência de uma quantidade maior de indivíduos, o que aumenta a variabilidade genética na população, enquanto que em habitats menos adequados os indivíduos, por possuírem um tamanho populacional menor, apresentam uma menor taxa de reprodução e uma maior taxa de mortalidade, podendo levar estas populações à perda de variabilidade genética e extinção. Neste contexto, o objetivo desse trabalho foi utilizar técnicas de meta-análise para relacionar as variáveis genéticas (heterozigosidade esperada e observada e endogamia) com os modelos de distribuição geográfica potencial de nove espécies de plantas do Cerrado. Além disso, esse trabalho teve como objetivo relacionar as variáveis genéticas com a ocupação humana nos locais de ocorrência das espécies de plantas. Foram utilizados 11 estudos, cujos dados genéticos foram obtidos da literatura e os pontos de ocorrência em bases de dados e também da literatura. Cinco técnicas de modelagem (Maxent, Mahalanobis, Euclidiana, Bioclim e Domain) foram utilizadas e em seguida, de forma combinada foram sobrepostas (i.e. *Ensemble forecasting*). Foram feitas correlações de *Pearson* entre variáveis genéticas e os índices ecológicos e de ocupação humana. Os coeficientes destas correlações foram combinados usando uma meta-análise para encontrar uma correlação geral dos estudos. A espécie que apresentou a maior distribuição geográfica potencial foi a *Solanum lycocarpum* com aproximadamente 4.088.960Km² e a menor foi a *Vellozia epidendroides* com aproximadamente 69.104 Km². As correlações entre as variáveis genéticas com a variável ecológica (i.e. adequabilidade ambiental) e a ocupação humana tenderam a zero. Embora valores significativos tenham sido obtidos, com estudos de marcadores isoenzimáticos, para o índice humano ($r = 0,57$ $P = 0,01$) relacionados, independentes, com a heterozigosidade observada. Um efeito positivo entre o índice humano e a heterozigosidade esperada ($r = 0,27$; $P = 0,01$) foi encontrado na relação entre todos os estudos reunidos. Também foram encontrados valores significativos para os estudos com isoenzimas nos índices ecológico ($r = 0,39$; $P = 0,04$) e humano ($r = 0,50$; $P = 0,01$) e na distância do centro da distribuição potencial da espécie ($r = -0,44$; $P = 0,05$) entre a heterozigosidade esperada. Os resultados do efeito médio entre as heterozigosidades e os índices de ocupação sugerem que as plantas avaliadas nos estudos com marcadores isoenzimáticos apresentam uma alta heterozigosidade em lugares com alto índice de ocupação humana. Devido à ocupação do Cerrado ser intensa, porém recente, e devido às espécies de plantas possuírem ciclos longos de vida as populações das espécies podem ainda não estar estruturadas geneticamente nesta nova paisagem do Cerrado. Os resultados dos estudos, com marcadores isoenzimáticos, de correlação entre as heterozigosidades e a distância do centro de distribuição potencial da espécie corroboraram com as nossas previsões. Plantas mais afastada tendem perder a variabilidade genética por possuírem uma menor densidade populacional. A relação entre a adequabilidade de habitat e a distância do centro indicou uma relação também negativa ($r = -0,35$; $P < 0,05$), sugerindo que a adequabilidade é também menor nas regiões periféricas. De maneira geral, a metodologia utilizada neste trabalho para a realização de avaliações preliminares da distribuição da estrutura populacional de plantas do Cerrado relacionada às variáveis genéticas demonstrou ser bastante útil e prática.

Palavras-chaves: Plantas do Cerrado; Estrutura populacional; Ocupação Humana; Modelagem de Nicho; Distribuição espacial;

Abstract

Ecological and evolutionary factors may explain the patterns of intrapopulation variability across the geographic distribution of a species. More suitable habitats, in ecological terms, allow the survival of greater number of individuals, which increases the genetic variability in the population, while in less suitable habitats, because of smaller population size, individuals have lower reproductive rate and higher mortality rate, these populations may lead to loss of genetic variability and extinction. In this context, the goal of this study was to use meta-analysis techniques to relate the genetic variables (observed and expected heterozygosity and inbreeding) with the models of potential geographical distribution of nine species of Cerrado plants. In addition, genetic variables were correlated with human occupation at sites where plant species occurred. For this work were used 11 studies, in which genetic data were obtained from literature and the points of occurrence in databases and also the literature. Five species distribution models (Maxent, Mahalanobis, Euclidian, Domain and Bioclim) were used and then superimposed on a combined basis (i.e Ensemble forecasting). Were performed Pearson correlations between genetic variables and environmental and human occupation. The coefficients of these correlations were matched using a meta-analysis to find a general correlation studies. The correlations between genetic variables with the ecological variable (i.e environmental suitability) and human occupation tended to zero. Although significant values have been obtained with studies of isozymes for the human index ($r = 0.57$, $P = 0.01$) related, independent, with the observed heterozygosity. A positive relationship exists between the human and the expected heterozygosity index ($r = 0.27$, $P = 0.01$) was found in the relationship between all the studies together. We also found significant values for studies with isoenzymes in ecological indices ($r = 0.39$, $P = 0.04$) and human ($r = 0.50$, $P = 0.01$) and the distance from the center of the potential distribution species ($r = -0.44$, $P = 0.05$) between the expected heterozygosity. The results of the mean effect between heterozygosity and occupation indices suggest that the plants were evaluated in studies with isozymes show a high heterozygosity in places with high human occupation. Due to the occupation of the Cerrado be intense, but recent, and due to plant species have long life cycles of species populations may not yet be genetically structured in this new landscape of the Cerrado. The results of studies with isozymes, correlation between heterozygosity and distance from the center of potential distribution of species have confirmed our predictions. Plants tend to lose more distant genetic variability by having a lower population density. The relationship between habitat suitability and distance from the center indicated a relationship is also negative ($r = -0.35$, $P < 0.05$), suggesting that adequacy is also lower in peripheral regions. In general, the methodology used to conduct preliminary assessments of the distribution of the population structure of Cerrado plants related to genetic variables proven very useful and practical.

Key Words: Plants of the Cerrado; Population structure; Occupation human; Niche modeling; Spatial distribution;

1. Introdução

Devido à preocupação com perda da diversidade biológica, que vem aumentando nos últimos anos, vários estudos têm sido realizados para identificar as regiões com alto risco de diminuição da diversidade (Myers *et al.*, 2000; Roberts *et al.*, 2002; Sechrest, 2002; Diniz-Filho *et al.*, 2004; Bensusan, 2006). Myers (1988) introduziu o conceito de *hotspots* para conservação, baseado em áreas que apresentavam uma rica diversidade e um alto grau de impacto antrópico. Onze anos depois, Myers *et al.* (2000) estabeleceu 25 *hotspots* para conservação no mundo, baseado na proporção de espécies endêmicas e perda de cobertura vegetal.

De acordo com estes critérios o Brasil apresenta dois grandes biomas considerados *hotspots* para conservação, Mata Atlântica e Cerrado, ambos com grande ocorrência de espécies endêmicas e uma alta devastação da sua flora original. Várias espécies destes biomas estão ameaçadas de extinção, devido à perda de habitat por extensas queimadas e principalmente, por desmatamento para a expansão de áreas agrícolas (ISPN, 2007; Sawyer, 2008). O desmatamento ocasiona a fragmentação do habitat originando manchas e isolamento das populações de espécies (Chiarello, 1999; Aguilar *et al.*, 2008; Aquino e Miranda, 2008), podendo causar a diminuição da variabilidade genética e aumentando o risco de extinções populacionais (i.e. extinção local) (Lammi *et al.*, 1999; Sunnucks, 2000; Trenton *et al.*, 2004 ; Lage, 2006; Seoane, 2007; Eckert *et al.*, 2008; Diniz-Filho *et al.*, 2009).

A crescente demanda por respostas rápidas e eficazes que visem solucionar problemas da devastação ambiental, como a perda da diversidade e controle das espécies invasoras, tem elevado a criação de inovações na ciência e tecnologia. Estas novas demandas estão catalisando áreas do conhecimento e unindo diversas áreas de estudo como o uso da informática para estudos da diversidade (Elith *et al.*, 2006; Araújo e Guisan, 2006; Siqueira, 2007; Elmendorf e Moore, 2009; Nabout *et al.*, 2009). Pode-se citar a utilização da modelagem de nicho ecológico para prever novas áreas de ocorrência de *Phyllomedusa ayeaye* na região Sudeste e verificar se as unidades de conservação nessa região são suficientes para proteger e conservar a espécie (Giovanelli *et al.*, 2008).

Uma metodologia importante empregada para investigar quantitativamente os fatores que influenciam os padrões de distribuição de espécie é a modelagem preditiva (Rushton *et al.*, 2004; Phillips *et al.*, 2006). As ferramentas computacionais de modelagem da distribuição geográfica potencial permitem a possibilidade da previsão de ocorrência de espécies através da geração de superfícies temáticas, indicando regiões de possíveis presenças ou ausências, com os chamados modelos de distribuição de espécies (*Species Distribution Model*) (Segurado e Araujo, 2004).

Ultimamente várias técnicas de modelagem de distribuição geográfica de espécies vêm sendo propostas ou ampliadas e utilizadas para os mais variados fins. Por exemplo, essas técnicas ajudam a compreender os efeitos das mudanças climáticas globais nas distribuições de espécies (Araújo e Guisan, 2006); possibilitam estimar os impactos potenciais das alterações climáticas futuras na distribuição de espécies (Pearson e Dawson, 2003); auxiliam em programas de

reintrodução de espécies determinando os melhores locais (Pearce e Lindenmayer, 1998); ajudam na aceleração de descobertas de espécies previamente desconhecidas que estão estreitamente relacionadas com espécies modeladas e que ocupam espaços ambientais semelhantes e diferentes espaços geográficos (Peterson, 2001); auxiliam na determinação de áreas prioritárias para a conservação (Ortega-Huerta e Peterson, 2004; Cortês, 2009); orientam levantamentos para as regiões onde há uma maior probabilidade de encontrar novas populações de uma espécie conhecida (Guisan *et al.*, 2002; Bourg *et al.* 2005; Giovanelli *et al.*, 2008); identificam possíveis habitats de distribuição de espécies invasoras (Thuiller *et al.*, 2005); e guiam para possíveis rotas de disseminação de doenças infecciosas (Petersen e Roehrig, 2001).

Outra área importante que apresenta muitas ferramentas potenciais para a conservação da biodiversidade é a genética aplicada às populações. A genética de populações é o estudo da distribuição e mudança na frequência de alelos sob influências de forças evolutivas. O conhecimento da composição genética de populações é importante para análise do potencial evolutivo de uma ou população (Frankham *et al.*, 2008). Pode-se conhecer a composição genética de uma população através de análises genéticas-moleculares para cálculo de genes e genótipos que a compõem. Estas análises ampliam o conhecimento sobre as populações e permitem um manejo e conservação eficaz (Storfer *et al.*, 2007; Frankham *et al.*, 2008).

Um dos objetivos da genética de populações aplicada à conservação, em longo prazo, é evitar a endogamia e permitir que populações mantenham alta diversidade, frente às mudanças ambientais (i.e fragmentação do habitat)

(Frankham *et al.*, 2008). A variação genética pode estar estruturada no tempo e no espaço. Fatores como tamanho efetivo da população, fluxo gênico e sistemas de acasalamento estruturam geneticamente uma população (Vergeer *et al.*, 2003). Graças a estes fatores é possível um melhor entendimento dos processos microevolutivos que ocorrem ou que ocorreram naquela população. A identificação de populações que enfrentam ou enfrentaram recentemente estes processos é importante para a sugestão de estratégias de programas de manejo e conservação da espécie (Medeiros *et al.*, 2006). Um grande avanço nos estudos de genética populacional foi propiciado em função das teorias genéticas, variedades de marcadores genéticos, novas técnicas de análise espacial e a abundância de métodos estatísticos (Storfer *et al.*, 2007).

Fatores ecológicos (e.g., adequabilidade de hábitat e variáveis ambientais) e evolutivos podem explicar os padrões de variabilidade genética ao longo da distribuição geográfica de uma espécie (Eckert *et al.*, 2008; Diniz-Filho *et al.*, 2009). Habitats menos adequados e com um alto índice de devastação ocasionado pela ocupação humana permitem a sobrevivência de uma quantidade menor de indivíduos. Populações pequenas, devido à perda da variabilidade genética, promovem mudanças nas frequências alélicas devido à reprodução desigual entre os indivíduos. A permanência de um alelo numa população é governada pelo tamanho efetivo desta. Assim, a variabilidade genética é diretamente proporcional ao tamanho efetivo da população, ou seja, a quantidade de indivíduos que contribuem para a próxima geração (Charlesworth, 2009). Populações pequenas passam a possuir um tamanho efetivo não suficiente para que a população possa persistir e ter continuidade no processo evolutivo (Leimu *et*

al., 2006). Em populações de tamanho reduzido, poucas gerações podem ser suficientes até que um alelo sofra fixação (Ouborg *et al.*, 2010). Esta menor quantidade de indivíduos aumenta a perda da variação genética devido à deriva genética e a endogamia.

A endogamia, cruzamento entre indivíduos aparentados, proporciona um aumento da similaridade genética entre indivíduos de uma mesma população. Sendo assim, a endogamia contribui para um aumento na frequência de homozigotos na população (Hedrick, 2000; Reis *et al.*, 2009). Este processo microevolutivo pode, por sua vez, reduzir a capacidade individual e a adaptabilidade da população devido ao aumento da homozigose que favorece a expressão de alelos recessivos deletérios (Holsinger e Weir, 2009). Este aumento da homozigose diminui o desempenho adaptativo e reprodutivo em função da ocorrência de acasalamentos entre indivíduos aparentados, causando um fenômeno conhecido como depressão endogâmica (Hedrick, 2000). Consequentemente, flutuações ambientais e fatores estocásticos podem levar pequenas populações à extinção devido a reduzida capacidade adaptativa dos indivíduos. Esta extinção populacional pode ocorrer devido a uma menor reprodução e maior taxa de mortalidade (Vergeer *et al.*, 2003).

A deriva genética causa a perda de alelos raros em uma população, contribuindo para a redução da variabilidade genética intrapopulacional e, conseqüentemente, para a fixação ao acaso de alelos diferentes nas populações, o que resulta na diferenciação interpopulacional (Elam, 1998; Hughes *et al.*, 2008). Devido às rápidas alterações nas frequências alélicas causadas pela deriva genética, muitas adaptações benéficas poderão ser eliminadas da população,

principalmente se os indivíduos restantes contiverem apenas uma parte do “*pool* gênico” original. Os efeitos da genética são ainda mais acentuados em pequenas populações isoladas (Aguilar *et al.*, 2008).

Neste contexto, populações em habitats contínuos e mais adequados, de acordo com as condições ambientais da espécie, tendem a possuir um maior tamanho populacional e uma maior taxa de fluxo gênico entre as populações. Consequentemente o aumento do fluxo gênico tende a aumentar a variabilidade genética dos indivíduos diminuindo a variabilidade entre populações. Portanto, devido à introdução de novos alelos, através de mutações e/ou migração, a perda da variabilidade genética estaria compensada (Channell e Lomolino, 2000; Vergeer *et al.*, 2003; Trenton *et al.*, 2004; Garcia *et al.*, 2008; Eckert *et al.*, 2008; Diniz-Filho *et al.*, 2009). Dessa forma, o entendimento da dinâmica de populações nos fragmentos e suas interações com os elementos da paisagem tornam-se de extrema importância para o manejo e conservação das populações (Storfer *et al.*, 2007).

2. Objetivos

2.1. Geral

O objetivo do trabalho foi relacionar, utilizando técnicas meta-analíticas, variáveis genéticas com modelos de distribuição geográfica potencial de espécies de plantas do Cerrado cujos dados genético-populacionais estão disponíveis na literatura.

2.2. Específicos

- Levantar trabalhos publicados com estudos genético-populacionais de espécies de plantas do Cerrado para obter os dados populacionais (heterozigosidades esperada e observada e nível de fixação);
- Elaboração de modelos de distribuição geográfica potencial para gerar previsões da ocorrência (distribuição potencial) das espécies de plantas do Cerrado cujos dados genético-populacionais estão disponíveis na literatura;
- Utilização das variáveis genéticas obtidas por diferentes marcadores genéticos com adequabilidade de habitat (baseado nos modelos de distribuição potencial) e níveis de ocupação humana;
- Análise da relação entre variáveis genéticas obtidas para cada população com a distância do centro da distribuição geográfica potencial de cada uma das espécies;

2.3 Predições

A) Populações que ocorrem em regiões com maior adequabilidade (de acordo com os modelos de distribuição geográfica potencial), tendem a apresentar maior tamanho populacional, o que pode estar relacionado com maior tamanho efetivo e, conseqüentemente, maior diversidade genética. Assim, se a população apresentar tamanho efetivo grande, haverá uma tendência de aumento nos níveis de heterozigosidades e diminuição da endogamia.

B) Populações mais distantes do centro de distribuição geográfica da espécie enfrentariam condições mais adversas e teriam tamanho populacional reduzido, exibindo, desta forma, menores níveis de heterozigosidade e maior endogamia do que populações mais próximas ao centro de distribuição.

C) Populações com ocorrência em regiões de elevado impacto humano tendem a estarem isoladas e com menores tamanhos populacionais, o que permite que os efeitos da deriva genética se acentuem, diminuindo os níveis de heterozigosidade e contribuindo também para o aumento da endogamia.

3. Fundamentação Teórica

3.1 Cerrado Brasileiro

O Cerrado é considerado o segundo maior bioma do país em extensão, ocupando 20% do território brasileiro, com área estimada em dois milhões de quilômetros quadrados (Ribeiro e Walter, 1998). O Cerrado faz parte de um grupo de vegetação chamado de savana e está posicionado mais ao centro do país, com algumas “manchas” ao norte e ao sul (Figura 1). Além da área nuclear localizada essencialmente no Planalto Central, ocorrem áreas periféricas desde o Estado do Paraná até o norte, em Roraima e Amapá (Machado *et al.*, 2004). O Cerrado abrange 17 Estados brasileiros (Distrito Federal, Bahia, Ceará, Goiás, São Paulo, Minas Gerais, Piauí, Rondônia, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Paraná, Amazonas, Amapá, Pará, Roraima, Maranhão, Tocantins) (Ribeiro e Walter, 1998).

O clima do bioma é do tipo tropical estacional. Caracteriza-se por apresentar duas estações bem definidas: inverno seco e verão chuvoso. As chuvas são praticamente concentradas de outubro a março, com precipitação média anual de 1.500 mm, variando de 750 a 2.000 mm. Durante a estação seca, concentrados nos meses entre abril e setembro, a umidade relativa é baixa e a evaporação alta. (Eiten, 1994). O Cerrado encontra-se distribuído em regiões de planaltos e áreas rebaixadas com predominância altimétricas que variam entre 300 e 2.000 metros (Dias, 1992). A temperatura média anual é entre 18°C e 28°C. (Dias, 1992).

O solo encontrado nas regiões do Cerrado é plano e profundo, devido à sua origem sedimentar, pois vem sendo intemperizado desde o Cretáceo há mais

vegetação rasteira formada principalmente por gramíneas. As árvores e arbustos distribuem-se esparsamente pela vegetação rasteira, e raramente formam uma cobertura arbórea contínua (Machado *et al.*, 2004).

Apesar da denominação, o Cerrado apresenta uma vegetação bastante heterogênea, formando um mosaico vegetacional, com floras características para cada área. Segundo Ribeiro e Walter (1998), utilizando critérios que incluem a estrutura da vegetação, a composição florística e aspectos ambientais três de formações florestais são descritos para o Cerrado: (1) formações florestais (mata ciliar, mata de galeria, mata seca e cerradão); (2) florestais savânicas (cerrado senso estrito, parque de cerrado, palmeiral e vereda); e (3) campestres (campo sujo, campo rupestre e campo limpo).



Figura 2. Esquema adaptado das principais fitofisionomias do bioma Cerrado, segundo Ribeiro e Walter (1998).

Além do clima e do solo, elementos como o fogo, também têm sido apontados como importantes e atuantes na configuração da fisionomia da vegetação do Cerrado. Warming (1908) em seu trabalho clássico e pioneiro desenvolvido em áreas de Cerrado da região de Lagoa Santa (MG) já apontava para a ação do fogo na queda de folhas, na presença de formações suberosas e

na produção de folhas contorcidas. Há registros históricos de que o fogo atua sobre a vegetação do Cerrado como um elemento natural, muito antes da presença do homem (Dias, 1992).

O Cerrado brasileiro é reconhecido como uma das savanas mais ricas do mundo, abrigando mais de 14.000 espécies de plantas já catalogadas, sendo 44% da flora endêmica. A biodiversidade da flora do Cerrado é estimada em cerca de 10.000 espécies de angiospermas, cerca de 1.000 pteridófitas e 2.000 briófitas (Ribeiro e Walter, 2008).

Devido a sua posição central no país, o Cerrado é beneficiado com o contato com os outros biomas nacionais, além de ser um divisor de águas das grandes bacias hidrográficas brasileiras: a do Amazonas, Paraná e São Francisco. As interações do Cerrado com outros biomas têm sido abordadas por diversos autores, a partir da ocorrência e distribuição de espécies consideradas típicas, como o Murici do Cerrado (*Byrsonima verbacifolia*), Mata Barata (*Andira humilis*), e lixa (*Curatella americana*) (Giulietti e Forero 1990). Segundo Dias (1992) várias espécies da Floresta Amazônica penetraram no Cerrado através das florestas de galeria, atingindo a Mata Atlântica pela conexão de rios, o que ressalta a importância da área nuclear do Cerrado.

Apesar da sua posição estratégica em relação aos demais biomas, a diversidade biológica do Cerrado está cada vez mais ameaçada, tendo em vista que nas últimas décadas este bioma vem sofrendo um rápido processo de urbanização e ocupação agropecuarista, o que impede que sejam feitos profundos estudos para o melhor reconhecimento do seu verdadeiro potencial (Machado *et al.*, 2004).

Além dos aspectos ambientais, o Cerrado tem grande importância social (Ribeiro e Walter, 2008). Muitas populações sobrevivem dos seus recursos naturais, incluindo etnias indígenas, quilombolas, ribeirinhos, babaqueiras e outras comunidades que juntas fazem parte do patrimônio histórico e cultural brasileiro (Almeida *et al.*, 1998). Além disso, espécies vegetais são utilizadas com finalidades variadas, desde o uso para ornamentação (chuverinho - *Paepalanthus speciosus*) aplicação medicinal (barbatimão – *Strynodendron adstringens*), fabricação de carvão (Baru – *Dipteryx alata*) e extração de madeira (aroeira – *Myracrodruon urundeuva*). Mais de 220 espécies tem uso medicinal comprovado e mais 416 podem ser usadas na recuperação de áreas degradadas (Ribeiro e Walter, 2008). Vários frutos comestíveis são consumidos *in natura*, sob forma de geléias, doces e licores pela população local e vendidos em grandes centros urbanos. Entre os frutos encontra-se: Pequi (*Caryocar brasiliense*), cajuzinho do cerrado (*Anacardium humile*), Mangaba (*Hancornia speciosa*), Cagaita (*Eugenia dysenterica*), Araticum (*Annona crassiflora*), Bacupari (*Salacia crassi*), Baru (*Dipteryx alata*) entre outros (Dias, 1992).

Depois da Mata Atlântica o Cerrado é o bioma brasileiro que mais sofreu alterações com a ocupação humana (Aquino e Miranda, 2008). Com a crescente pressão para a abertura de novas áreas, visando incrementar a produção de carne e grãos para exportação, tem havido um progressivo esgotamento dos recursos naturais da região. Além disso, o bioma Cerrado é palco de exploração extremamente predatória de seu material lenhoso para produção de carvão (ISPN, 2007; Ribeiro e Walter, 1998).

Devido à enorme diversidade e ao alto grau de ameaça de degradação, o Cerrado, assim como a Mata Atlântica, é considerado um dos 25 *hotspots* para conservação mundial. Estima-se que 20% das espécies nativas e endêmicas não ocorram em áreas protegidas, e que pelo menos 137 espécies de animais que ocorrem no Cerrado estejam ameaçadas de extinção. O bioma possui somente 2,2% da sua área total protegida por Unidades de Conservação de Proteção Integral (Klink e Machado, 2005). Esse quadro ameaça severamente as espécies de fauna associadas a este bioma.

3.2 Distribuição das espécies vegetais e conceito de nicho

O clima é uma variável de grande influência na distribuição das plantas o que reflete na classificação dos biomas mundiais. Limites superiores e inferiores de tolerância das plantas com relação à temperatura, luz, umidade, pluviosidade e vento são importantes para a definição do nicho de cada espécie (Moore e Elmendorf, 2006). Fatores ambientais afetam a reprodução e a dispersão das plantas e são importantes na determinação da estruturação genética dessas comunidades. A estruturação genética é o resultado da ação de mutação, migrações, seleções e derivas que operam no contexto histórico e biológico de cada espécie. Ou seja, as populações de plantas não estão organizadas aleatoriamente em assembléias de genótipos, mas estão estruturada no tempo e no espaço (Loveless e Hamrick, 1984).

As mudanças ambientais não agem sozinhas na estruturação de comunidades de plantas, diversos outros fatores atuam em combinação. Begon *et al.*, (2005) listaram a heterogeneidade ambiental como um dos principais fatores

responsáveis pela enorme diversidade dos trópicos. Esta heterogeneidade pode ser incluída dentre os fatores que podem gerar a distribuição espacial de plantas. Interações ecológicas (mutualismo, predações, competições e outras) e barreiras geográficas e ambientais (salinidade, insolação, *stress* hídrico e outras) também podem influenciar a distribuição de espécies vegetais (Pereira e Almeida, 2004).

O termo nicho foi utilizado pela primeira vez por Grinnell (1924) que o definiu como locais e requisitos que são preenchidos para uma determinada espécie viver e se reproduzir. Neste conceito o nicho de uma espécie era definido como a distribuição dos indivíduos em uma área geográfica onde a distribuição potencial da espécie era idealizada na ausência de interações com outras espécies, ou seja, apenas barreiras físicas e climáticas limitavam a distribuição de uma espécie.

O termo começou a ganhar sua conotação científica atual quando Elton (1927) escreveu que o nicho de uma espécie é o seu modo de vida. O nicho de um espécie começou a ser usado para descrever “como”, em vez de “onde” a espécie vive (Soberón, 2007). Elton definiu o atual lugar da espécie na natureza como consequência de interações com outros seres vivos, em oposição ao caráter potencial definido por Grinnell (1924). Esta visão estava mais direcionada para descrever como uma espécie transforma um ambiente, ao invés de quais fatores ambientais afetam a espécie.

O conceito atual de nicho proposto por Hutchinson (1957) se tornou uma das sustentações do pensamento ecológico moderno. Segundo Hutchinson as maneiras pelas quais tolerâncias e necessidades interagem na definição de condições e recursos necessários a um indivíduo (ou uma espécie) a fim de

desempenhar seu modo de vida podem ser determinados como seu nicho. Hutchinson definiu nicho como sendo um hipervolume n -dimensional, e cujos eixos abrangem as condições e recursos limitantes para a sobrevivência, crescimento e reprodução de um indivíduo. Por exemplo, o nicho de uma espécie vegetal poderia incluir o intervalo de temperatura tolerado, a intensidade luminosa para fotossíntese, regimes de umidade e quantidade mínima de nutrientes essenciais presentes no solo. Estas seriam uma das várias dimensões do nicho da espécie. Desta forma, cada ponto no espaço multidimensional onde a espécie ocorre obedece as condições ambientais adequadas para ela. O termo nicho passou a ser uma característica das espécies e não mais do ambiente (Pulliam, 2000).

Hutchinson também distingue entre nicho fundamental ou *Grinnelliano* (em homenagem a Grinnell) e realizado (semelhante ao conceito de Elton, 1927). O nicho fundamental é todo o hipervolume adequado para a persistência da espécie, na ausência de outras espécies. O nicho realizado, por sua vez, é à parte do nicho fundamental que permanece ocupada pela espécie após interações com outras espécies. Desse modo a área definida pelo nicho fundamental é sempre maior que o nicho realizado (Soberón, 2007).

Podemos utilizar dois conceitos pertinentes ao termo “distribuição geográfica”: área de ocupação (denominada neste trabalho de “distribuição conhecida”) e extensão de ocorrência (denominada neste trabalho de “distribuição potencial”). Um conjunto de localidades onde a espécie foi encontrada e registrada, mediante coleta de espécimes ou de observações, é a área de ocupação daquela espécie. Enquanto que a extensão de ocorrência é uma

predição sobre a área potencial de distribuição da espécie. A área de ocupação tende a ser menor do que a extensão de ocorrência, uma vez que nenhuma espécie ocupa todos os habitats dentro dos limites geográficos de sua ocorrência (Figueredo *et al.*, 2006).

3.3 Modelos de distribuição das espécies

Uma questão central na ecologia é a tentativa de explicar quais são os determinantes da distribuição dos seres vivos no tempo e no espaço (Figueredo *et al.*, 2006). Diversos ecólogos tentam buscar explicações para a relação entre espécie e ambiente, e através da análise desta relação se originou a modelagem de distribuição potencial de espécies (Guisan e Zimmermann, 2000; Guisan e Thuiller, 2005).

O crescente interesse na análise de distribuição geográfica de espécies vem acompanhando o desenvolvimento tecnológico alcançado nos últimos anos, principalmente nos sistemas de informações geográficas (SIG), no sensoriamento remoto e nos bancos de dados de táxons e espécimes (Graham *et al.*, 2004). Parte deste interesse envolve a preocupação quanto à degradação do ambiente em escala global (Rodrigues, *et al.*, 2007). O crescimento do uso dos SIGs para trabalhar e armazenar dados espaciais levou a expansão no uso dos modelos de distribuição de espécies (*Species Distribution Model* - SDM). Áreas extensas e de difícil acesso e suas espécies puderam ser mais estudadas através do sensoriamento remoto e dos SDMs (Siqueira, 2005).

Um levantamento cienciométrico realizado no sítio do Thomson-ISI (*Web of Science*) de artigos publicados entre 2000 e 2009 com a combinação de

palavras: "Ecologic* niche model*" OR "species distribution* model*" OR "habitat* suitability* model*" OR "Niche-based model*" encontrou 698 publicações (Figura 3). Esse aumento acentuado do crescimento do uso de modelos de distribuição de espécie tem se elevado a cada ano com um grande aumento no ano de 2005. O ano 2000 foi o que apresentou a menor quantidade de artigos ($n = 5$) enquanto o ano de 2009 apresentou a maior quantidade de artigos ($n = 190$). Entre os anos 2005 ($n = 42$) e 2006 ($n = 97$) a quantidade de artigos publicados mais que dobrou.

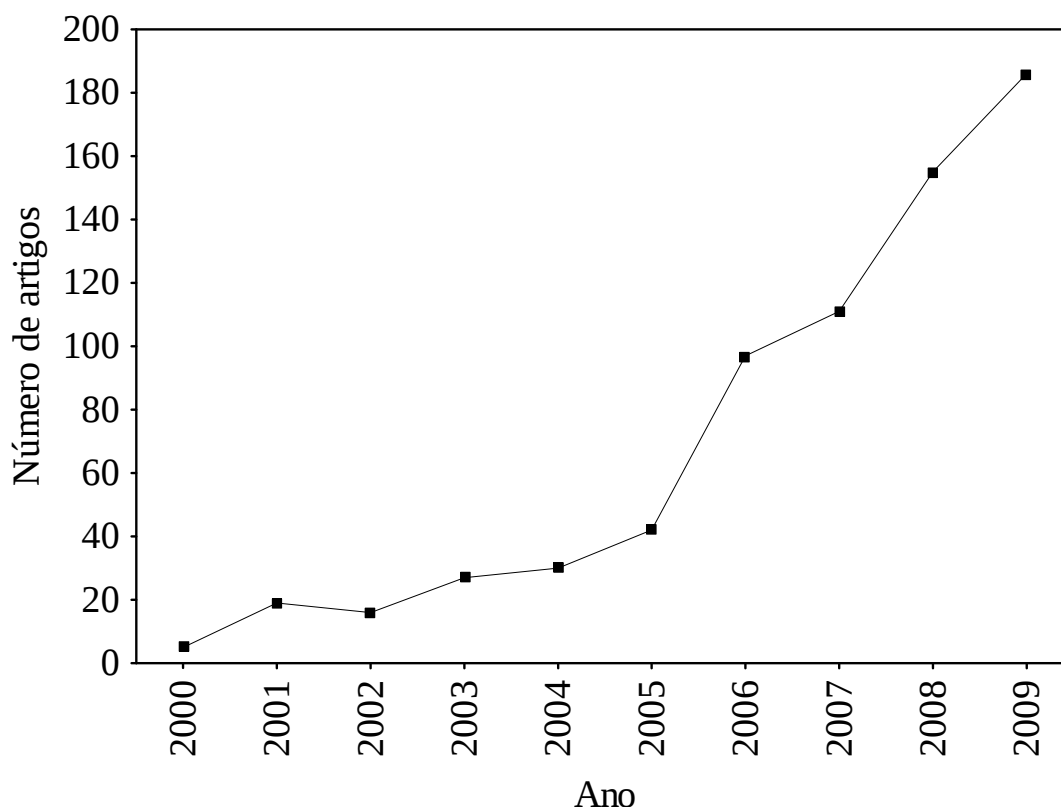


Figura 3. Distribuição da quantidade de artigos publicados por ano, utilizando modelos de distribuição de espécies.

Os métodos de modelagem evoluíram de simples quantificações não espaciais das relações entre espécie e ambiente para modelagens estatísticas

especialmente explícitas da distribuição das espécies (Guisan e Thuiller, 2005). Muitas destas técnicas envolvem modelagem baseada em análise ambiental, nas quais os algoritmos procuram por condições ambientais como temperatura, precipitação e topografia semelhantes às aquelas onde as espécies foram encontradas (distribuição conhecida), resultando em áreas potenciais (extensões de ocorrência) onde as condições ambientais seriam favoráveis aos ciclos de vida dessas espécies (predições baseadas no nicho *Grinnelliano*). As limitações ambientais são definidas pelos SDMs. Este processo de modelagem converte estes dados primários em mapas potenciais de distribuição geográfica, indicando a presença ou ausência da espécie (Segurado e Araújo, 2004; Siqueira, 2005). Frequentemente os trabalhos envolvendo SDM possuem três componentes básicos: (1) um conjunto de dados descrevendo a incidência ou a abundância de espécies e outro conjunto contendo as variáveis explicativas (neste trabalho são as variáveis ambientais); (2) um modelo matemático que relaciona a espécie com a variável explicativa; e (3) a avaliação da utilidade do modelo através de validação do modelo (Guisan e Zimmermann, 2000).

Há uma grande variedade de técnicas de modelagem para explorar a relação entre a resposta (ocorrência de espécies) e as variáveis ambientais preditivas. Um destas técnicas é o MaxEnt (*Maximum Entropy Species Distribution Modeling* – Máxima Entropia), que é um modelo que utiliza somente dados de presença (Phillips *et al.*, 2006). Esta técnica tem sido uma das mais utilizadas nas modelagens preditivas (Guisan e Thuiller, 2005; Phillips *et al.*, 2006; Pearson *et al.*, 2007; Phillips e Dudík, 2008; Terrible *et al.*, 2008, Nabout *et al.*, 2009).

3.4 Marcadores genéticos em estudos populacionais

Os primeiros marcadores empregados em estudos de genética de populações e melhoramentos eram controlados por genes associados a caracteres morfológicos, de fácil identificação visual. Estes foram de uma enorme contribuição para a construção das primeiras teorias e para o desenvolvimento dos primeiros mapas genéticos. Entretanto devido à plasticidade fenotípica das plantas camuflarem o aspecto genético, ao número baixo de marcadores morfológicos que limitava a estimativa de diversos parâmetros importantes para estudos populacionais e a um elevado tempo de análise, estes marcadores entraram em desuso (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

A introdução da técnica de eletroforese de isoenzimas revolucionou a genética em meados dos anos 60. Um marco para a aplicação da genética em estudos voltados para a conservação é o trabalho de Lewontin e Hubby, publicado em 1966. Os autores introduziram o uso da eletroforese de proteínas na biologia de populações. As vantagens dos dados obtidos a partir da eletroforese de isoenzimas são: objetividade, codominância, maior conjunto de dados existentes para muitos organismos, baixo custo se comparado com outros métodos moleculares e curto tempo de processamento de dados. Além do fato de ser um marcador, permitindo estimativas do fluxo gênico que se dá tanto através de pólen quanto de semente (Van der Bank *et al.*, 2001). A técnica baseia-se em mutações nas proteínas, as quais alteram a carga elétrica de algumas proteínas com funções enzimáticas. Após eletroforese das amostras de proteína, o polimorfismo é detectado através da visualização do produto enzimático por métodos histoquímicos (Alfenas, 1998). A utilização de isoenzimas permitiu a detecção de

polimorfismo entre plantas que não mostravam diferenças morfológicas. Assim foi possível uma melhor avaliação genética (Van der Bank *et al.*, 2001; Sebbenn *et al.*, 2003).

Com o surgimento, na década de 80, de tecnologias baseadas na Reação em Cadeia da Polimerase (*Polymerase Chain Reaction* - PCR) aumentou muito a eficiência da detecção de polimorfismos ao nível de DNA ou RNA (Arnheim e Erlich, 1992). A partir daí, com os avanços tecnológicos das ferramentas moleculares, as publicações voltadas para o assunto se multiplicaram. A PCR é uma metodologia que se baseia na amplificação exponencial seletiva de uma quantidade reduzida de DNA. O objetivo da PCR é produzir uma quantidade apreciável de um segmento específico de DNA a partir de uma quantidade mínima (Erlich *et al.*, 1991). O DNA molde sofre uma amplificação controlada por enzimas, obtendo-se milhões de cópias do fragmento de DNA de interesse, o que torna possível a sua visualização em um gel de eletroforese em forma de banda. O molde pode ser qualquer forma de DNA de cadeia dupla (Erlich *et al.*, 1991; Arnheim e Erlich, 1992).

O desenvolvimento da técnica de reação em cadeia da polimerase trouxe uma redução do tempo de execução dos experimentos, do seu custo e da sua complexidade. Através da PCR (Mullis e Faloona, 1987) muitos métodos tradicionais de clonagem, sequenciamento e análise de polimorfismo foram acelerados ou substituídos por inúmeras variações (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

Dois pontos principais são precisos nas técnicas moleculares de análise genômica: maior resolução no polimorfismo dos indivíduos do que na detecção no nível morfológico; e redução na complexidade do genoma estudado à análise

mendeliana dos segmentos do DNA detectados. Assim, os dados genéticos moleculares obtidos permitem estimar parâmetros úteis para um amplo espectro de estudos, desde teste de identidade genética e construção de mapas genéticos até análises filogenéticas e evolutivas (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) são marcadores dominantes que são gerados pela amplificação de segmentos anônimos de DNA com um simples e curto oligonucleotídeo de seqüência arbitrária (Lopes *et al.*, 2005). Sua técnica facilita o estudo de um grande número de locos e fornece uma amostra aleatória maior do DNA (Milach, 2005). Aliado a isso, o RAPD utiliza pequenas quantidades de DNA, não precisa do conhecimento prévio da seqüência alvo a ser amplificada e pode ser aplicável a qualquer espécie (Lacerda *et al.*, 2002). Outros pontos favoráveis são a grande quantidade de iniciadores disponível na literatura e da alta taxa de transferibilidade entre espécies, o que pode possibilitar a identificação de um grande número de locos polimórficos por reação (Lacerda *et al.*, 2005; Lopes *et al.*, 2005; Milach, 2005). Entretanto, o RAPD tem algumas limitações significantes. Por ser um marcador dominante, é limitado o seu uso na estimação de parâmetros genéticos, além de apresentar problemas de reprodutibilidade (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

Marcadores microsatélites (SSR – Short Sequence Repeats) também tem sido bastante usado nos estudos de genética populacional. Microsatélites podem ser definidos como seqüências repetidas em tandem (repetições idênticas e adjacentes) de 1 a 6 nucleotídeos, encontrados em todos os procariotos e eucariotos (Madeiros *et al.*, 2006). As seqüências de DNA que flanqueiam microsatélites são conservadas, o que permite a seleção de um par de pequenos

fragmentos iniciadores da fita réplica, denominados primers, e sua amplificação via PCR. O polimorfismo é baseado nas diferenças de comprimento das sequências amplificadas, pois o número de repetições em cada microsatélite é variável (Zane *et al.*, 2002). Microsatélites são marcadores codominantes, ou seja, podem ser observados em ambos os alelos presentes no mesmo *locus*, possibilitando a sua aplicação em estudos genéticos e ecológicos através da detecção da estrutura genética de populações isoladas e fragmentadas, possibilitando análises do sistema reprodutivo de plantas e animais e suas consequências como porcentagem de heterozigosidade nas populações (Selkoe e Toonen, 2006). A maior limitação ao uso de marcadores microsatélites é o grande trabalho necessário para o desenvolvimento e isolamento dos *locus* que contêm estes marcadores (Medeiros *et al.*, 2006).

Devido às facilidades dos marcadores genéticos para os estudos populacionais a diversidade genética tem ganhado uma importância maior em relação aos estudos de conservação. Ela geralmente é observada ao nível de espécie em uma população ou entre diferentes populações (Solé-Cava, 2001). A diversidade genética é importante para a conservação das espécies e manutenção de suas populações ao longo do tempo (Frankham, 2008). A variabilidade genética é mantida nas populações pela mutação, migração ou fluxo gênico (Reed e Frankham, 2003). Populações grandes e naturais possuem em geral uma alta diversidade genética (Frankham, 1995).

A fragmentação, ocasionada por impacto antrópico, é um dos problemas críticos para os biomas brasileiros, principalmente no Cerrado que tem perdido suas áreas devido ao desmatamento para a expansão de áreas agrícolas e

assentamentos urbanos (Klink e Machado, 2005). A fragmentação é a descontinuidade de qualquer área de vegetação natural, seja por barreiras antrópicas (estradas, áreas agrícolas, usinas hidroelétricas, etc.) ou naturais (lagos, cadeia de montanhas e outros). Ela é capaz de restringir significativamente o fluxo de animais, pólenes e sementes, causando assim uma diminuição do fluxo gênico. (Solé-Cava, 2001; Telles *et al.*, 2001; Seoane, 2007; Frankham *et al.*, 2008).

Populações pequenas e fragmentadas, em geral, aumentam suas taxas de endogamia, podendo levar a diminuição da variabilidade genética (Solé-Cava, 2001). Esta perda de variabilidade diminui a habilidade das populações de se adaptarem as mudanças ambientais durante seu processo evolutivo (Frankham, 1995; Reed e Frankham, 2003). Consequentemente a diminuição do potencial evolutivo aumenta a probabilidade de extinção destas populações (Leimu *et al.*, 2006).

As análises genéticas, através dos marcadores genéticos, auxiliam nos estudos da conservação de populações ameaçadas em fragmentos antrópicos (Frankham, 2008). Nesta área, incide a investigação da variação e distribuição de diversidade genética no ambiente em que as populações estão envolvidas (Solé-Cava, 2001). A genética de populações é um estudo que, em sentido restrito, se baseia no uso e nas técnicas da genética (análises genético-moleculares) para a conservação e manejo (explicando a biologia das espécies) e, conseqüentemente, a redução da extinção das espécies ameaçadas (Frankham *et al.*, 2008).

Entre os papéis desempenhados pela genética de populações encontramos desde estudos de endocruzamento com pequenas populações, até

estudos de padrão espacial da variação genética na natureza, como problemas de fluxo gênico, hibridização e sistemática (Storfer *et al.*, 2007). Os dados revelados pela genética de populações, através dos marcadores genéticos, são interpretados usando ferramentas analíticas de populações e sistemática que permitem a estimativa de parâmetros que freqüentemente permitem resolver diversas questões, tais como: níveis de diversidade genética dentro de populações, parentesco, ancestralidade biológica, magnitude de fluxo gênico entre populações, natureza de espécies limites e relacionamentos filogenéticos entre altos níveis taxonômicos. Através destes parâmetros é possível o estabelecimento de melhores estratégias para a conservação (Vergeer *et al.*, 2003; Frankham *et al.*, 2008). Esta análise genética da diversidade pode ser mensurada por caracteres morfológicos, por proteínas e pelo DNA (Frankham, 1995).

4. Material e Métodos

4.1. Espécies vegetais e suas variáveis genéticas

Foram selecionados 11 estudos genéticos, de 9 espécies diferentes, com pelo menos 4 populações, de plantas que têm suas distribuições geográficas no bioma Cerrado. As buscas foram realizadas em base de periódicos científicos (Thomson-ISI, Scielo, Scopus) e em livros, dissertações e teses.

Através dos trabalhos selecionados, foram obtidos os seguintes parâmetros genéticos:

1) Heterozigose esperada (H_e) de Nei (1973; 1978): equivale a soma de todos os heterozigotos possíveis em um loco, assumindo-se equilíbrio de Hardy-Weinberg. É dado por $H_e = 1 - \sum p^2$. Portanto, quanto maior o equilíbrio na distribuição dos alelos nos indivíduos (genótipos) maior será o valor de H_e (Hedrick, 2000).

2) Heterozigose observada (H_o): que é estimada pela real frequência de heterozigotos na população. Assim tem-se que: $H_o = 1 - \sum p$ (Azevedo, 2007).

3) Índice de fixação intrapopulacional ou endogamia (f): que pode ser estimado por $f = H_e - H_o / H_o$. Elevados valores de f indicam um excesso de genótipos homozigotos em uma população local, superior a esperada pela combinação aleatória de alelos esperados segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg (Wright, 1965). Populações periféricas e que habitam regiões de baixa adequabilidade ambiental tendem a apresentar menor densidade populacional. Devido a esta menor densidade ocorrem acasalamentos ou fecundações cruzadas não aleatórias que podem elevar os valores de endogamia (f). (Zucchi, 2002).

4.2. Modelagem de nicho e ocupação humana

A modelagem da distribuição geográfica potencial, para as espécies selecionadas, foi realizada com base nos dados de ocorrência dessas espécies disponível na literatura científica, na base de dados do Centro de Referência em Informação Ambiental (CRIA, www.cria.org.br), no W3 Trópicos (mobot.mobot.org/w3t), no Global Biodiversity Information Facility (GBIF, www.gbif.org) e no Jardim Botânico do Rio de Janeiro (www.jbrj.gov.br/jabot). Para a modelagem de nicho, foram utilizadas seis variáveis climáticas: 1) média anual da temperatura (BIO1); 2) precipitação anual (BIO12); 3) temperatura média no trimestre mais úmido (BIO8); 4) máxima temperatura do mês mais quente (BIO5); 5) precipitação no trimestre mais frio (BIO18); e 6) precipitação no trimestre mais quente (BIO19) e uma variável topográfica (altitude - DEM). Todas as variáveis foram obtidas no sítio do Wordclim (www.worldclim.org) e convertidas para resolução (abertura de malha) de 0,0417 graus (aproximadamente 4 km).

Cinco diferentes técnicas de modelagem de nicho foram utilizadas, com todos os modelos baseados em dados de presença. A distribuição geográfica potencial das espécies selecionadas foi modelada utilizando o Bioclim, o Domain (Diva-GIS; Hijmans *et al.*, 2005), a distância Euclidiana e de Mahalanobis (Farber e Kadmon, 2003) e o MaxEnt (*Maximum Entropy*; Philips *et al.*, 2006). Essas técnicas de modelagem têm sido amplamente utilizadas na literatura, entretanto, alguns trabalhos têm buscado determinar quais são os melhores modelos, utilizando diferentes técnicas de avaliação dos modelos (Segurado e Araújo, 2004; Elith *et al.*, 2006; Guisan e Thuiller, 2005). No entanto, para o presente trabalho foi utilizada a proposta de Araújo e New (2007) que sugerem sobrepor os modelos de

distribuição geográfica potencial (i.e. *Ensemble forecasting*), dessa forma, para o presente trabalho, as regiões do Cerrado que apresentam maior sobreposição de modelos indicam regiões de maior certeza de ocorrência da espécie, ou seja, regiões geográficas que apresentam condições climáticas e topográficas favoráveis para o estabelecimento da espécie. Os modelos foram padronizados para variar numa escala entre 0 e 1 (ver Segurado e Araújo 2004).

Para cada população das espécies de plantas do Cerrado selecionadas, foram coletadas informações sobre ocupação humana (*Human footprint*) (Sanderson *et al.*, 2002), que combina dados globais de densidade populacional humana, uso do solo, disponibilidade de acessos (rodovias, hidrovias, etc.) e infraestrutura elétrica. Estes dados em conjunto são utilizados para gerar mapas de índices de ocupação humana, com resolução de 1km² (disponível em: http://www.ciesin.columbia.edu/wild_areas).

Após gerar a distribuição geográfica potencial das espécies baseada em um mapa consenso (i.e. *ensemble*), foram estimados o centro da distribuição geográfica de cada espécie. Posteriormente foi calculada a distância de cada população para o centro da distribuição geográfica da respectiva espécie. Essas distâncias foram correlacionadas (coeficiente de Pearson), com as variáveis genéticas obtidas para cada população da espécie.

4.3. Análise dos dados

Índices explanatórios (analisados independentemente) foram agrupados em dois conjuntos: o primeiro denominado “ecológico” que corresponde à sobreposição de modelos de distribuição geográfica (*ensembled* - *ES*), ou seja, o

soma dos modelos que predisseram a ocorrência da espécie no ponto de coleta de cada população; e o segundo, denominado “humano”, que corresponde ao impacto humano (*Human footprint - HF*) nos locais das populações amostradas.

As correlações obtidas entre as variáveis genéticas e os índices explanatórios e a distância do centro da distribuição potencial de cada espécie foram utilizadas numa meta-análise e sintetizadas com o programa MetaWin 2.0 (Rosenberg *et al.*, 2000). Cada estudo ganhou um peso ponderado (W) de acordo com o tamanho da amostra (número de populações) para o cálculo do efeito do estudo (Y). Ou seja, quanto maior o número de amostras maior o efeito do estudo para a meta-análise. As correlações de cada estudo foram transformadas para a escala de “ z ” de Fisher, dada pela equação:

$$Z = 1 / 2 \ln (1 + r) / (1 - r)$$

A partir da observação dos valores de “ Z ”, é possível encontrar a magnitude do efeito, da variância e do erro padrão de cada estudo. Em seguida, a escala de “ Z ” de Fisher é novamente transformada para os valores das correlações pela equação:

$$r = \frac{\exp\{2Z\} - 1}{\exp\{2Z\} + 1}$$

A somatória do peso de cada estudo (ΣW) dividido pela somatória do peso multiplicado pelo efeito de cada estudo (ΣWY) permite encontrar uma média global. Esta média será utilizada para encontrar uma correlação geral dos estudos.

Para determinar se o conjunto de tamanhos de efeito é homogêneo é calculada a heterogeneidade total de uma amostra através do teste “ Q ” (Hedges e

Olkin, 1985). A heterogeneidade é calculada pela somatória do peso multiplicado pelo tamanho do efeito elevado ao quadrado ($\sum WY^2$) menos a somatória do peso multiplicado pelo tamanho do efeito elevado ao quadrado dividido pela somatória do peso ($\sum W$), de acordo com a seguinte equação:

$$Q = \sum wy^2 - \left(\sum wy^2 / \sum w \right)$$

A significância da heterogeneidade é testada contra uma distribuição de Chi-Quadrado.

A não independência das unidades amostrais (autocorrelação espacial), em uma correlação, pode ocasionar um aumento do erro tipo I, e consequentemente gerando interpretações errôneas em testes de significância baseado em hipótese nula (Hawkins *et al.* 2007). Dessa forma, os testes de significância foram baseados nos graus de liberdade geograficamente efetivos, que foram obtidos através da correção de Dutilleul (DUTILLEUL, 1983). Esta análise foi aplicada sempre que os valores de P foram significativos. As correlações, bem como as correções de Dutilleul quando necessárias, foram feitas usando o programa SAM V.4 (Rangel *et al.* 2010).

5. Resultados e Discussão

5.1 Distribuição geográfica potencial

As espécies selecionadas com seus respectivos marcadores moleculares usados e números de populações estudadas foram:

- 1) *Vellozia epidendroides*: marcadores de isoenzimas em 5 populações (Franceschinelli *et al.*, 2006);
- 2) *Eugenia dysenterica* (cagaita): marcadores de isoenzimas (Telles *et al.*, 2001) e marcadores SSR e RAPD, em 10 populações (Zucchi, 2002);
- 3) *Caryocar brasiliense* (pequi): marcadores de isoenzimas (Melo-Júnior, 2004) em 04 populações e SSR (Collevatti *et al.*, 2001) em 10 populações;
- 4) *Gochnatia pulchra*: marcadores de isoenzimas em 08 populações (Farinaci, 2001);
- 5) *Bulbophyllum ipanemense*: marcadores izoenzimáticos em 04 populações (Bariani, 2007);
- 6) *Dimorphandra mollis* (fava d'anta): marcadores RAPD em 07 populações (Oliveira *et al.*, 2008);
- 7) *Tibouchina papyrus* (pau-papel): marcadores RAPD em 06 populações (Ramos, 2008);
- 8) *Dipteryx alata* (baru): marcadores SSR em 23 populações (Soares, 2009);
- 9) *Solanum lycocarpum* (lobeira): marcadores SSR em 04 populações (Moura, 2007);

Tabela 1. Relação das espécies vegetais contendo a referência do estudo, o marcador molecular utilizado e o número de populações amostradas (N).

Espécie	Autor	Marcador	N
<i>Vellozia epidendroides</i>	Franceschinelli <i>et al.</i> (2006)	Isoenzimas	05
<i>Eugenia dysenterica</i>	Telles <i>et al.</i> (2001); Zucchi <i>et al.</i> (2002);	Isoenzimas RAPD/SSR	10 10
<i>Caryocar brasiliense</i>	Melo-Júnior (2004) Collevatti (2001)	Isoenzimas SSR	04 10
<i>G. pulchra</i>	Farinaci (2001)	Isoenzimas	08
<i>B. ipanemense</i>	Bariani (2001)	Isoenzimas	04
<i>Dimorphandra mollis</i>	Oliveira <i>et al.</i> (2008)	RAPD	07
<i>Tibouchina papyrus</i>	Ramos (2008)	RAPD	06
<i>Dipteryx alata</i>	Soares (2009)	SSR	23
<i>Solanum lycocarpum</i>	Moura (2007)	SSR	04

As espécies apresentaram áreas de distribuição geográficas bastantes distintas, tanto em tamanho quanto em localização (tabela 2). No mapa consenso, foi utilizado um limiar mínimo de adequabilidade igual a 0,6 para a contagem de células sobre a distribuição potencial de cada espécie. Ou seja, na sobreposição dos modelos somente as células que possuíam um valor de 0,6 a 1 (numa escala de 0 a 1) foram contadas para a estimativa do tamanho da distribuição geográfica potencial de cada espécie. Utilizou-se desse limiar por pertencer a uma maioria consenso de sobreposição de modelos. Dessa forma, a espécie que apresentou a maior distribuição potencial foi a *S. lycocarpum* com 255.560 células (aproximadamente 69.104 Km²) e a menor foi a *V. epidendroides* com 4.319 células (aproximadamente 4.088.960 Km²).

Tabela 2. Relação da distribuição geográfica potencial das espécies, por meio do mapa consenso, em número de células e quilômetros quadrados. Em negrito as espécies que apresentaram menor (*V. epidendroides*) e maior (*S. lycocarpum*) distribuição geográfica potencial.

Espécie	Número de Células	Km ²
<i>Vellozia epidendroides</i>	4.319	69.104
<i>Eugenia dysenterica</i>	163.844	2.621.504
<i>Caryocar brasiliense</i>	174.079	2.785.264
<i>Gochnatia pulchra</i>	30.162	482.592
<i>Bulbophyllum ipanemense</i>	31.817	509.072
<i>Dimorphandra mollis</i>	250.221	4.003.536
<i>Tibouchina papyrus</i>	31.817	509.072
<i>Dipteryx alata</i>	220.919	3.534.704
<i>Solanum lycocarpum</i>	255.560	4.088.960

O mapa consenso da *V. epidendroides* (Figura 4.A) demonstrou uma alta adequabilidade (i.e. elevada sobreposição dos modelos, indicando regiões de menor incerteza de ocorrência da espécie) principalmente no Estado de Minas Gerais. Esse dado está de acordo com o esperado para a espécie, uma vez que a literatura relata que a mesma é endêmica da região da Serra do Espinhaço (Franceschinelli, 2006). Também foi demonstrado para essa espécie elevada adequabilidade em regiões do Estado de Mato Grosso e no Distrito Federal.

A espécie *E. dysenterica* apresentou maior sobreposição dos modelos de distribuição geográfica potencial na região central do bioma Cerrado (Figura 4.B). Apesar da *E. dysenterica* ser uma espécie nativa do Cerrado (Almeida, 1998), o modelo de distribuição geográfica potencial sugere a ocorrência dessa espécie no bioma da Caatinga. Entretanto, as regiões de maior adequabilidade estão de fato no Bioma Cerrado, sendo que os Estados de Goiás, Minas Gerais, São Paulo e o Distrito Federal foram os que apresentaram as maiores adequabilidades de habitat, de acordo com a sobreposição dos modelos, para a espécie.

Para *C. brasiliense* observou-se que o mapa consenso indicou a ocorrência dessa espécie principalmente nas regiões do Centro-Oeste e Sudeste do Brasil, sendo que os Estados de Goiás, São Paulo e Minas Gerais apresentaram maior adequabilidade de hábitat para esta espécie (Figura 5.A e 5.B). A espécie *C. brasiliense* apresenta uma ampla distribuição geográfica, ocorrendo desde o Sul do Pará até o Paraná (Almeida *et al.*, 1998). Os dados observados da ocorrência real complementam e corroboram com as predições geradas pelos modelos de distribuição potencial para a espécie em estudo.

Os modelos de distribuição potencial de *G. pulchra* evidenciaram que esta espécie possui distribuição geográfica potencial restrita a região Sudeste do Brasil, ocorrendo principalmente na região central do Estado de São Paulo (Figura 6.A). De acordo com dados da literatura esta espécie ocorre no Cerrado, distribuindo-se principalmente nos Estados de Minas Gerais, São Paulo e Mato Grosso do Sul (Bariani, 2007).

O mapa consenso gerado para *B. ipanemense* sugeriu que a maior adequabilidade de habitat ocorreu principalmente nos Estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Bahia e Goiás e no Distrito Federal (Figura 6.B). Ocorrências observadas desta espécie já foram registradas nos Estados de Goiás, Bahia, São Paulo e Minas Gerais (Farinaci, 2001) corroborando com os modelos de distribuição potencial da espécie.

O mapa consenso da *D. mollis* sugere uma distribuição geográfica potencial principalmente nas regiões do Centro-Oeste, Sudoeste e na região Oeste do Nordeste do Brasil, áreas de ocorrência do Cerrado e da Caatinga. De acordo com a literatura (Almeida, 1998; Oliveira *et al.*, 2008), de fato, *D. mollis* tem

sido encontrada nestes biomas, o que corrobora a distribuição geográfica potencial gerada no presente trabalho. Além de ser observada elevada adequabilidade de habitat principalmente na região central do Estado de São Paulo, Sul de Goiás e Centro-sul de Minas Gerais (Figura 7.A).

A espécie *T. papyrus* distribuiu-se, de acordo com o mapa consenso, principalmente nos Estados de Goiás e Tocantins (Figura 7.B). Evidências na literatura sugerem que *T. papyrus* é apenas restrita as Serras dos Pirineus e Serra Dourada (Montoro e Santos, 2004;). Entretanto atualmente foram coletadas indivíduos desta espécie na Serra de Natividade no Estado de Tocantins (pesquisadores do Laboratório de Genética e Biodiversidade, comunicação pessoal). O mapa consenso indicou a potencial presença desta espécie nessas regiões, confirmando as informações dos dados de presença da espécie.

O mapa consenso da distribuição geográfica potencial do *D. alata* indicou que esta espécie ocorre principalmente na região Centro-oeste e Nordeste do bioma. Apesar de *D. alata* ser uma espécie nativa com ampla distribuição no Cerrado (Soares, 2009; Almeida *et al.*, 1998), sua distribuição geográfica potencial também incide no bioma da Caatinga (Figura 8.A). Entretanto a maior sobreposição de modelos ocorreu principalmente nos Estados de Goiás e Mato Grosso.

A espécie *S. lycocarpum* ocorreu, de acordo com os modelos de distribuição potencial, principalmente na região central do Brasil, com alta adequabilidade nos Estados de São Paulo, Goiás, Minas Gerais, e no nordeste do Estado de Mato Grosso do Sul e no Distrito Federal (Figura 8.B); Essa espécie, de fato, possui uma ampla distribuição geográfica no Cerrado (Ribeiro e Walter, 2008;

Moura *et al.*, 2009) corroborando os modelos de distribuição potencial aplicados à espécie.

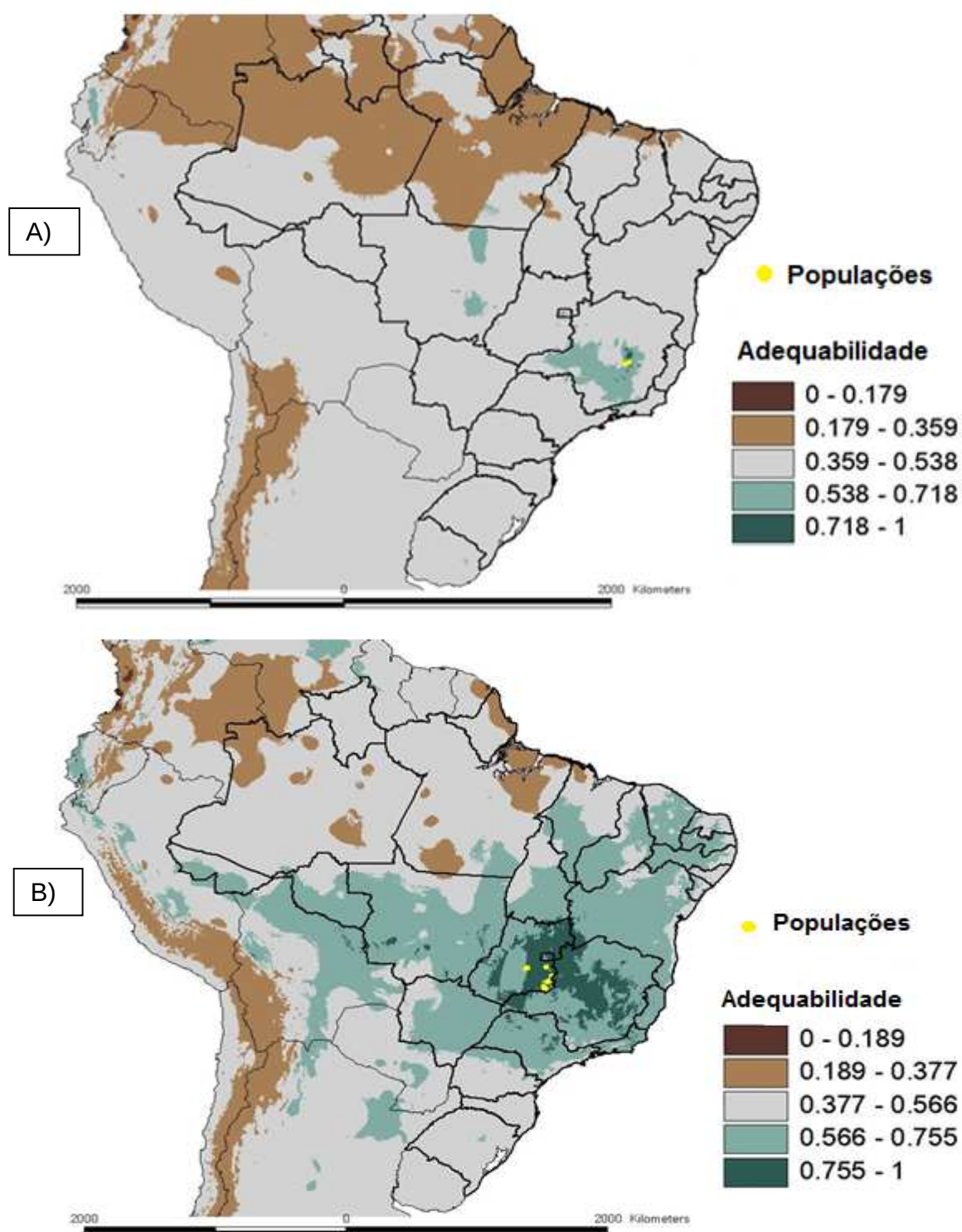


Figura 4. Mapa consenso gerado para a espécie *V. epidendroides* (A) e para a espécie *E. dysenterica* (B);

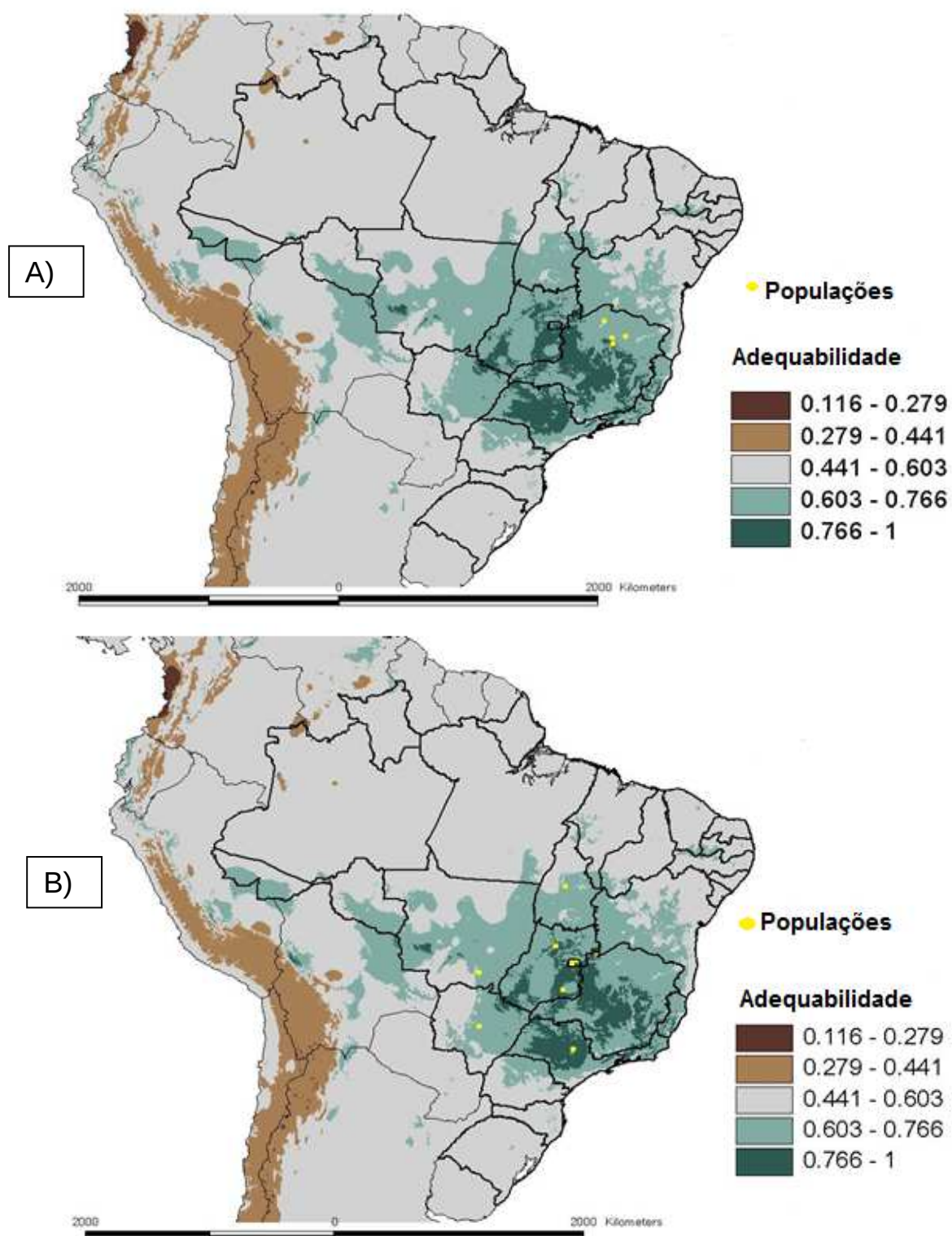


Figura 5. Mapa consenso gerado para *C. brasiliense*: trabalho que utilizou populações com marcadores de isoenzimas (A); trabalho que utilizou populações com marcadores SSR (B);

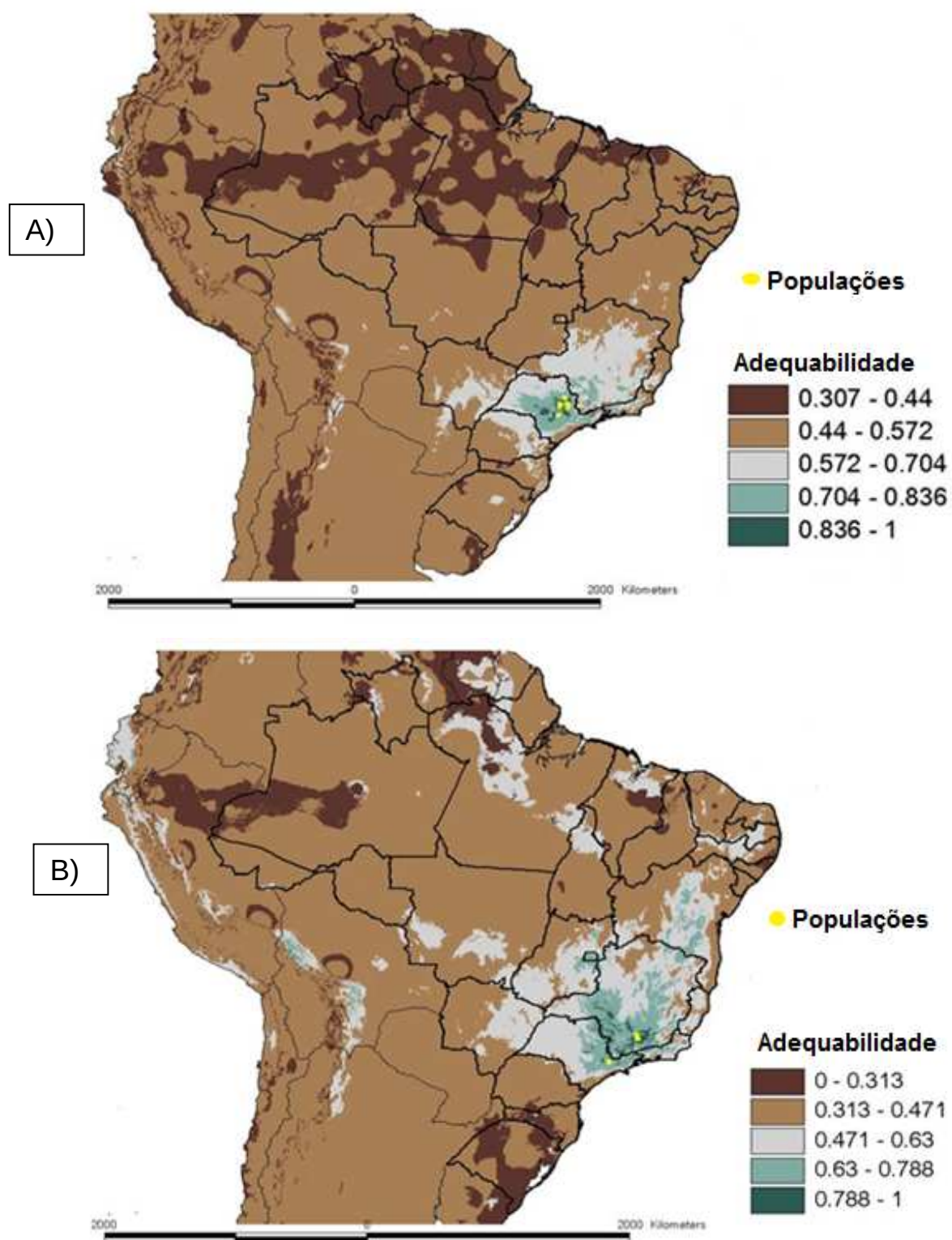


Figura 6. Mapa consenso gerado para a espécie *G. pulchra* (A) e para a espécie *B. ipanemense* (B);

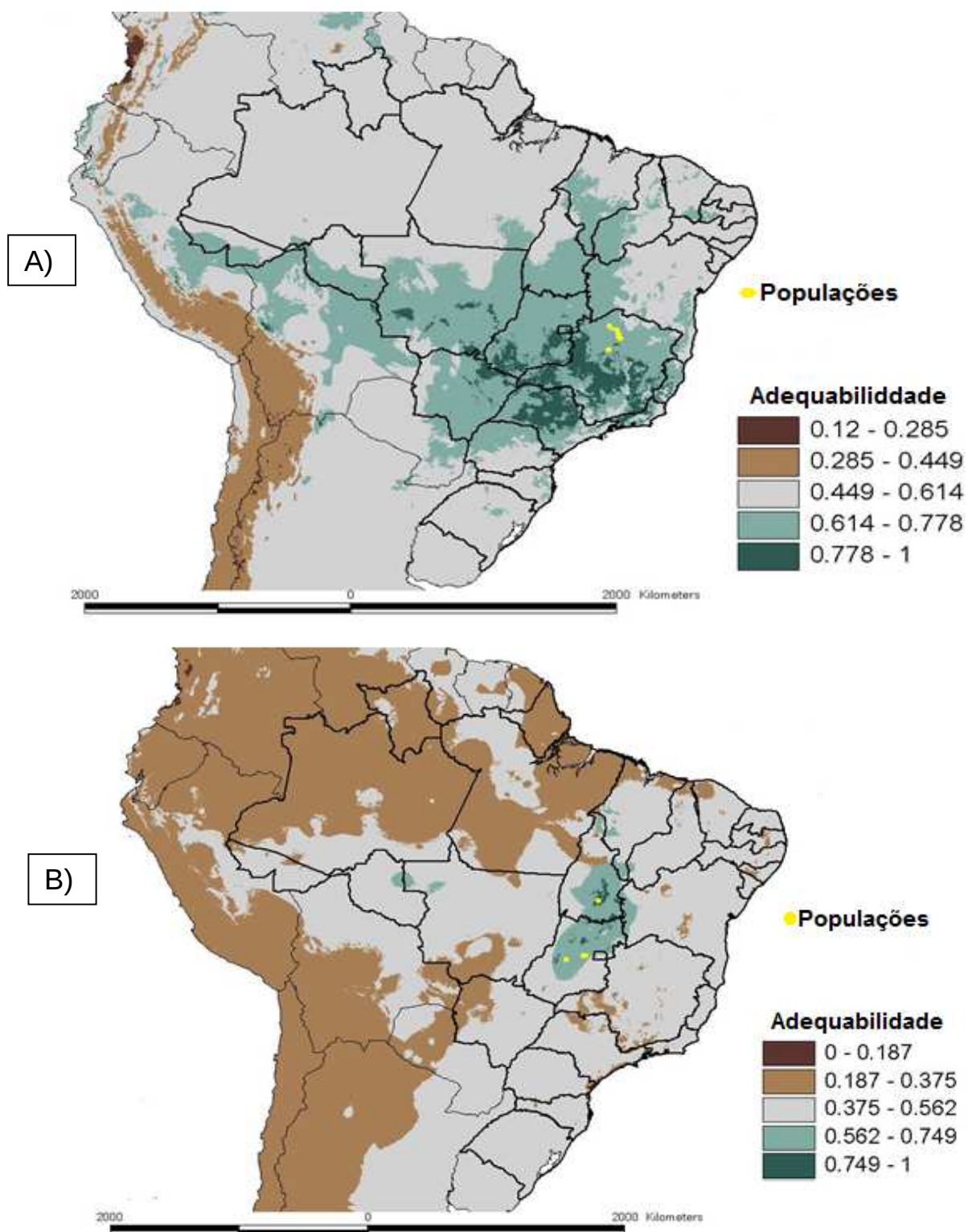


Figura 7. Mapa consenso gerado para a espécie *D. mollis* (A) e para a espécie *T. papyrus* (B);

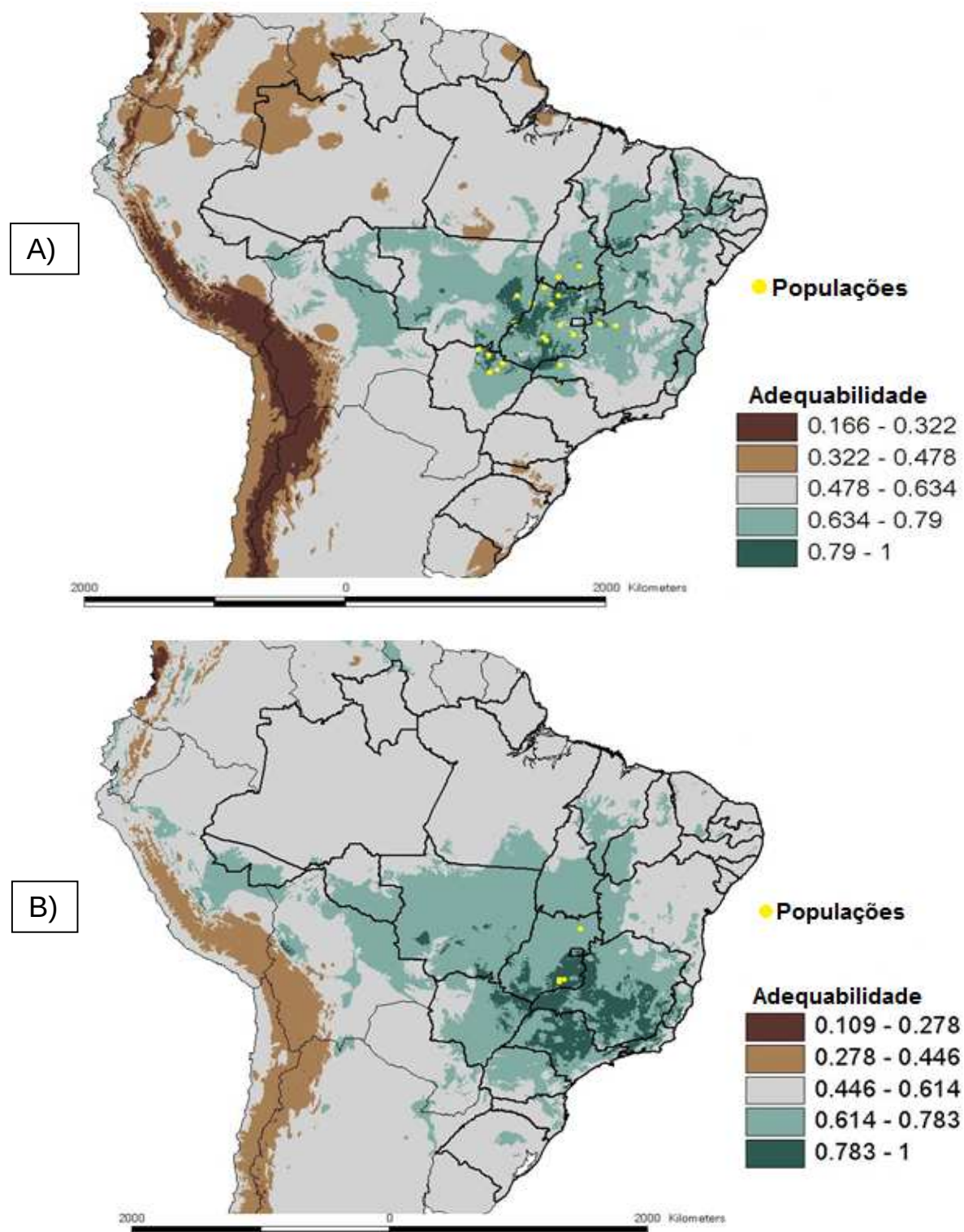


Figura 8. Mapa consenso gerado para a espécie *D. alata* (A) e para a espécie *S. lycocarpum* (B);

O presente estudo corroborou que a modelagem de nicho ecológico pode ser uma importante ferramenta computacional para previsão e possível ocorrência das espécies. Os modelos podem auxiliar na determinação de possíveis áreas de coletas para diferentes estudos (e.g. na distribuição potencial da *T. papyrus* ao norte do Estado de Tocantins) e auxiliar na escolha de áreas prioritárias para conservação destas espécies analisadas, uma vez que apenas 1,6% da área do Cerrado está sob proteção (Aquino e Miranda, 2008). As espécies *V. epidendroides*, *G. pulchra* e *T. papyrus* por possuírem áreas geográficas menores e devido ao acelerado processo de degradação do Cerrado, necessitam de grande atenção em planos de conservação.

5.2. Relação dos parâmetros genéticos com aspectos ecológicos, impacto humano e espaço

A correlação entre todos os estudos genéticos populacionais selecionados (todos os dados genéticos e os coeficientes de correlações destes com os índices explanatórios e com a distância do centro da distribuição potencial de cada espécie estão presente nos anexos) e os índices ecológicos e humanos e a heterozigosidade observada (H_o) tenderam a zero (tabela 3). Apesar disso, houve uma correlação com resultado significativo entre o índice humano (VH) e a heterozigosidade observada ($r = 0,57$; $P = 0,001$) para os estudos com isoenzimas. É necessário mencionar que o intervalo de confiança para este efeito é largo (tabela 3), porém a maior parte está deslocada em direção ao efeito positivo do aumento da ocupação humana com o aumento de heterozigosidade

(IC de 95% de $r = -0,17$ a $0,90$). Este resultado indica um aumento de heterozigosidade observada em lugares com altos índices de ocupação humana.

Nenhum valor significativo foi encontrado para a relação entre a distância do centro de distribuição potencial da espécie (DIS) e a heterozigosidade observada (tabela 3).

O teste da heterogeneidade entre os valores de Z_r não foi significativo para todas as análises (tabela 4), indicando que os estudos contribuíram de forma homogênea para o efeito médio.

Tabela 3. Parâmetro de heterozigosidade observada (Ho) correlacionado com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

Ho	N	IE				IH				DIS			
		Efeito <i>r</i>	IC de 95%	<i>P</i>	gl	Efeito <i>r</i>	IC de 95%	<i>P</i>	gl	Efeito <i>r</i>	IC de 95%	<i>P</i>	gl
MAR													
EMA	11	-0,14	-0,40 a 0,13	0,12	10	0,17	-0,16 a 0,47	0,37	10	-0,26	-0,59 a 0,14	0,07	10
ISO	04	-0,22	-0,78 a 0,54	0,22	3	0,57	-0,17 a 0,90	0,01	4	-0,40	-0,89 a 0,51	0,11	4
RAPD	03	-0,30	-0,99 a 0,99	0,12	1	-0,30	-0,99 a 0,99	0,14	1	-0,09	-0,99 a 0,99	0,37	1
SSR	04	-0,06	-0,53 a 0,43	0,34	3	0,08	-0,41 a 0,55	0,29	3	-0,29	-0,88 a 0,67	0,20	3

MAR, marcador genético utilizado no estudo; N, número de estudos; EMA, todos os estudos de genética populacional reunidos, independente do marcador; ISO, marcadores genéticos de isoenzimas;

Tabela 4. Teste de heterogeneidade “Q” entre os estudos avaliados pelo parâmetro de heterozigosidade observada (Ho) através da meta-análise com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

Ho	IE			IH			DIS		
	Q	<i>P</i>	gl	Q	<i>P</i>	gl	Q	<i>P</i>	gl
MAR									
EMA	6,73	0,75	10	11,16	0,34	10	9,00	0,53	10
ISO	4,06	0,39	3	4,05	0,39	3	4,26	0,37	3
RAPD	0,17	0,67	1	0,09	0,76	1	0,06	0,79	1
SSR	0,81	0,84	3	1,99	0,57	3	2,02	0,56	3

EMA, todos os estudos de genética populacional reunidos, independente do marcador; ISO, marcadores genéticos de isoenzimas;

Nas análises entre os índices ecológicos e humanos e a heterozigiosidade esperada (H_e) (todos os dados genéticos e os coeficientes de correlações destes com os índices explanatórios e com a distância do centro da distribuição potencial de cada espécie estão presente nos anexos) os resultados foram próximos de zero (tabela 5). Entretanto um efeito positivo entre o índice humano e a heterozigiosidade esperada ($r = 0,27$; $P = 0,01$) foi encontrado na relação entre todos os estudos reunidos. O intervalo de confiança na relação de todos os estudos (tabela 5) está deslocado, sua maior parte, em direção ao efeito positivo (IC de 95% de $r = -0,01$ a $0,48$) indicando um aumento de heterozigiosidade esperada em lugares com maior ocupação humana.

Também foram encontrados valores significativos para os estudos com isoenzimas nos índices ecológico e humano e na distância do centro da distribuição potencial da espécie entre a heterozigiosidade esperada (tabela 5). Um efeito negativo foi encontrado entre o índice ecológico e a heterozigiosidade esperada ($r = -0,39$; $P = 0,04$) e entre a distância do centro da distribuição potencial da espécie e a heterozigiosidade esperada ($r = -0,44$; $P = 0,05$). O intervalo de confiança na relação do índice ecológico com a heterozigiosidade esperada (tabela 5) está deslocado, sua maior parte, em direção ao efeito negativo (IC de 95% de $r = -0,72$ a $0,06$) indicando uma diminuição de heterozigiosidade esperada em ambientes com maior adequação ambiental. O intervalo de confiança nos estudos entre a distância do centro da distribuição potencial da espécie com a heterozigiosidade esperada (tabela 5) também está deslocado, sua maior parte, em direção ao efeito negativo (IC de 95% de $r = -0,78$

a 0,11) indicando indicam maior heterozigosidade em lugares mais próximos do centro de distribuição de espécies.

Entre a variável humana e a heterozigosidade esperada, com estudos que utilizaram as isoenzimas, foi encontrado um efeito positivo ($r = 0,50$; $P = 0,02$). O intervalo de confiança desta análise (tabela 5), apesar de largo, está deslocado em direção ao efeito positivo (IC de 95% de $r = 0,02$ a $0,78$) indicando um aumento da heterozigosidade em lugares com maior ocupação humana.

O teste da heterogeneidade entre os valores de Z_r não foi significativo para todas as análises (tabela 6), indicando que os estudos contribuíram de forma homogênea para cada efeito médio.

Tabela 5. Parâmetro de heterozigosidade esperada (He) correlacionado com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

He	N	IE				IH				DIS			
Mar		Efeito <i>r</i>	IC de 95%	<i>P</i>	gl	Efeito <i>r</i>	IC de 95%	<i>P</i>	gl	Efeito <i>r</i>	IC de 95%	<i>P</i>	gl
EMA	11	-0,03	-0,26 a 0,20	0,17	10	0,27	-0,01 a 0,48	0,01	10	-0,30	-0,64 a 0,15	0,09	10
ISO	05	-0,39	-0,72 a 0,06	0,04	4	0,50	0,02 a 0,78	0,02	4	-0,44	-0,78 a 0,11	0,05	4
RAPD	02	0,30	-0,21 a 0,68	0,12	1	0,24	-0,31 a 0,68	0,19	1	0,13	-0,36 a 0,58	0,30	1
SSR	04	0,09	-0,33 a 0,34	0,31	3	0,19	-0,22 a 0,55	0,18	3	-0,41	-0,91 a 0,58	0,21	3

MAR, marcador genético utilizado no estudo; N, número de estudos; EMA, todos os estudos de genética populacional reunidos, independente do marcador; ISO, marcador genéticos de isoenzimas; SSR, marcador genético microsatélite; RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA) marcador molecular;

Tabela 6. Teste de heterogeneidade “Q” entre os estudos avaliados pelo parâmetro de heterozigosidade esperada (He) através da meta-análise com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

He	IE			IH			DIS		
MAR	Q	<i>P</i>	gl	Q	<i>P</i>	gl	Q	<i>P</i>	gl
EMA	11,14	0,43	10	10,20	0,51	10	8,66	0,65	10
ISO	3,20	0,52	4	2,06	0,72	4	3,58	0,46	4
RAPD	1,80	0,40	1	1,97	0,36	1	0,19	0,90	1
SSR	2,99	0,39	3	3,42	0,33	3	2,51	0,47	3

EMA, todos os estudos de genética populacional reunidos, independente do marcador; ISO, marcador genéticos de isoenzimas; SSR, marcador genético microsatélite; RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA), marcador molecular;

Nas análises realizadas para a endogamia (todos os dados genéticos e os coeficientes de correlações destes com os índices explanatórios e com a distância do centro da distribuição potencial de cada espécie estão presente nos anexos), índices ecológicos e humanos e a distância do centro da distribuição potencial da espécie tenderam a zero e não foram significativos (tabela 6).

O teste da heterogeneidade entre os valores de Z_r não foi significativo para todas as análises (tabela 7), indicando que os estudos contribuíram de forma homogênea para o efeito médio.

Tabela 7. Parâmetro de endogamia (f) correlacionada com os índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

f	N	IE				IH				DIS			
Mar		Efeito r	IC de 95%	P	gl	Efeito r	IC de 95%	P	gl	Efeito r	IC de 95%	P	gl
EMA	12	0,05	-0,19 a 0,35	0,33	11	-0,01	-0,39 a 0,36	0,35	11	-0,01	-0,31 a 0,48	0,46	11
ISO	05	-0,09	-0,46 a 0,49	0,48	4	-0,50	-0,86 a 0,22	0,08	4	0,02	-0,65 a 0,67	0,48	4
RAPD	03	0,33	-0,23 a 0,73	0,12	1	0,34	-0,22 a 0,74	0,11	1	0,38	-0,18 a 0,75	0,09	1
SSR	04	0,00	-0,30 a 0,50	0,47	3	0,14	-0,46 a 0,65	0,33	3	-0,13	-0,42 a 0,19	0,21	3

MAR, marcador genético utilizado no estudo; N, número de estudos; EMA, todos os estudos de genética populacional reunidos, independente do marcador; ISO, marcador genéticos de isoenzimas; SSR, marcador genético microsatélite; RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA) marcador molecular;

Tabela 8. Teste de heterogeneidade “Q” entre os estudos avaliados pelo parâmetro de endogamia (f) através da meta-análise com os índices ecológicos (IE), humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

f	IE			IH			DIS		
MAR	Q	P	gl	Q	P	gl	Q	P	gl
EMA	6,33	0,78	10	12,61	0,24	10	11,00	0,35	10
ISO	2,69	0,60	4	4,47	0,34	4	5,06	0,28	4
RAPD	0,99	0,31	1	0,05	0,80	1	0,29	0,58	1
SSR	1,40	0,70	3	3,78	0,28	3	1,61	0,65	3

EMA, todos os estudos de genética populacional reunidos, independente do marcador; ISO, marcador genéticos de isoenzimas; SSR, marcador genético microsatélite; RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA) marcador molecular;

Os resultados do efeito médio entre as heterozigosidades e o índice humano sugerem para as plantas avaliadas nos estudos com marcadores isoenzimáticos apresentam uma alta heterozigosidade em regiões com elevado índice de ocupação humana, contrariando as predições do presente trabalho. Este resultado também foi encontrado na análise, para todos os estudos reunidos, entre o índice humano e a heterozigosidade esperada. Ademais, a predição da relação entre a heterozigosidade esperada e o índice ecológico nos estudos de plantas com marcadores de isoenzimas não foi confirmada, pois no presente trabalho observou-se diminuição das heterozigosidades em habitats mais adequados.

Trabalhos têm demonstrado a influência do impacto humano sobre as alterações genéticas nas populações (Solé-Cava, 2001; Zucchi, 2002; Aguilar *et al.*, 2003; Vergeer *et al.*, 2003; Martins, 2005; Telles, 2005; Leimu *et al.*, 2006; Bariani, 2007; Blanco, 2007; Moura, 2007; Seone, 2007; Aquino e Miranda, 2008; DE Paula, 2009; Moura *et al.*, 2009; Soares, 2009). Bariani (2007) em seu trabalho com *G. pulchra* encontrou resultados que mostram uma forte relação entre o nível de degradação de áreas de Cerrado e o nível de variabilidade genética nas populações desta espécie. A autora encontrou uma correlação positiva ($r = 0,88$; $P = 0,02$) entre o índice de fixação (endogamia) e o aumento de nível de degradação.

A perda de alelos por *locus* é uma das consequências mais evidentes em populações de plantas sujeitas a fragmentação (Aguilar, 2003). Moura (2007) encontrou diferenças significativas no número de alelos entre duas populações de lobeiras em áreas naturais e duas populações de lobeiras em áreas antropizadas, estudadas com o marcador SSR. Em seus resultados, o número de alelo por *locus*

foi maior nas duas populações naturais – População 4 ($\hat{A} = 5,20$) e População 2 ($\hat{A} = 4,20$) – do que nas antropizadas – População 3 ($\hat{A} = 3,60$) e População 1 ($\hat{A} = 2,60$). De acordo com a autora, estes resultados sugerem que a antropização tenha reduzido o número de alelos nas populações. Outro resultado importante encontrado pela autora foi a presença de seis alelos exclusivos na população natural pertencente ao Parque Estadual da Serra de Caldas Novas. Este número é elevado quando comparado à população antrópica localizada no Sul do Estado de Goiás, que apresentou dois alelos exclusivos. A autora sugere ainda, de acordo com os resultados, que populações naturais conservam maior diversidade genética que as populações antropizadas.

Aguilar *et al.* (2003) em um estudo de meta-análise com 101 trabalhos de genética populacionais de plantas encontrou um efeito negativo (Hedge's $d = 23,18$; $P = 0,001$) entre a fragmentação e a heterozigosidade esperada (H_e). Dessa forma, populações que ocorrem em regiões mais fragmentadas apresentaram menor heterozigosidade esperada.

Zucchi (2002) também em seus resultados, com dez populações de cagaita no Cerrado, sugere que as populações estudadas sofreram deriva genética e fluxo gênico restrito devido à antropização dos seus habitats. Blanco (2007) também ressalva, em seus estudos com onze populações de araticum no Estado de Goiás, que apesar da alta diversidade genética presente na espécie (através de elevadas taxas de fluxo gênico que deve ter operado no passado) as populações encontram-se num iminente processo de diferenciação gênica como resultado provável da fragmentação pelo qual o Cerrado vem passando nos últimos anos. Diniz-Filho *et al.* (2009) sugeriram que o isolamento por distância

induzido por efeitos humanos, e consequentemente o aumento do nível de endogamia, estão começando a afetar a variabilidade genética dentro das populações de pequi localizadas no sul do bioma Cerrado.

Aguilar *et al.* (2003) não encontrou nenhuma relação significativa entre o efeito da fragmentação e o coeficiente de endogamia (F_{is}) (Hedge's $d = 0,76$; $P = 0,65$). De acordo com os resultados dos autores o aumento significativo do coeficiente de endogamia em habitats fragmentados só foi observado em estudos de análise de progênies (Hedge's $d = 16,8$; $P = 0,01$).

Os autores também procuraram estabelecer uma correlação entre as variáveis genéticas (H_e e F_{is}) e o número de gerações das espécies. Quanto maior o número de gerações que decorreram em ambientes fragmentados, maior foi o valor negativo da relação do efeito de heterozigosidade esperada ($r = -0,36$; $P = 0,01$). Também foi encontrada uma correlação positiva entre o coeficiente de endogamia e o número de gerações ($r = 0,29$; $P = 0,01$). Ou seja, com o passar das gerações, nos ambientes fragmentados, houve diminuição da heterozigosidade esperada e aumento do coeficiente de endogamia nas espécies utilizadas neste estudo. A idade do fragmento também foi decisiva para explicar a variabilidade genética (H_e). Fragmentos com menos de 50 anos não apresentaram valores significativos entre a variável genética e o efeito de fragmentação. Porém fragmentos com mais de 100 anos apresentaram um forte relação entre o efeito negativo da fragmentação e da variabilidade genética (Hedge's $d = 17.72$; $P = 0,009$). Os autores sugerem ainda em seu trabalho que a fragmentação está mudando os padrões de acasalamento para autofecundação, aumentando os níveis de endogamia populacional.

A ocupação intensa do Cerrado começou principalmente a partir da década de 60 (Klink e Machado, 2005; Sawyer, 2008). O processo de ocupação foi inicialmente baseado na pecuária extensiva, nas monoculturas de grãos, abertura de estradas e na urbanização (Machado *et al.*, 2004). Estas atividades foram desenvolvidas de forma desorganizada e afetando a biodiversidade do Cerrado. Como consequência dessa ocupação desorganizada, atualmente, cerca de 20% do Cerrado encontra-se em seu estado original, com diversas áreas fragmentadas por estas atividades (Aquino e Miranda, 2008).

Assim, é importante salientar que devido à ocupação do Cerrado ser recente (Sawyer, 2008) e que espécies de plantas possuem ciclos de vida longos, as populações podem ainda não estar estruturadas geneticamente nesta nova paisagem do Cerrado. O processo ecológico-evolutivo pode ainda não ter alterado de maneira drástica as taxas de heterozigosidades, que possuem uma correlação positiva com os dados de ocupação humana nas populações de plantas do Cerrado estudadas (tabela 3 e tabela 5). Esses fragmentos recentes, em média 50 anos, também podem explicar as análises de correlações que tenderam a zero para a endogamia.

Dessa forma, estratégias que visem reduzir a fragmentação de hábitat ou promovam “conexões” (e.g. corredores ecológicos) são fundamentais para evitar a diminuição do fluxo gênico populacional. A diminuição do fluxo gênico entre as populações pode elevar os níveis de divergências genéticas interpopulacionais, resultando em uma diferenciação interpopulacional (Blanco, 2007).

A relação entre a heterozigosidade esperada e a distância do centro de distribuição potencial da espécie foi outro resultado significativo encontrado nas

análises. O efeito negativo foi observado na relação entre os estudos que utilizaram marcadores isoenzimáticos (Tabela 5). Esses resultados corroboram com as predições do estudo, em que populações mais distantes do centro de distribuição da espécie apresentam menores valores de heterozigosidade.

De acordo com Gaston (2003) plantas mais afastada do centro de distribuição tendem a perder a variabilidade genética por possuírem menor densidade populacional. Quanto mais periférica do centro de distribuição da espécie, as condições são mais ambientalmente inapropriadas para a espécie (Diniz-Filho *et al.*, 2009). Estas condições inapropriadas diminuem a densidade populacional e consequentemente a heterozigosidade. A relação entre adequabilidade de habitat e a distância do centro, para as espécies selecionadas neste estudo, indicou uma relação negativa ($r = -0,35$; $P = < 0,005$), sugerindo que populações periféricas estão em regiões de menor adequabilidade de hábitat.

Nas margens da distribuição geográfica da espécie, onde as condições são extremamente adversas, somente poucos indivíduos, compondo populações isoladas, conseguem se adaptar. Assim a adaptação as regiões periféricas, se dá por um pequeno número de indivíduos, que obviamente contém uma pequena fração da variabilidade genética apresentada pelas populações centrais (Eckert *et al.* 2008).

Segundo Garcia *et al.* (2006), em trabalhos desenvolvidos com *Drosophila*, as condições menos favoráveis existentes nas regiões periféricas tenderiam a reduzir o tamanho populacional. Em seu trabalho de polimorfismo cromossômico com populações de *D. paulistorum* as populações marginais apresentaram uma quantidade menor de inversões cromossômicas ($n = 3$) do que

populações localizadas mais próximas do centro de distribuição geográfica da espécie. A autora sugere uma expressiva redução no tamanho populacional como causa do resultado encontrado.

Populações pequenas dificilmente podem suportar a contínua produção de heterozigotos menos adaptados e resultantes da segregação de polimorfismos balanceados (Reed e Frankham, 2003; Frankham, 2008). Essa situação também contribui para a seleção a favor dos homozigotos bem adaptados. Um alto número de heterozigotos estruturais seria favorecido no centro da distribuição da espécie. A heterozigoze resultaria em uma melhor adaptação, em meio à variedade de nichos disponíveis, promovendo um aumentando no tamanho populacional (Solé-Cava, 2001). Assim, populações centrais poderiam produzir menos homozigotos, pois teriam maior tamanho populacional e maior possibilidade de cruzamento. Por outro lado, as populações periféricas perdem esta adaptação dos heterozigotos devido a uma menor densidade populacional (Lammi *et al.*, 1999; Ouberg *et al.*, 2010). A seleção favorece os homozigotos retendo as adaptações baseadas em características específicas e geneticamente fixadas. Essa situação poderia explicar o decréscimo da variabilidade nas populações localizadas nas regiões geográficas extremas de sua distribuição (Lammi *et al.*, 1999; Leimu *et al.*, 2006; Eckert *et al.*, 2008).

As reduções nos valores adaptativos aumentam a taxa de mortalidade dos indivíduos distantes do centro de distribuição, podendo levar pequenas populações à extinção (Lammi *et al.*, 1999; Trenton *et al.*, 2004). Populações periféricas isoladas, devido ao aumento fragmentação do Cerrado, podem ser levadas à extinção.

Soares (2009) utilizou medidas de adequabilidade de habitat baseadas em modelagem de nicho para avaliar o modelo central-periférico em populações de *Dipteryx alata* (Baru). A autora não encontrou também nenhuma correlação significativa entre adequabilidade do ambiente e variáveis genéticas (H_e ; f ; A). Diniz-Filho *et al.* (2009) ao unir dados demográficos de pequi, também utilizou modelagens de nicho (adequabilidade ambiental) e variáveis genéticas (H_o ; H_e ; f ; A) para testar o modelo central-periférico e tentar avaliar os padrões e processos envolvidos na estrutura populacional desta espécie. O autor não encontrou correlações significativas entre a modelagem de nicho e as variáveis genéticas.

Marcadores moleculares, apesar de possuírem diferentes naturezas, são do mesmo modo informativos para estudos genéticos populacionais. Em nosso estudo foram utilizados três marcadores moleculares (isoenzimas, RAPD e SSR). Porém apenas nos marcadores isoenzimáticos foram encontrados correlações significativas entre os índices ecológicos e humanos com as heterozigosidades (tabelas 3 e 5). Isto pode ser devido ao fato do viés causado nas estimativas obtidas com marcadores dominantes (RAPD) que são menos informativos que os marcadores codominantes (isoenzimas e SSR).

Além disso, marcadores SSR apresentam limitações, pois é necessário desenvolver *primers* específicos para cada espécie (CAIXETA *et al.* 2006). Como o trabalho molecular com plantas do Cerrado ainda é pouco, existem poucos *primers* desenvolvidos para estas espécies. Sendo necessário a transferência de *primers* de outra espécie filogeneticamente próxima, para a desejada e isso restringe resultando, geralmente, em um menor número de locos, com baixo polimorfismo. Como pode ser constatado nos estudos de Zucchi (2002),

transferência de *Eucalyptus* para *Eugenia* (ambos da família *Myrtaceae*) e de Moura (2007), transferência de *Capsicum spp.* para *Solanum* (ambos família *Solanaceae*), selecionados neste trabalho. Já os estudos de Colevatti *et al.* (2001) utilizaram primers específicos para pequi (*C. brasiliense*) e tiveram valores consideravelmente superiores de polimorfismo para estudos genéticos populacionais de plantas do Cerrado.

Porém mutações no material genético nem sempre levam a alterações na estrutura protéica e nem toda alteração na sequência de aminoácidos provoca diferença na mobilidade eletroforética (SOLFERINI e SCHEEPMACKER, 2001). Esses fatores podem subestimar os níveis de variabilidade.

Nos estudo de Moura (2007) foi verificado diferenças na medida de divergência entre as populações estudadas para os dois tipos de marcadores, isoenzimas e SSR. Resultados com marcadores isoenzimáticos apresentam maior número de alelos exclusivos na área antrópica ($A = 2,00$) que na área natural ($A = 1,86$). Apesar de ser um resultado constratante, a variação foi significativamente reduzida. No entanto, para marcadores microssatélites, o número de alelos por loco foi maior nas duas populações naturais ($A = 5,20$ e $A = 4,20$), do que nas antropizadas ($A = 3,60$ e $A = 2,60$).

Zucchi (2002) também encontrou discrepâncias, em seu estudo com cagaitas (*E. dysenterica*), na estimativa do índice de fixação obtido com os marcadores isoenzimáticos ($f = 0,337$) que não foi concordante com as obtidas com RAPD ($f = 0,071$) e SSR ($f = -0,037$). Apesar de a autora ter encontrado coerência na estimativa de fluxo gênico não houve uma concordância da estimativa do índice de fixação entre os marcadores.

De maneira geral, a metodologia utilizada neste trabalho para a realização de avaliações preliminares da distribuição da estrutura populacional de plantas do Cerrado relacionada às variáveis genéticas demonstrou ser bastante útil e prática. Futuros trabalhos que visem elaborar estratégias de conservação devem considerar aspectos como níveis de ocupação humana, distribuição geográfica da espécie e características genéticas das populações. Contudo, ressaltamos que essas avaliações podem e devem ser revistas à medida que novos trabalhos de genética de populações surgirem e com o passar dos anos, para que se possa ter um melhor entendimento da estruturação genética das populações de plantas no Cerrado. Estudos sobre a estruturação genética estão indiretamente relacionados com a estruturação ecológica, sendo importantes para o delineamento de ações que assegurem o potencial evolutivo das espécies.

Estes dados são de grande importância para estabelecer estratégias de conservação para as espécies, tendo em vista que estas espécies ocorrem em um bioma que vêm sofrendo um rápido processo de devastação. Um melhor entendimento sobre a estruturação genética e ecológica das populações poderá planejar melhores estratégias de conservações, como definições de áreas prioritárias, corredores ecológicos e prioridades de conservação. O conhecimento da estrutura genética espacial pode melhorar a eficiência da amostragem para maximizar a diversidade gênica ou minimizar os cruzamentos endogâmicos.

6. Conclusões

Os resultados apresentados permitem concluir que:

1. As populações naturais que ocorrem em regiões de maior adequabilidade de habitat não apresentaram maiores níveis de heterozigosidade nem menores níveis de endogamia, pois, de acordo com resultados obtidos independente do marcador, não houve valor significativo nas correlações entre as variáveis genéticas e as variáveis ecológicas;
2. As heterozigosidades nas populações de plantas analisadas com marcadores isoenzimáticos apresentaram correlação positiva com os índices de ocupação humana;
3. A maior parte dos resultados evidenciou que populações mais distantes do centro de distribuição da espécie apresentam menores valores de heterozigosidade (observada e esperada), demonstrado pelos coeficientes de correlação negativos. Porém, somente nos estudos que utilizaram marcador de isoenzimas observou-se uma correlação negativa significativa entre heterozigosidade esperada e a distância do centro de distribuição da espécie; Nas outras análises, com outros marcadores, a probabilidade (P) não foi significativa;
4. Nenhuma correlação significativa foi constatada entre o índice de fixação (endogamia) e as variáveis ecológicas, de ocupação humana e com a distância do centro de distribuição da espécie nas meta-análises deste estudo;

7. Referências Bibliográficas

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

AQUINO, F. de G.; e MIRANDA, G. H. B. de. (2008). *Consequências ambientais da fragmentação de habitats no Cerrado*. IN: Cerrado: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P.; RIBEIRO, J. F. (edts.) *Ecologia e Flora*. Embrapa Cerrados, v. 01, 406 p.

ALFENAS, S.A. (1998). *Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos*. Viçosa, UFV, 574p.

ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E. B.; SANO, S. M. RIBEIRO, J. F. (1998). *Cerrado: Espécies vegetais úteis*. Planaltina: EMBRAPA – CPAC, 464p.

ARAÚJO, M. B.; GUIBAN, A. (2006). *Five (or so) challenges for species distribution modelling*. *Journal of Biogeography*, v. 33, n. 10, p. 1677-1688, out.

ARNHEIM, N.; ERLICH, H. (1992). Polymerase Chain Reaction Strategy. *Annual review of Biochemistry*, v 61, p. 131-156.

BARIANI, J. M. *Análise da variabilidade genética em populações de Gochnatia pulchra (ASTERACEAE)*. 60f. Dissertação (Mestre em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia, Campinas, 2007.

BEGON, M.; TOWNSEND, C. R.; HARPER, J. L. (2005). *Ecology: from individuals to ecosystems*. Blackwell, Malden.

BENSUSAN, N. (2006). *Conservação da biodiversidade em áreas protegidas*. FGV.

BLANCO, A. J. V.; PEREIRA, M de F.; COELHO, A. S. G.; CHAVES. L. J. (2007). *Diversidade Genética em populações naturais de araticunzeiro (Annona crassiflora Mart.) por meio de análises de sequências de cpDNA*. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 03, p. 169-175, set.

BOURG, N. A.; McSHEA, W. J.; GILL, D. E. (2005). *Putting a CART before the search: successful habitat prediction for a rare forest herb*. *Ecology*, v. 86, p. 2793-2804.

CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRITO, G. G.; SAKIYAMA, N. S. *Tipos de Marcadores Moleculares*. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T (ed.). *Marcadores moleculares*. Viçosa, 374p, 2006.

CHANNEL, R. e LOMOLINO, M. V. (2000). *Dynamic biogeography and conservation of endangered species*. Nature, v. 403, p. 84-86.

CHARLESWORTH, B. (2009). *Effective population size and patterns of molecular evolution and variation*. Nature Reviews, v. 10, p. 195-206.

CHIARELLO, A. G. (1999). *Effects of fragmentation of the atlantic forest on mammal communities in south-eastern Brazil*. Biological Conservation, v. 89, p. 71-82.

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

CÔRTEZ, L. G. *Modelagem de distribuição de espécies como ferramenta para a conservação de espécies raras de anfíbios do cerrado*. 125f. Dissertação (Mestre em Ecologia e Evolução) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2009.

DE PAULA, G. A. R. *Efeitos da fragmentação de habitats sobre assembléias de abelhas: comparação entre padrões de abundância e biomassa*. 88f. Dissertação (Mestre em Ciências Biológicas) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2009.

Dias, B. F. S. (1992). *Alternativas de desenvolvimento dos cerrado: manejo e conservação dos recursos naturais renováveis*. Fundação Pró-Natureza, Brasília, Distrito Federal. 97p.

DINIZ-FILHO, J. A. F.; BINI, L. M.; BASTOS, R. P.; VIEIRA, C. M.; SOUZA, M. C.; MOTTA, J. A. O.; POMBAL, J. P. Jr.; PEIXOTO, J. C. (2004). *Spatial patterns in species richness and priority áreas for conservation of anurans in the Cerrado region, Central Brazil*. Amphibia-Reptilia, n. 25, p. 63-75.

DINIZ-FILHO, J. A. F.; NABOUT, J. C.; TELLES, M. P. C.; SOARES, T. N.; RANGE, T. F. L. V. B. (2009). *A review of techniques for spatial modeling in geographical, conservation and landscape genetics*. Genetics and Genomes, v. 05, p.617-627, mai.

DURIGAN, G.; SIQUEIRA, M. F.; FRANCO, G. A. D. C.; RATTER, J. A. (2003). *The vegetation of priority áreas for cerrado conservation in São Paulo state, Brazil*. Edinburgh Journal of Botany, v. 60, n. 2, p.217-241.

DUTILLEUL, P. (1993). *Modifyng the t test for assessing the correlation between two spatial processes*. Biometrics, v. 49, n 01, p. 305-314.

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

EITEN G. (1994). Vegetação do Cerrado, p.9-65. in Pinto, M.N. (coord.) *Cerrado: caracterização, ocupação e perspectivas*. 2ed. UnB/SEMATEC, Brasília.

ELITH, J., GRAHAM, C.H., e NCEAS Modeling Group. (2006). *Novel methods improve prediction of species? Distributions from occurrence data*. *Ecography*, v.29, n. 02, p. 129-151, Apr.

Elmendorf, S. C.; Moore, K. A. (2009). *Community composition data outperforms environmental data in predicting species' fecundity and abundance*. *Conservation Biology*, v. 22, n. 06, p. 1523-1532.

ELAM, D. R. (1998). *Population genetic of Vernal pool plants: theory, data and conservation implications*. p. 180-189. In: WITHAM, C. W.; BAUDER, E. T.; BELK, D.; ORNDUFF, R. (eds.). *Ecology, conservation and management of Vernal pool ecosystems*. Conferência da Sociedade de Plantas Nativas, Sacramento.

ELTON, C. (1927). *Animal ecology*. Sidgwick e Jackson.

ERLICH, H. A; GELFAND, D; SNINSKY, J. J. (1991). *Recent Advances in the Polymerase Chain Reaction*. *Science*, v. 252, n. 5013, p. 1643-1651.

EMBRAPA: O Cerrado Brasileiro. Disponível em: <<http://cerradobrasil.cpac.embrapa.br/>>. Acesso em 03 de fev. de 2009.

FARBER, O.; KADMON, R. (2003). *Assessment of alternative approaches for bioclimatic modeling with special emphasis on the Mahalanobis distance*. *Ecological Modelling*, v. 160, p. 115-130.

FARINACI, J. P. *Variabilidade genética em algumas espécies Bulbophyllum Thouars (ORCHIDACEAE) de campos rupestres*. 58f. Dissertação (Mestre em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia, Campinas, 2001.

FERREIRA, M. E.; e GRATTAPAGLIA, D. (1998). *Introdução ao Uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética*. 2.ed. Brasília: Embrapa - Cenargen, 220p.

FIGUEIREDO, W. M. B.; SILVA, J. M. C.; SOUZA, M. A.de; (2006). Biogeografia e a Conservação da Biodiversidade. In: ROCHA, C. F.D., BERGALLO, H. G.; SLUYS, M. V.; ALVES, M. A. A.; *Biologia da Conservação: Essências*. Capítulo 6. Rima editora, Rio de Janeiro, 588p.

FRANCESCHINELLI, E. V.; JACOBI, C. M.; DRUMMOND, M. G.; RESENDE, M. F. S. (2006). *The Genetic Diversity of two brazilian Vellozia (Velloziaceae) with different patterns of spatial distribution and pollination Biology*. *Annals of Botany*, v. 97, p. 585-592, jan.

FRANKHAM, R. (1995). *Conservation genetics*. Annual Review of Genetics, v. 29, p. 305-327.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. (2008). A. *Fundamentos de Genética da Conservação*. Ribeirão Preto, SP: SBG -Sociedade Brasileira de Genética, 280p.

GARCIA, A. C. L. *Evolução cromossômica da superespécie Drosophila paulistorum e ecologia de populações marginais*. 186 f.Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006.

GARCIA, A. C. L.; Valiati, V. H.; Gottshalk, M. S.; Rohde, C.; e Valente, V. L. da S. (2008). *Two decades of colonization of the urban environment of Porto Alegre, southern Brazil, by Drosophila paulistorum (Diptera, Drosophilidae)*. Iheringia, Série Zoologia [online], v. 98, n. 03, p. 329-338.

GASTON, K. J. (2003). *The structure and dynamics of geographic ranges*. Oxford University Press, Oxford.

GIOVANELLI, J. G. R.; ARAUJO, C. O.; HADDAD, C. F. B.; ALEXANDRINO, J. (2008). *Modelagem de nicho ecológico de Phyllomedusa ayeaye (Anura: Hylidae): previsão de novas áreas de ocorrência para uma espécie rara*. Neotropical Biology and Conservation, v. 03, n. 02, p. 59-65.

GIULIETTI, A. M. e FORERO, E. (1990). "Workshop" diversidade taxonômica e padrões de distribuição das angiospermas brasileiras. Introdução. Acta Botanica Brasílica, v. 04, p. 3-9.

GRINNELL, J. (1924). Geography and evolution. Ecology, v. 05, p. 225-229.

GUISAN, A.; THOMAS C. EDWARDS, J.; HASTIE, T. (2002). *Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene*. Ecological Modelling, v.157, n.2, p.89-100, nov.

GUISAN, A.; THUILLER, W. (2005). *Predicting species distribution: offering more than simple habitat models*. Ecology Letters, v. 08, n. 09, p. 993-1009, set.

GUISAN, A.; ZIMMERMANN, N. E. (2000). *Predictive habitat distribution models in ecology*. Ecological Modelling, v. 135, n. 02, p. 147-186, dez.

GRAHAM, C. H.; FERRIER, S.; HETTMAN, F.; MORITZ, C.; PETERSON, A. T. (2004). *New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis*. Tree, v. 19, p. 497-503.

Hawkins, B.A., Diniz-Filho, J.A.F., Bini, L.M., de Marco, P. & Blackburn, T.M. (2007). *Red herrings revisited: spatial autocorrelation and parameter estimation in geographical ecology*. *Ecography*, v. **30**, p. 375 – 384.

HAY, J. D.; BIZERRIL, M. X. (2000). *Comparação do padrão da distribuição espacial em escalas diferentes de espécies nativas do cerrado, em Brasília, DF*. *Revista Brasileira de Botânica*, v. 23, n. 03, p. 341-347.

HIJMANS, R. J.; GUARINO, L.; BUSSINK, C.; BARRANTES, I.; ROJAS, E. *DIVA-GIS, Version 5.2.*, 2005. Disponível em: <<http://www.diva-gis.org>> Acesso em: 04 de nov. de 2008.

HEDGES, L. E OLKIN, I.; (1985). *Statistical methods for meta-analysis*. New York, EUA: Academic Press., 369p.

HEDRICK, P. W. (2000). *Inbreeding depression in conservation biology*. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*: v. 31, p. 139-162.

HOLSINGER, K. E.; WEIR, B. S. (2009). *Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{st}*. *Nature Reviews*: v.10, p.639-742.

HUGHES, A. R.; INOUE, B. D.; JOHSON, N. U.; VELLEND, M. (2008). *Ecological consequences of genetic diversity*. *Ecology Letters*, v. 11,p. 609-623.

HUTCHINSON, G. E. (1957). *Concluding remarks*. *Cold Spring Harbor Symp. Quantitative Biology*, v. 22, p. 415-427.

ISPN. Instituto Sociedade, População e Natureza. (2007). Brasília. Fact sheet: *Desmatamento no Cerrado*.

IWASHITA, F. *Sensibilidade de modelos de distribuição de espécies a erros de posicionamento de dados de coleta*. 103f. Dissertação (Mestrado em Sensoriamento Remoto) - Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais (INPE), São José dos Campos, 2008.

KLINK, C. A.; eMACHADO, R. B. (2005). *A conservação do cerrado*. *Megadiversidade*, v. 01, p. 147-155.

LACERDA, D. R.; ACEDO, M. D. P.; FILHO, J. P. L.; LOVATO, M. B. (2002). *A técnica de RAPD: uma ferramenta em estudos de conservação de plantas*. *Lundiana*, v. 03, p. 87-92.

LAMMI, A.; SIIKAMÄKI, P.; MUSTAJÄRVI, K. (1999). *Genetic diversity, population size, and fitness in central and peripheral populations of a rare plant Lychnis viscaria*. *Conservation Biology*, v. 13, n. 05, p. 1069-1078.

LAGE, E. de A. *Estrutura populacional e padrão espacial da variabilidade genética em bandos de Tayassu pecari (Link, 1975) do Parque Nacional das Emas*. 76 f. Dissertação (Mestrado em Ecologia e Evolução) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.

LEIMU, R.; MUTIKAINEN, P.; KORICHEVAS, J.; FISCHER, M. (2006). *How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation?* Journal of Ecology, v. 94, p. 942-952, sept.

LEWONTIN, R. C.; e HUBBY, J. L. (1966). A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations. II. Amount of variation and degree of heterozygosity in natural populations of Drosophila pseudoobscura. Genetics, v. 54, n. 02, p. 595-609.

LOPES, R.; LOPES, M. T. G.; OLIVEIRA, A. V.; CAMARGO, L. E. A.; FUNGARO, M. H. P.; CARNEIRO, M. S. (2005). *Marcadores moleculares dominantes (RAPD e AFLP)*. Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento, n. 29, p. 56-60.

LOVELESS, M. D.; e HAMRICK, J. L. (1984). *Ecological determinants of genetic structure in plant populations*. Ecol. Syst., v. 15, p. 65-95.

MACHADO, R. B.; RAMOS NETO, M. B.; PEREIRA, P. G. P.; CALDAS, E.; GONÇALVES, D. A.; SANTOS, N. S.; TABOR, K.; STEININGER, M. (2004). *Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro*. Relatório técnico não publicado. Conservação Internacional, Brasília, DF.

MEDEIROS, C. DA F. L.; CARDOSO, M. A.; FERREIRA, P. C. G. (2006). *Uso de microssatélites em estudos de biologia da conservação*. Floresta e Ambiente, v. 13, n. 02, p. 25-36.

MARTINS, K. *Diversidade genética e fluxo gênico via pólen e sementes em populações de Solanum lycocarpum St. Hil. (Solanaceae) no Sudoeste de Goiás*. 128p. Tese (Doutorado em Agronomia – Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

MELO-JÚNIOR, A. F. de; CARVALHO, D. de; PÓVOA, J. S. R.; BEAZOTI, E. (2004). *Estrutura genética de populações naturais de pequi (Caryocar brasiliense Camb.)*. Scientia Forestalis, n.66, p.56-65, dez.

MILACH, S. C. K. (2005). *Marcadores de DNA*. Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento, n. 29, p. 14-17.

MITTERMEIER, R. A.; MYERS, N.; MITTERMEIER, C. G.; GIL, P. R. (1999). *Hotspots: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions*. CEMEX Conservation International, Mexico, 430.

MOORE, K. A.; e ELMENDORF, S. C. (2006). *Propagule vs. niche limitation: untangling the mechanisms behind plant species' distributions*. Ecology Letters, vol. 09, p. 797–804.

MONTOURO, G. R.; SANTOS, M. L. (2004). *Fenologia e biologia reprodutiva de Tibouchina papyrus (Pohl.) Toledo no Parque Estadual da Serra dos Pirineus*. Trabalho de conclusão de curso - Universidade Estadual de Goiás, Anápolis.

MOURA, T. M. *Estrutura genética populacional em lobeira (Solanum Lycocarpum, A. St. Hil., Solenaceae), em ambientes naturais e antropizados do estado de Goiás*. 98f. Dissertação (Mestre em Ecologia) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2007.

MOURA, T. M.; SEBBENN, A. M.; CHAVES, L. J.; COELHO, A. S. G.; OLIVEIRA, G. C. X.; KAGEYAMA, P. Y.; (2009). Diversidade e estrutura genética espacial em populações fragmentadas de Solanum spp. do Cerrado, estimadas por meio de locos microsatélites. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 37, n. 82, p. 143-150.

MULLIS, K.B.; FALOONA, F.A. (1987). *Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction*. Methods in Enzymology, v. 155, part f, p. 335-350.

MYERS, N. (1988). *Threatened biotas: “Hot spots” in tropical forests*. The Environmentalist, v. 08, p. 01-20.

MYERS, N.; MITTERMEIER, C. G.; MITTERMEIER, G. A. B.; e KENT, J. (2000). *Biodiversity hotspots for conservation priorities*. Nature, n. 403, p. 853-858.

NABOUT, J. C.; DE MARCO Jr., P.; BINI, L. M.; DINIZ-FILHO, J. A. F. (2009). *Distribuição geográfica potencial de species americanas do caranguejo “violinista” (Uca spp.) (crustacea, decapoda) com base em modelagem de nicho ecológico*. Iheringia. Série Zoologia, v. 99, n. 01.

NEI, M. (1973). *Analysis of gene diversity in subdivided populations*. Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 70, n. 12, p. 3321-3323.

NEI, M. (1978). *Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual*. Genetics, n. 89, p. 583-590.

OLIVEIRA, D. A. de; PAULA, M. F. B.; PIMENTA, M. A. S.; BRAGA, R. F.; FERREIRA, M. F. M.; RODRIGUES, L. A. (2008). *Variabilidade Genética de populações de favad'anta (Dimorphandra mollis) da região norte do estado de Minas Gerais*. Revista Árvore, Viçosa, v. 32, n. 02, p. 355-363.

ORTEGA-HUERTA, M. A.; PETERSON, A. T. (2004). *Modelling spatial patterns of biodiversity for conservation prioritization in North-eastern Mexico*. Diversity and Distributions v.10, p. 39-54.

OUBORG, N. J.; PERTOLDI, C.; LOESCHCKE, V.; BIJLSMA, R.; HEDRICK, P. W. (2010). *Conservation genetics in transition to conservation genomics*. Trends Genetic: v. 26, p. 177-187.

Passos, M. M. dos. (2003). *Biogeografia e Paisagem*. 2º ed., Maringá.

PEARCE, J; LINDENMAYER, D. (1998). *Bioclimatic analysis to enhance reintroduction biology of the endangered helmeted honeyeater (Lichenostomus melanops cassidix) in southeastern Australia*. Restoration Ecology v. 06, p. 238–243.

PEARSON, R. G.; DAWSON, T. P. (2003). *Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful?* Global Ecology e Biogeography v. 12, p. 361–371.

PEARSON, R. G.; RAXWORTHY, C. J.; NAKAMURA, M. & PETERSON, A. T. 2007. *Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar*. Journal of Biogeography, v. 34, p. 102 - 117.

PEREIRA, J. B. da S.; ALMEIDA, J. R. (2004). Biogeografia e geomorfologia. In: GUERRA, A. J. T.; CUNHA, S. B. (orgs.). *Geomorfologia e Meio Ambiente*. Bertrand Brasil, 5ª ed., 394 p.

PETERSEN, L. R.; ROEHRIG, J. T. (2001). *West Nile virus: A reemerging global pathogen*. Emerging Infectious Diseases, v. 07 p. 1-10.

PETERSON, A. T. (2001). *Predicting Species' Geographic Distributions Based On Ecological Niche Modeling*. Condor, v. 103, n.3, p.599–605.

PHILLIPS, S. J.; ANDERSON, R. P.; SCHAPIRE, R. E. (2006). *Maximum entropy modeling of species geographic distributions*. Ecological Modelling, v. 190, n. 3-4, p. 231-259, jan.

PHILLIPS, S. J.; e DUDÍK, M. (2008). *Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and comprehensive evaluation*. Ecography, v. 31, n. 02, p. 161 -175.

PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E. (2001). *Biologia da conservação*. Londrina: E. Rodrigues, 328 p.

PULLIAM, H. R. (2000). *On the relationship between niche and distribution*. Ecology Letters, v. 03, p. 349-361.

RAMOS, J. R.; *Avaliação da repetibilidade de marcadores RAPD e variabilidade genética intrapopulacional em Tibouchina papyrus (pohl) Toledo*. 127f. Dissertação (Mestre em Genética) – Universidade Católica de Goiás, Goiânia, 2008.

RANGEL, T. F. L. V. B.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; BINI, L. M. (2010). SAM v. 4 – Spatil Analysis in Macroecology (Software and User's Guide).

RATTER, J. A., BRIDGEWATER, S.; RIBEIRO, J. F. (2003). *Analysis of the floristic composition of the Brazilian Cerrado vegetation*. Edinburgh Journal of Botany, v. 60, n. 01, p. 57-109.

REATTO, A.; CORREIA, J. R.; SPERA, S. T.; MARTINS, E. S. (2008). *Solos do bioma Cerrado*. IN: Cerrado: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P.; RIBEIRO, J. F. (eds.) *Ecologia e Flora*. Embrapa Cerrados, v. 01, 406 p.

REED, D.; e FRANKHAM, R. (2003). *Correlation between fitness and diversity genetic*. Conservation Biology, v. 17, n. 01, p. 230-237.

REIS, R. L.; MUNIZ, J. A.; e SILVA, F. F.; SÁFADI, T.; e AQUINI, L. R. (2009). *Abordagem bayesiana da sensibilidade de modelos para o coeficiente de endogamia*. Ciência Rural, v. 06, n. 09.

RIBEIRO, J. F.; WALTER, B. M. T. (1998). *Fitofisionomias do bioma cerrado*. In: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P. de. Cerrado: Ambiente e Flora. Planaltina: Embrapa/CPAC, p. 87-166.

RIBEIRO, J. F.; WALTER, B. M. T. (2008). *Flora do Cerrado*. IN: Cerrado: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P.; RIBEIRO, J. F. (eds.) *Ecologia e Flora*. Embrapa Cerrados, v. 02, 1.279 p.

ROBERTS, C. M.; McCLEAN, C. J.; VERON, J. E. N.; HAWKINS, G. R.; McALLISTER, D. E.; MITTERMEIER, F. W.; SCHUELER, F. W.; SPALDING, M.; WELLS, F. VYNNE, C.; WERNER, T.B. (2002). *Marine biodiversity hotspots and conservation priorities for tropical reefs*. Science, n. 295, p.1280-1284.

RODRIGUES, J. P.; BROTONS, L.; BUSTAMANTE, J.; SEOANE, J. (2007). *The application of predictive modeling os species distribution to biodiversity conservation*. Diversity and Distribution, v. 13, p. 243-251.

ROSENBERG, M. S.; ADAMS, D. C.; GUREVITCH, J. (2000). *MetaWin statistical software for meta-analysis*. Version 2.0. Sinauer Associates, Massachusetts, Sunderland.

RUSHTON, S. P.; ORMEROD, S. J.; KERBY, G. (2004). *New paradigms for modeling species distributions?* Journal of Applied Ecology, v. 41, n. 2, p. 193-200, abr.

SANDERSON, E. W.; JAITEH, M.; LEVY, M. A.; REDFORD, K.H.; WANNEBO A.V.; WOOLMER, G. (2002). *The human footprint and the last of the wild*. Bioscience, v. 52, p. 891-904..

SAWYER, D. (2008). *Climate change, biofuels and eco-social impacts in the Brazilian Amazon and Cerrado*. The Royal Society Biological Sciences, n. 27, p. 1747-1752.

SEBBEN, A.M.; KAGEYAMA, P.Y.; VENCovsky, R. (2003). *Conservação genética in situ e número de matrizes para a coleta de sementes em população de Genipa americana L.* Scientia Forestalis v.63, p.13-22.

SECHREST, W.; BROOKS, T. M.; da FONSECA, G. A. B.; MITTERMEIER, R. A.; PURVIS, A.; RYLANDS, A. B.; e GITLEMAN, J. L. (2002). *Hotspots and conservation priorities of evolutionary history*. Proceedings of National Academy of Science, n. 99, p. 2067-2071.

SEGURADO, P.; ARAUJO, M. B. (2004). *A evaluation of methods for modelling species distributions*. Journal Biogeography, v.31, n.10, p.1555-1568.

SELKOE, K.A.; TOONEN, R.J. (2006). *Microsatellites forecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers*. Ecology Letters, v. 09, n. 05, p. 615-629.

SEOANE, C. E. S. (2007). *Efeitos da fragmentação florestal sobre a genética de populações de guarantã*. Boletim Informativo, Embrapa Florestas, Documento 159, Colombo, Paraná.

SIQUEIRA, M. F.; DURIGAN, G. (2007). *Modelagem da distribuição geográfica de espécies lenhosas de cerrado no Estado de São Paulo*. Revista Brasileira de Botânica, v. 30, p. 239-249.

SOARES, T.N. *Estrutura genética populacional e fluxo gênico Dipteryx alata Vogel (FABACEAE) no cerrado*. 116f. Tese (Doutora em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2009.

SOBERÓN, J. (2007). *Grinnellian and Eltonian niches and geographic distribution of species*. Ecol Letters, v. 10, p. 1115-1123.

SOLÉ-CAVA, A. M. (2001). *Biodiversidade molecular e genética da conservação*. In: MATIOLI, S. R. Biologia Molecular e Evolução. Ribeirão Preto: Holos Editora, p.172-192.

SOLFERINI, V. N.; SCHEEPMAKER, D. S. *Polimorfismo de Isoenzimas*. In: MATIOLI, S. R. Biologia Molecular e Evolução. Ribeirão Preto: Holos, p. 147-142, 2001.

STORFER, A.; MURPHY, M. A.; EVANS, J. S.; GOLDBERG, C. S.; ROBINSON, S.; SPEAR, S. F.; DEZZANI, R.; DELMELLE, E.; VIERLING, L.; WAITS, L. P. (2007). *Putting the landscape in landscape genetics*. *Heredity*, v. 98, p. 128-142.

SUNNUCKS, P. (2000). *Efficient markers for population biology*. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 15, p. 199-203.

TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; COELHO, A. S.; CHAVES, L. J. (2001). *Autocorrelação das frequências alélicas em subpopulações de cagaiteira (Eugenia dysenterica DC., Myrtaceae) no sudeste de Goiás*. *Revista Brasileira de Botânica*, São Paulo, v.24, n.2, p. 148-154, jun.

TERRIBLE, L. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; DE MARCOR Jr., P. (2008). *How many studies are necessary to compare niche-based models for geographic distributions? Inductive reasoning may fail at the end*. *Brazilian Journal Biology*, v. 70, n. 02, p. 263-269.

THUILLER, W.; LAVOREL, S.; ARAÚJO, M. B. (2005). *Niche properties and geographical extent as predictors of species sensitivity to climate change*. *Global Ecology and Biogeography* v.14, p.347-357.

TOWSEND, C.R.; BEGON, M.; HARPER, J.L. (2006). *Fundamentos em ecologia*. 2ª edição, 1ª reimpressão. Artmed, Porto Alegre, 592 p.

TRENTON, W. J. G.; PEARMAN, P. B.; ANGELONE, S. (2004). *Genetic diversity species' range: a test of the central-peripheral hypothesis*. *Molecular Ecology*, v.13, p.1047-1053.

VAN DER BANK, H.; VAN DER BANK, M. E VAN WIK, B. E. (2001). *A review of the use of allozyme electrophoresis in plant systematics*. *Biochemical Systematics and Ecology*, v. 29, p. 469-483.

VERGEER, P.; RENGELINK, R.; COPA, A.; OUBORG, J. (2003). *The interacting effects of genetic variation, habitat quality and population size on performance of Succisa pratensis*. *Journal of Ecology*, v. 91, p. 18-26.

WARMING, E. 1908. *Lagoa Santa, contribuição para a geographia phytobiológica*. Belo Horizonte, Imprensa Oficial do Estado de Minas Gerais, 282p.

Wiens, J. J.; e Donoghue, M. J. (2004). *Historical biogeography, ecology and species richness*. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 19, n. 12, p.639-644.

ZANE, L.; BARGELLONI, L.; PATARNELLO, T. (2002). *Strategies for microsatellite isolation: a review*. *Molecular Ecology*, v. 11, n. 1, p. 1-16.

ZUCCHI, M. *Análise da estrutura genética de Eugenia dysenterica DC utilizando marcadores RAPD e SSR*. 148 f. Tese (Doutora em Agronomia) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2002.

8. Anexos

Tabela 9. Localização das populações de *V. epidendroides* (longitude – Long; e latitude - Lat) com seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-43,73	-19,33	0,41	0,42	-0,02	0,63	-6,99	1,39
-43,73	-19,33	0,48	0,34	0,29	0,63	-6,99	1,39
-43,73	-19,33	0,48	0,38	0,21	0,63	-6,99	1,39
-43,50	-19,20	0,38	0,25	0,35	0,69	-6,97	1,55
-43,50	-19,20	0,27	0,18	0,36	0,69	-6,97	1,55

N = Foram recolhidos 106 indivíduos das 05 populações

Tabela 10. Localização das populações de *E. dysenterica* (longitude – Long; e latitude - Lat), que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	Ho	He	f	IE	IH	DIS
-47,93	-18,17	12	0,16	0,23	0,30	0,90	1,07	2,88
-48,08	-18,03	12	0,16	0,27	0,40	0,90	-0,06	2,73
-47,98	-18,28	12	0,18	0,22	0,22	0,73	-0,31	2,90
-47,86	-18,30	12	0,22	0,29	0,25	0,73	-0,06	2,97
-47,82	-17,66	12	0,14	0,23	0,40	0,67	-1,19	2,72
-47,72	-17,60	12	0,16	0,27	0,38	0,85	-0,88	2,75
-47,52	-17,24	06	0,22	0,35	0,31	0,79	-0,73	2,75
-47,86	-16,54	12	0,20	0,26	0,26	0,85	-0,31	2,34
-49,30	-16,71	12	0,21	0,38	0,44	0,69	2,21	1,48
-49,15	-16,63	12	0,21	0,36	0,33	0,85	0,25	1,53

Tabela 11. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *C. brasiliense*, que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, que com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-44,36	-15,48	120	0,52	0,74	-0,42	0,63	-1,74	3,11
-43,86	-16,71	120	0,53	0,82	-0,55	0,71	-1,75	2,80
-42,88	-16,56	120	0,45	0,58	-0,30	0,73	-1,74	3,45
-43,8	-17,11	120	0,50	0,74	-0,51	0,73	-1,75	2,70

Tabela 12. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *G. pulchra* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-47,46	-21,70	39	0,41	0,02	0,95	0,79	-3,42	0,87
-47,18	-22,36	39	0,21	0,05	0,77	0,86	-3,41	1,04
-47,78	-22,25	31	0,19	0,04	0,80	0,81	-3,41	0,62
-47,93	-22,96	35	0,25	0,01	0,95	0,74	-3,42	0,81
-47,80	-22,15	33	0,21	0,08	0,65	0,83	-3,41	0,59
-47,80	-22,31	45	0,14	0,04	0,74	0,87	-3,41	0,61
-47,26	-22,16	38	0,22	0,03	0,86	0,81	-3,41	0,97
-47,80	-22,28	28	0,16	0,01	0,97	0,87	-3,41	0,61

Tabela 13. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *B. ipanemense* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-46,45	-20,21	40	0,42	0,44	-0,04	0,69	-1,18	2,71
-43,35	-21,75	39	0,44	0,41	0,07	0,94	-1,18	1,59
-46,60	-21,20	31	0,37	0,32	0,12	0,75	-1,17	1,55
-44,65	-21,78	25	0,43	0,41	0,05	0,83	-1,18	1,39

Tabela 14. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *E. dysenterica*, que utilizaram RAPD como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	Ho	He	f	IE	IH	DIS
-47,93	-18,17	12	0,16	0,19	0,18	0,90	1,07	2,88
-48,08	-18,03	12	0,11	0,22	0,49	0,90	-0,06	2,73
-47,98	-18,28	12	0,15	0,16	0,03	0,73	-0,31	2,90
-47,86	-18,03	12	0,17	0,20	0,14	0,73	-0,06	2,97
-47,82	-17,06	12	0,21	0,20	-0,13	0,67	-1,19	2,72
-47,72	-17,6	12	0,22	0,20	-0,11	0,85	-0,88	2,75
-47,52	-17,24	06	0,25	0,24	-0,06	0,79	-0,73	2,75
-47,86	-16,54	12	0,22	0,19	-0,16	0,85	-0,31	2,34
-49,03	-16,71	12	0,18	0,16	-0,07	0,69	2,21	1,48
-49,15	-16,63	12	0,15	0,19	0,21	0,85	0,25	2,88

Tabela 15. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *D. mollis* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	Ho	He	f	IE	IH	DIS
-44,03	-16,41	05	0,26	0,17	0,33	-0,32	-0,10	6,38
-44,83	-17,26	08	0,30	0,21	0,28	1,93	1,18	5,96
-44,28	-15,81	07	0,30	0,21	0,30	-0,79	1,53	6,16
-44,15	-16,11	10	0,35	0,25	0,30	1,47	-1,14	6,27
-44,15	-16,31	06	0,42	0,29	0,31	-1,26	-0,56	6,29
-44,76	-15,48	05	0,31	0,22	0,31	-0,11	-0,80	5,80
-44,03	-16,41	03	0,28	0,19	0,30	-0,92	-0,10	6,38

Tabela 16. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *T. papyrus* com seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	IE	IH	DIS
-16,06	-50,18	71	0,25	0,67	0,15	5,21
-16,06	-50,16	69	0,30	0,65	1,96	5,21
-15,78	-48,96	67	0,33	0,67	-0,39	5,56
-15,80	-48,86	36	0,24	0,59	-0,57	5,15
-15,80	-48,85	42	0,25	0,59	-0,57	5,15
-15,80	-48,83	42	0,24	0,60	-0,57	5,15

Tabela 17. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *C. brasiliense*, que utilizaram SSR como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-47,55	-15,53	30	0,87	0,80	0,08	0,76	-2,06	1,05
-48,61	-17,73	30	0,87	0,79	0,10	0,76	-2,06	0,75
-46,1	-15,10	31	0,86	0,71	0,17	0,77	-2,06	1,83
-47,93	-15,93	41	0,88	0,80	0,09	0,77	-2,06	0,74
-47,92	-15,73	32	0,88	0,77	0,13	0,80	-2,05	0,88
-54,63	-20,43	30	0,84	0,73	0,14	0,73	-2,06	5,37
-47,85	-22,18	30	0,84	0,70	0,17	0,76	-2,06	3,68
-54,63	-16,46	30	0,75	0,72	0,04	0,61	-2,07	4,79
-48,41	-10,07	30	0,89	0,81	0,10	0,61	-2,07	4,90
-49,13	-14,51	30	0,88	0,84	0,05	0,79	-2,06	1,96

Tabela 18. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *E. dysenterica*, que utilizaram SSR como marcador molecular, com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	Ho	He	f	IE	IH	DIS
-47,93	-18,17	12	0,16	0,23	0,30	0,90	1,07	2,88
-48,08	-18,03	12	0,16	0,27	0,40	0,90	-0,06	2,73
-47,98	-18,28	12	0,18	0,22	0,22	0,73	-0,31	2,90
-47,86	-18,3	12	0,22	0,29	0,25	0,73	-0,06	2,97
-47,82	-17,66	12	0,14	0,23	0,40	0,67	-1,19	2,72
-47,72	-17,6	12	0,16	0,27	0,38	0,85	-0,88	2,75
-47,52	-17,24	6	0,22	0,35	0,31	0,79	-0,73	2,75
-47,86	-16,54	12	0,20	0,26	0,26	0,85	-0,31	2,34
-49,3	-16,71	12	0,21	0,38	0,44	0,69	2,21	1,48
-49,15	-16,63	12	0,21	0,33	0,37	0,85	0,25	1,53

Tabela 19. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *D. alata* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-50,99	-14,39	34	0,29	0,24	0,19	0,76	-1,18	0,27
-52	-13,83	35	0,30	0,26	0,17	0,82	-1,18	0,60
-49,03	-15,99	40	0,32	0,26	0,20	0,76	-0,05	2,35
-54,7	-17,85	34	0,47	0,42	0,13	0,78	-0,05	3,31
-53,92	-18,26	35	0,49	0,33	0,34	0,84	0,04	3,26
-49,11	-12,44	35	0,43	0,30	0,31	0,75	1,27	2,26
-50,1	-13,22	36	0,32	0,31	0,03	0,79	-1,01	1,38
-48,13	-16,73	35	0,34	0,34	0,01	0,69	0,04	3,17
-49,21	-20,34	34	0,33	0,32	0,05	0,74	1,62	4,74
-49,02	-18,97	34	0,42	0,50	-0,17	0,73	0,22	3,93
-49,14	-13,82	12	0,32	0,25	0,27	0,82	0,04	1,90
-49,62	-14,52	12	0,33	0,35	-0,01	0,82	0,39	1,57
-46,27	-15,93	33	0,22	0,27	-0,21	0,81	-0,92	4,11
-45,16	-16,06	36	0,15	0,13	0,15	0,75	0,39	4,89
-52,98	-18,84	13	0,43	0,29	0,41	0,73	-1,01	3,41
-53,37	-19,33	12	0,34	0,25	0,31	0,78	-0,57	3,82
-53,9	-19,52	13	0,43	0,43	0,03	0,78	-0,48	4,07
-49,97	-17,16	13	0,22	0,29	-0,27	0,81	0,92	2,49
-52,18	-15,91	105	0,45	0,34	0,24	0,85	1,44	1,26
-52,15	-15,94	105	0,41	0,40	0,01	0,85	1,44	1,28
-50,2	-16,91	34	0,41	0,42	-0,03	0,79	1,44	2,25
-47,71	-11,66	13	0,26	0,32	-0,20	0,80	-1,53	3,40
-46,86	-12,99	15	0,29	0,26	0,12	0,80	-1,45	3,60
-53,92	-18,26	35	0,44	0,43	0,05	0,84	0,04	3,26

Tabela 20. Localização das populações (longitude – Long; e latitude - Lat) de *S. lycocarpum* com o número de indivíduos avaliados em cada população (N), seus dados genéticos (Ho; He; f), índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e a distância do centro potencial de distribuição da espécie (DIS).

Long	Lat	N	He	Ho	f	IE	IH	DIS
-49,01	-17,76	60	0,31	0,29	0,07	0,82	0,05	4,49
-47,51	-14,11	60	0,29	0,26	0,11	0,72	-1,22	5,52
-49,00	-17,91	60	0,33	0,36	-0,09	0,80	-0,05	4,52
-48,66	-17,76	60	0,41	0,48	-0,18	0,80	1,22	4,72

Tabela 21. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *V. epidendroides* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade (i.e. Correção de DUTILLEUL).

	IE		IH		DIS	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
Ho	-0,92	0,01 (0,67)	0,92	0,01 (0,67)	-0,92	0,01 (0,67)
He	-0,82	0,06	0,82	0,06	-0,82	0,06
f	0,7	0,15	-0,70	0,15	0,69	0,15

Tabela 22. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *E. dysenterica*, que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL).

	IE		IH		DIS	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
Ho	-0,12	0,71	0,35	0,28	-0,45	0,16
He	-0,13	0,69	0,45	0,16	-0,69	0,02 (0,15)
f	-0,01	0,97	0,21	0,53	-0,49	0,12

Tabela 23. Coeficiente de correlação de Pearson (*r*) das variáveis genéticas das populações de *C. brasiliense*, que utilizaram isoenzimas como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL).

	IE		IH		DIS	
	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>	<i>r</i>	<i>P</i>
Ho	-0,28	0,51	0,94	0,02(0,04)	-0,85	0,15
He	-0,57	0,16	0,9	0,06	-0,67	0,09
f	-0,02	0,99	-0,9	0,006	0,96	0,001 (0,03)

Tabela 24. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *G. pulchra* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	0,25	0,51	0,13	0,73	0,26	0,5
He	-0,6	0,33	0,25	0,51	0,26	0,5
f	-0,42	0,26	-0,09	0,8	-0,22	0,56

Tabela 25. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *B. ipanemense* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	0,09	0,83	0,8	0,33	0,53	0,2
He	0,55	0,17	0,42	0,32	0,11	0,8
f	0,41	0,33	-0,98	0,001(0,01)	-0,83	0,02 (0,04)

Tabela 26. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *E. dysenterica*, que utilizaram RAPD como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH)) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	-0,42	0,47	-0,24	0,19	-0,15	0,71
He	0,34	0,29	0,51	0,11	0,23	0,56
f	0,52	0,1	0,21	0,53	0,27	0,42

Tabela 27. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *D. mollis* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	-0,18	0,67	-0,41	0,31	0,01	0,97
He	-0,17	0,69	-0,36	0,38	-0,04	0,91
f	-0,05	0,89	0,55	0,16	0,55	0,71

Tabela 28. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *T. papyrus* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
He	0,69	0,1	0,41	0,36	0,16	0,73

Tabela 29. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *C. brasiliense*, que utilizaram SSR como marcador molecular, com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	0,12	0,72	0,04	0,88	-0,42	0,19
He	0,53	0,09	-0,25	0,46	-0,51	0,11
f	0,36	0,27	-0,3	0,37	0,05	0,88

Tabela 30. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *E. dysenterica*, que utilizaram SSR como marcador molecular com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	-0,24	0,48	-0,005	0,98	-0,72	0,01 (0,12)
He	-0,27	0,42	0,47	0,14	-0,94	0,001(0,007)
f	-0,04	0,88	0,76	0,08 (0,07)	-0,46	0,15

Tabela 31. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *D. alata* com índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	-0,1	0,66	0,07	0,73	0,32	0,12
He	-0,08	0,71	0,13	0,52	0,34	0,1
f	-0,07	0,72	0,16	0,45	-0,1	0,63

Tabela 32. Coeficiente de correlação de Pearson (r) das variáveis genéticas das populações de *S. lycocarpum* com as índices ecológicos (IE) e humanos (IH) e com a distância do centro da distribuição potencial da espécie (DIS). Os valores entre parênteses são os novos valores após corrigir os graus de liberdade, (i.e. Correção de DUTILLEUL).

	IE		IH		DIS	
	r	P	r	P	r	P
Ho	0,47	0,25	0,9	0,007 (0,02)	-0,4	0,34
He	-0,37	0,37	0,92	0,004(0,013)	0,48	0,24
f	-0,5	0,23	-0,84	0,02 (0,04)	0,48	0,25