



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
CAMPUS DE ENGENHARIAS E CIÊNCIAS AGRÁRIAS
TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

THAYNNE VITORIA OLIVEIRA DOS SANTOS

**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL EM POPULAÇÃO
NATURAL DE *Myrciaria floribunda* EM ALAGOAS**

RIO LARGO, AL

2023

THAYNNE VITORIA OLIVEIRA DOS SANTOS

**DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL EM POPULAÇÃO
NATURAL DE *Myrciaria floribunda* EM ALAGOAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de Engenharia Florestal do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias- CECA, da Universidade Federal de Alagoas- UFAL, como requisito para obtenção do Título de Engenheira Florestal.

Orientadora: Profa. Dra. Marília Freitas de Vasconcelos Melo.

Rio Largo, AL

2023

Catálogo na Fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Campus de Engenharias e Ciências Agrárias
Bibliotecário Responsável: Erisson Rodrigues de Santana - CRB4 - 1512

S237d Santos, Thaynne Vitoria Oliveira dos.

Diversidade e estrutura genética espacial em população natural de *Myrciaria floribunda* em Alagoas / Thaynne Vitoria Oliveira dos Santos. – 2023.

41f.: il.

Orientador(a): Marília Freitas de Vasconcelos Melo.

Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Engenharia Florestal) – Graduação em Engenharia Florestal, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas. Rio Largo, 2023.

Inclui bibliografia

1. Conservação genética. 2. Fragmentação florestal. 3. Genética de populações. I. Título.

CDU: 633.34

FOLHA DE APROVAÇÃO

Thaynne Vitoria Oliveira dos Santos

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL EM POPULAÇÃO NATURAL
DE *Myrciaria floribunda* EM ALAGOAS

Trabalho de Conclusão de Curso - TCC apresentado a Universidade Federal de Alagoas – UFAL, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias - CECA, como pré-requisito para obtenção do grau de Bacharel(a) Engenheiro(a) Florestal.

Data de Aprovação: 02 / 06 / 2023.

Banca Examinadora

Documento assinado digitalmente
 MARILIA FREITAS DE VASCONCELOS MELC
Data: 05/06/2023 09:50:45-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof.^a Dr.^a Marília Freitas de Vasconcelos Melo
Universidade Federal de Alagoas – UFAL
Campus de Engenharias e Ciências Agrárias – CECA
(Orientadora)

Documento assinado digitalmente
 SHEILA VALERIA ALVARES CARVALHO
Data: 02/06/2023 14:45:25-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Pesq. Dr.^a Sheila Valeria Álvares Carvalho
Bolsista PDCTR/CNPq - FAPEAL

Documento assinado digitalmente
 ANA VERUSKA CRUZ DA SILVA MUNIZ
Data: 02/06/2023 14:23:56-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Pesq. Dr.^a Ana Veruska Cruz da Silva Muniz
Embrapa Tabuleiros Costeiros

AGRADECIMENTOS

À Deus pelo dom da vida, pela proteção e por me sondar sempre, a Ti toda a honra e toda glória seja dada a todo momento.

Aos meus pais pela base familiar e educativa e todos os membros da minha família que sempre torceram por esta conquista.

A minha orientadora Profa. Dra. Marília Freitas de Vasconcelos Melo, por todo o aprendizado compartilhado, tempo, dedicação, paciência para comigo e pela participação importante na minha vida profissional.

A todos aqueles que não foram citados, mas que contribuíram com meu crescimento pessoal.
Meu muito obrigada!

RESUMO

A *Myrciaria floribunda* é uma espécie nativa da Mata Atlântica, pertencente à família Myrtaceae. Ela ocorre naturalmente no estado de Alagoas, onde seus frutos são explorados de forma extrativista, desempenhando um papel essencial no consumo e comércio das comunidades locais. No entanto, a exploração intensiva representa uma ameaça à diversidade genética da espécie e compromete sua capacidade de adaptação ao longo do tempo. Visando contornar tal problema, o estudo sobre diversidade e estrutura genética foi realizado em uma população natural do estado de Alagoas. Folhas jovens de 30 indivíduos, localizados na Área de Proteção Ambiental no município de Piaçabuçu foram coletadas para extração do DNA e análise de PCR- ISSR com 12 primers. Para obtenção do índice de diversidade entre indivíduos da população foi feita a análise da similaridade genética (S_{ij}) entre cada par de indivíduos, realizada por meio do programa NTSYSpc2, e empregando-se os coeficientes de Jaccard, foi gerado um dendrograma por UPGMA. A diversidade genética foi caracterizada pelos seguintes índices: número total de alelos por loco (N_a), Número efetivo de alelos (N_e), heterozigosidade esperada (H_e) e índice de Shannon (I). As análises foram feitas por meio do programa Genalex. A estrutura genética populacional foi fundamentada no modelo de agrupamento bayesiano com o auxílio do programa STRUCTURE v. 2.3.3. Para a análise da estrutura genética espacial (EGE) foi utilizado o programa SPAGEDI. A caracterização da distribuição espacial dos genótipos dentro das populações foi realizada a partir das estimativas dos coeficientes de coancestria (θ_{xy}) entre pares de plantas, dentro de diferentes classes de distância. Foi encontrada baixa diversidade genética na população, com ($N_a= 2,00$), ($N_e=1,20$), ($H_e= 0,27$) e ($I=0,15$). Através do método UPGMA, identificaram-se dois grupos distintos, sendo que os pares de indivíduos CbPia_8 e CbPia_12, CbPia_14 e CbPia_17 apresentaram maior similaridade genética. A população exibiu valores de coancestria próximos a zero em todas as classes de distância, indicando um menor grau de parentesco entre os indivíduos. Além disso, verificou-se que esse valor não foi significativamente maior que o limite superior do intervalo de confiança de 95%. Portanto, não foi observada uma estrutura genética espacial entre os indivíduos de *Myrciaria floribunda*. Os resultados ressaltam a necessidade de ações de manejo para maximizar a diversidade genética na população estudada e preservar as áreas naturais onde a espécie ocorre, garantindo sua perpetuação no espaço e no tempo.

Palavras-chave: Conservação genética; Fragmentação florestal; Genética de populações.

ABSTRACT

Myrciaria floribunda is a species native to the Atlantic Forest, belonging to the Myrtaceae family. It naturally occurs in the state of Alagoas, where its fruits are harvested through extractive methods, playing an essential role in the consumption and trade of local communities. However, intensive exploitation poses a threat to the species' genetic diversity and compromises its ability to adapt over time. In order to address this issue, a study on genetic diversity and structure was conducted in a natural population in the state of Alagoas. Young leaves from 30 individuals located in the Environmental Protection Area in the municipality of Piaçabuçu were collected for DNA extraction and PCR-ISSR analysis using 12 primers. To obtain the diversity index among individuals in the population, genetic similarity analysis (S_{ij}) was performed between each pair of individuals using the NTSYSpc2 program. By employing Jaccard coefficients, a dendrogram was generated using the UPGMA method. Genetic diversity was characterized by the following indices: total number of alleles per locus (N_a), effective number of alleles (N_e), expected heterozygosity (H_e), and Shannon's index (I). The analyses were conducted using the Genalex program. The population's genetic structure was based on a Bayesian clustering model using the STRUCTURE v. 2.3.3 program. For the analysis of spatial genetic structure (SGE), the SPAGEDI program was used. The characterization of genotype spatial distribution within populations was based on estimates of coancestry coefficients (θ_{xy}) between pairs of plants at different distance classes. Low genetic diversity was found in the population, with $N_a = 2.00$, $N_e = 1.20$, $H_e = 0.27$, and $I = 0.15$. Through the UPGMA method, two distinct groups were identified, with pairs of individuals CbPia_8 and CbPia_12, CbPia_14 and CbPia_17 showing higher genetic similarity. The population exhibited coancestry values close to zero in all distance classes, indicating a lower degree of relatedness among individuals. Furthermore, it was found that this value was not significantly higher than the upper limit of the 95% confidence interval. Therefore, no spatial genetic structure was observed among the individuals of *Myrciaria floribunda*. The results emphasize the need for management actions to maximize genetic diversity in the studied population and preserve the natural areas where the species occurs, ensuring its perpetuation in space and time.

Keywords: Genetic conservation; Forest fragmentation; Population genetics.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Localidade do município de coleta do material vegetal em população natural de <i>Myrciaria floribunda</i> no estado de Alagoas... ..	22
Figura 2. Coleta de material vegetal em área natural localizada no município de Piaçabuçu/AL	23
Figura 3. Processo de maceração das folhas jovens de cambuizeiro.....	24
Figura 4. Termociclador (<i>Petitier Thermal Cicles</i>).....	24
Figura 5. Transluminador de luz ultravioleta para leitura das bandas de géis.....	26
Figura 6. Dendrograma construído por meio do agrupamento UPGMA (<i>Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Media</i>) a partir dos valores de similaridade genética entre os indivíduos de cambuí (<i>Myrciaria floribunda</i>).....	28
Figura 7. Representação dos 30 indivíduos/população natural de cambuí (<i>Myrciaria floribunda</i>), pertencentes ao município de Piaçabuçu/AL, diferenciados em dois grupos definidos pelo Structure ($\Delta K=2$) utilizando 12 marcadores ISSR	30
Figura 8. Correlograma dos coeficientes de coancestralidade nas dez classes de distância da população de cambuí (<i>Myrciaria floribunda</i>), localizada no município de Piaçabuçu/AL.....	31

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

APA- Área de Proteção Ambiental

CTAB- Brometo de Centiltrimetilamônio (Centrimonium bromide)

DNA- Ácido desoxirribonucléico (Deoxyribonucleic Acid)

dNTPs- Desoxirribonucleotídeos Fosfatados

EGE- Estrutura Genética Espacial

He- Heterozigosidade esperada

I- Índice de Shannon

ICMBio- Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade

ISSR- Repetição de sequência simples (*Inter Simple Sequence Repeat*)

IUCN- União Internacional para a Conservação da Natureza

MgCl₂- Cloreto de Magnésio

mL- Mililitro

mM- Milímetro

Na- Número total de alelos por loco

NaCl- Cloreto de Sódio

Ne- Número efetivo de alelos

NTSYSpc2- Sistema de Taxonomia Numérica para Cluster e Análise de Ordenamento

PCR- Reação em Cadeia de Polimerase (*Polymerase chain reaction*)

RPM- Rotação Por Minuto

Sij- Similaridade genética

SPAGEDI- Análise de Padrões Espaciais da Diversidade Genética (*Spatial Pattern Analysis of Genetic Diversity*)

UPGMA- Método de par de grupos não-ponderado por meio da média aritmética (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*)

θ_{xy}- coeficientes de coancestria

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO.....	11
2.	OBJETIVOS	13
3.	REVISÃO DE LITERATURA.....	14
	3.1 Fragmentação Florestal e suas consequências.....	14
	3.2 Conservação da Biodiversidade	15
	3.3 Genética de Populações.....	16
	3.4 Marcadores Moleculares.....	17
	3.4.1 ISSR.....	18
	3.5 Cambuí (<i>Myrciaria floribunda</i>)	19
4.	MATERIAL E MÉTODOS.....	21
	4.1 Amostragem.....	21
	4.2 Extração de DNA.....	23
	4.3 Quantificação do DNA.....	24
	4.4 Análise ISSR	25
	4.5 Análise dos dados.....	26
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
	5.1 Diversidade Genética.....	27
	5.2 Estrutura Genética Espacial.....	30
6.	CONCLUSÕES	33
	REFERÊNCIAS	34

1. INTRODUÇÃO

Devido às condições climáticas favoráveis e localização geográfica privilegiada, o Brasil se destaca por abrigar uma vasta diversidade de fauna e flora, sendo amplamente reconhecido como um dos países mais biodiversos do mundo (CORADIN; CAMILLO, 2016). Nesse cenário, é comum observar uma crescente demanda de mercado por espécies vegetais exploradas através do extrativismo, englobando também os Produtos Florestais Não Madeireiros (PFNM).

Nesse sentido, o uso dos PFNM no extrativismo desempenha um papel fundamental na sustentabilidade socioeconômica e na conservação dos ecossistemas florestais (VINHOTE, 2014). Esses produtos referem-se a uma ampla gama de recursos provenientes das florestas, como frutas, castanhas, fibras, resinas, óleos essenciais, plantas medicinais, mel, entre outros.

O extrativismo de produtos florestais não madeireiros é uma prática tradicional de subsistência e fonte de renda para muitas comunidades locais, especialmente em regiões tropicais e de florestas nativas. Monteiro (2021) salienta que essas comunidades dependem desses recursos para sua alimentação, saúde, artesanato e comércio local. O extrativismo sustentável desses produtos permite que essas comunidades obtenham benefícios econômicos enquanto preservam os ecossistemas florestais e sua diversidade.

O extrativismo de PFNM na Mata Atlântica no estado de Alagoas é uma prática tradicional e de grande importância socioeconômica para as comunidades locais. A Mata Atlântica em Alagoas abriga uma diversidade de espécies vegetais que fornecem uma variedade de produtos, incluindo frutas, sementes, fibras, plantas medicinais e outros recursos (MOURA, 2006).

A coleta e o comércio desses produtos desempenham um papel crucial na geração de renda e subsistência das comunidades rurais e tradicionais no estado. Dos Santos (2018) enfatiza que essas práticas estão associadas ao conhecimento tradicional e à cultura das comunidades locais, transmitidas ao longo de gerações. Além de fornecer fonte de renda, o extrativismo de produtos florestais não madeireiros também contribui para a segurança alimentar e a medicina tradicional dessas comunidades.

Dentre os produtos florestais não madeireiros encontrados na Mata Atlântica de Alagoas, destaca-se o fruto do cambuizeiro. Segundo Gama et al. (2017), o extrativismo do cambuí é geralmente realizado por famílias tradicionais locais e representa significativa

importância econômica e social, compondo parte importante da renda dessas famílias em época de colheita. Os frutos são consumidos in natura ou utilizados para fabricação de suco, geleias, licores e vinhos (SANTOS, 2010).

Logo, a compreensão da diversidade genética e da estrutura espacial em populações naturais de *Myrciaria floribunda* é essencial para orientar estratégias de conservação e manejo da espécie. Souza (2017) enfatiza que diversidade genética é um indicador da variabilidade genética presente em uma população e está relacionada à sua capacidade de adaptação e sobrevivência frente às mudanças ambientais. Lima (2011) descreve que a estrutura genética espacial, por sua vez, refere-se à distribuição espacial dos genótipos dentro de uma população, o que pode ser influenciado por fatores como a dispersão de sementes e o fluxo gênico entre os indivíduos.

O uso de marcadores moleculares como ferramenta para auxiliar nesses estudos tem sido bastante recomendado. Conforme Melo (2021), essas ferramentas permitem avaliar a diversidade genética, a estrutura populacional, o fluxo gênico e o parentesco entre os indivíduos, fornecendo informações essenciais para a implementação de medidas eficazes de manejo e conservação, como a recuperação de áreas degradadas.

2. OBJETIVOS

GERAL

Estimar a diversidade genética e estrutura genética espacial, em uma população natural de cambuízeiro (*Myrciaria floribunda*), proveniente do estado de Alagoas, por meio de marcadores moleculares ISSR, visando à programação de ações de conservação genética *in situ* e *ex situ*.

ESPECÍFICOS

- Caracterizar geneticamente a população natural de *Myrciaria floribunda* por meio de marcadores ISSR.
- Estimar parâmetros de diversidade e estrutura genética.
- Identificar ações de manejo que assegurem a perpetuação da espécie no espaço e no tempo.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Fragmentação Florestal e suas consequências

A fragmentação florestal é um processo resultante da divisão de habitats contínuos em ambientes menores e isolados. Lambin et al. (2003) enfatizam que o aumento da fragmentação florestal ao longo do tempo pode ser atribuído principalmente às atividades humanas, incluindo o desmatamento para expansão agrícola, urbanização, infraestrutura e exploração dos produtos florestais madeireiros e não madeireiros.

A partir da década de 1970 a fragmentação de habitats no Brasil teve um aumento considerável, atingindo diretamente a biodiversidade de diversos biomas. O bioma Mata Atlântica resguardava grande parte do território brasileiro, e atualmente, figura-se fortemente fragmentado, apenas cerca de 8% das suas áreas de floresta primária encontram-se reduzidas e apresentam afastadas manchas (RIBEIRO et al., 2009 e SOUZA et al., 2014).

Para Almeida (2015), a perda da biodiversidade, a instalação de áreas de pastagens improdutivas, os altos níveis de desmatamento e emissões de gases do efeito estufa, acarretam drásticas mudanças, que resultam em diversos danos ao ecossistema, que levam à devastação florestal, provocada por retirada seletiva de madeira, caça acentuada e queimadas no sub bosque, além de acentuar o processo de fragmentação da paisagem e a decadência biótica.

Ewers & Didham (2006) afirmam que o processo de fragmentação florestal afeta a dinâmica populacional, resultando em alterações na estrutura genética e na conectividade entre as populações remanescentes. Essas alterações podem levar a redução da diversidade genética, aumento da endogamia e perda de adaptabilidade, comprometendo a viabilidade e sobrevivência das espécies afetadas. Laurence et al. (2011) mencionam que a redução da área florestal leva a uma maior exposição dos fragmentos a fatores climáticos, como temperatura, umidade e radiação solar, o que pode alterar a temperatura, umidade do solo, padrões de vento e disponibilidade de recursos hídricos nos fragmentos.

Além disso, a crescente fragmentação pode levar ao afugentamento e diminuição da diversidade de dispersores de sementes e polinizadores. A redução do tamanho e isolamento dos fragmentos florestais dificulta a movimentação de aves, morcegos e outros animais responsáveis pela dispersão de sementes e polinização de plantas, afetando negativamente a

regeneração florestal e a reprodução das plantas dependentes dessas interações (HADDAD et al., 2015).

Por conseguinte, pode levar ao rompimento do fluxo gênico entre populações, resultando em um aumento da endogamia e diminuição da diversidade genética. A redução do tamanho e isolamento dos fragmentos limita a movimentação dos dispersores de sementes e de outros organismos, dificultando a troca de genes entre as populações, o que pode comprometer a adaptabilidade e a viabilidade dessas populações (SACCHERI et al., 2017).

3.2 Conservação da Biodiversidade

A Mata Atlântica é reconhecida como um dos hotspots de biodiversidade mais importantes do mundo, abrigando uma diversidade impressionante de espécies nativas. Segundo Souza et al. (2017), esse bioma abriga uma grande variedade de espécies endêmicas, ou seja, que ocorrem exclusivamente nessa região, tornando-o uma área de extrema importância para a conservação global.

No entanto, a biodiversidade enfrenta diversas ameaças, muitas das quais têm impactos significativos na Mata Atlântica. O desmatamento é uma das principais ameaças, resultando na perda e fragmentação de habitats naturais (TABARELLI et al., 2010). A exploração predatória de recursos naturais, como a caça ilegal e a extração de madeira e produtos florestais não madeireiros também representa uma ameaça significativa para as espécies nativas (PARDINI et al., 2005).

Diante desses desafios, a conservação *in situ* tem sido amplamente adotada como estratégia para preservar a biodiversidade de espécies nativas. Áreas protegidas, como parques nacionais e reservas naturais, desempenham um papel crucial na conservação, oferecendo habitats seguros para a fauna e a flora (LAURANCE et al., 2012). Além disso, a restauração ecológica de áreas degradadas têm se mostrado uma estratégia eficaz para promover a recuperação de ecossistemas e o retorno da biodiversidade (CHAZDON et al., 2016).

Para complementar as estratégias *in situ*, a conservação *ex situ* também desempenha um papel importante na preservação das espécies nativas. Jardins botânicos, bancos de sementes e programas de reprodução em cativeiro são exemplos de estratégias *ex situ* que visam garantir a sobrevivência de espécies ameaçadas (KRAMER et al., 2019). Essas estratégias proporcionam

um suporte adicional às populações naturais, permitindo a reprodução controlada e a reintrodução de espécies na natureza.

Além disso, a restauração ecológica é uma estratégia importante para reverter a perda de biodiversidade e preservar os serviços ecossistêmicos. Ela envolve a reintrodução de espécies nativas, o controle de espécies invasoras e a recuperação de habitats degradados (CLEWELL AND ARONSON, 2012).

Por fim, Barbosa (2014) destaca que a conservação da biodiversidade vai além da proteção de espécies e ecossistemas, trazendo benefícios econômicos, sociais e culturais. Madeira (2018) salienta que o turismo sustentável, o uso renovável de recursos naturais e a preservação de conhecimentos tradicionais são essenciais para um futuro sustentável, onde a natureza e as comunidades coexistem em equilíbrio.

3.3 Genética de Populações

A genética de populações busca analisar a origem da variação e como essa variação é transmitida dentro das populações. Além disso, Shehar (2012) menciona que a genética de populações é um mecanismo que auxilia na prospecção e uso em programas de melhoramento genético, conservação dos recursos genéticos e o manejo e restauração de populações de forma a manter a sua capacidade evolutiva.

Allendorf (2010) enfatiza que é através da diversidade genética disponível que as espécies podem responder às possíveis mudanças ambientais, mantendo sua capacidade de adaptação ao longo do tempo. Muitos autores abordam que a fragmentação florestal causa uma grande modificação e /ou perda de espécies, devido à diferenciação nos habitats, microclima e estrutura da vegetação, além de permitir ou não a interação entre elas (ASSIS, et al, 2019).

Melo (2012) aborda que as plantas apresentam diversidade de sistemas reprodutivos, com fluxo gênico por meio de dispersão de pólen e sementes, que são afetados pela fragmentação. A polinização também pode ser impactada pela fragmentação (YOUNG et al., 1996). A redução da densidade populacional e a fragmentação do habitat resultam de paisagens modificadas, o que afeta a diversidade e os padrões de dispersão de sementes e pólen (GHAZOUL, 2005).

Leimu (2008) contextualiza que a diversidade genética intrapopulacional é uma medida crucial que se refere à variedade total de alelos presentes em uma população, pois está

diretamente relacionada com a capacidade adaptativa das populações diante das mudanças ambientais.

A medida de riqueza alélica é essencial para orientar os programas de manejo e conservação, destacando quais populações devem ser priorizadas (PETIT et al., 1998). A riqueza alélica intrapopulacional revela a quantidade de alelos presentes em uma população e fornece uma estimativa da diversidade genética (FOULLEY & OLLIVIER, 2006).

Bittencourt (2019) destaca que a fragmentação do habitat resulta no isolamento das populações, aumentando a endogamia e reduzindo a variabilidade genética. Nesse contexto, a utilização da riqueza alélica é defendida como uma ferramenta para direcionar o fluxo gênico entre populações, introduzindo alelos ausentes e minimizando os efeitos negativos da endogamia (CABALLERO et al., 2010).

Sendo assim, Caballero et al. (2010) complementam que os procedimentos conservacionistas que visam minimizar a coancestralidade dos alelos contribuem para a manutenção da diversidade genética intrapopulacional, preservando a riqueza alélica e a distribuição original das frequências alélicas.

3.4 Marcadores Moleculares

Os marcadores moleculares são empregados para identificar alterações no genoma, auxiliando na análise genética e facilitando a seleção de características desejáveis em programas de melhoramento de plantas (BORÉM; CAIXETA, 2009). Esses marcadores podem ser chamados de marcadores genéticos, uma vez que seguem as leis fundamentais da herança mendeliana (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Os marcadores moleculares são segmentos de DNA que revelam informações sobre a diversidade genética e características dos organismos, auxiliando na identificação e diferenciação de indivíduos, populações ou espécies (POWELL et al., 1996).

Conforme Guimarães et al. (2009) os marcadores moleculares revolucionaram a pesquisa com DNA na década de 1980, ofereceram vantagens significativas, permitindo a identificação precisa dos genótipos independentemente do ambiente e estágio fisiológico das plantas. Além disso, Soares (2015) acrescenta que esses marcadores fornecem uma ampla variedade de polimorfismos genéticos distribuídos aleatoriamente no genoma, tornando o processo seguro, rápido e eficiente, sem a necessidade de observar a expressão fenotípica.

Joshi et al. (2000) menciona que os marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados na pesquisa genética de plantas, fornecendo dados sobre a estrutura genética, diversidade e parentesco das espécies. Essas informações são fundamentais para o desenvolvimento de estratégias de conservação eficazes, como a identificação de áreas prioritárias para conservação, o manejo de populações pequenas e a reintrodução de espécies ameaçadas. (YOUNG et al. 1996).

As sequências genéticas, alelos e polimorfismos genéticos desempenham papéis fundamentais na genética, herança e diversidade genética. Sequências genéticas são a base da herança biológica e essenciais para a síntese de proteínas e funcionamento celular (LEWIN, 2000). Alelos são variantes de um gene que influenciam características e contribuem para a diversidade genética (HARTL & JONES, 2009). Polimorfismos genéticos fornecem insights sobre diversidade, estrutura populacional e bases moleculares de características complexas (REICH et al., 2001). Compreender esses conceitos é essencial para estudos genéticos e tem implicações na medicina, seleção agrícola e conservação de espécies.

Os marcadores moleculares são essenciais para investigar a estrutura genética das populações e entender os processos evolutivos que influenciaram a diversidade genética atual. Eles também são fundamentais para compreender como os organismos se adaptam a diferentes ambientes e como a seleção natural atua nas características fenotípicas dos indivíduos (FUNK et al., 2012).

Conforme Oliveira et al. (2021), os marcadores moleculares de DNA são divididos em duas categorias principais: hibridização (RFLP e minissatélites) e PCR (RAPD, ISSR, SCAR, STS, AFLP, SSR). Esses marcadores são amplamente utilizados em estudos genéticos para análise da diversidade genética, estrutura populacional e relações filogenéticas.

3.4.1 ISSR

Guimarães et al. (2009) mencionam que os marcadores ISSR são primers projetados com base em sequências repetidas de microssatélites na extremidade 5' do DNA, adicionando nucleotídeos na extremidade 3'. Eles se ligam às regiões repetidas e amplificam as regiões genômicas entre os microssatélites. O tamanho dos fragmentos amplificados é limitado pela técnica de PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) utilizada.

De acordo com Moura (2014), os estudos e análises da diversidade genética utilizando diferentes marcadores são fundamentais para identificar o polimorfismo de bandas, obter informações sobre o índice de Shannon e outras ferramentas que contribuem para a compreensão da variabilidade genética entre espécies e populações. A conservação da diversidade genética de espécies endêmicas, com estreito endemismo e ameaçadas, pode ser realizada tanto *ex situ* quanto *in situ*. Adicionalmente, a preservação do germoplasma, a criação de bancos de sementes, bancos de genes, bem como o desenvolvimento e manejo sustentável podem ser alcançados por meio do uso apropriado da diversidade genética (SAEED & BAROZI, 2012).

Toppa e Jadoski (2013) salientam que diversos estudos têm sido conduzidos para explorar a contribuição dos marcadores moleculares na caracterização morfológica e agrônômica tradicional. O uso de descritores baseados no genótipo tem se mostrado eficiente para distinguir genótipos morfológicamente similares, mas geneticamente relacionados. Freitas et al. (2005) enfatizam o uso específico dos marcadores ISSR em frutíferas, ressaltando a vantagem da caracterização rápida de novos híbridos. Além disso, investigações utilizando marcadores ISSR têm sido realizadas em diversas frutíferas, como exemplificado por umbu-cajazeira (SANTANA et al., 2011), graviola (COSTA et al., 2010), biribá (LORENZONI et al., 2014), guaraná (SOUSA et al., 2012) e goiaba (RAI et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2014).

Estudos recentes realizados por Santana (2016) destacam a relevância dos marcadores moleculares na análise da diversidade genética do cambuí. A utilização dessas ferramentas revela-se essencial nos estudos populacionais da espécie, apresentando um notável poder de discriminação. Além disso, desempenham um papel fundamental na conservação tanto *in situ* quanto *ex situ*.

3.5 Cambuí (*Myrciaria Floribunda*)

A *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg, conhecida popularmente como cambuí, jabuticabinha, camboim e cambuíva, pertencente à família Myrtaceae, é uma espécie que possui crescimento lento com porte arbustivo a arbóreo (OLIVEIRA, 2013).

De acordo com Sobierajski et al. (2007), o conhecimento do sistema reprodutivo das plantas desempenha um papel crucial, especialmente no caso de espécies nativas em processo de domesticação. Esses estudos são indispensáveis para o avanço do melhoramento genético, a

preservação dos recursos genéticos, a produção de sementes de qualidade e o manejo adequado dessas espécies. Por meio da estimativa da transmissão de genes de uma geração para outra, eles proporcionam uma compreensão mais aprofundada da complexa interação entre a planta e o ambiente (GUSSON et al., 2006).

Lemos et al. (2018) afirmam que *Myrciaria floribunda* é uma árvoreta que pode atingir alturas entre 3 e 16 metros. Suas inflorescências são compostas por até seis flores hermafroditas, tetrâmeras e com pétalas brancas. Os frutos são globosos, apresentando uma variação de cores que vai do laranja ao roxo quando maduros. Além disso, possuem polpa succulenta e ácida, casca fina e envolvem de 1 a 2 sementes arredondadas. Trindade et al. (2018) mencionam que as inflorescências da espécie estão dispostas em glomérulos foliares. Salvador (2020) destaca que os estames são distribuídos com números variáveis e contêm grãos de pólen que funcionam como atrativos para insetos polinizadores. Gressler et al. (2006) relatam que a dispersão da espécie ocorre principalmente por meio de sementes. É importante ressaltar que o período de floração de qualquer espécie vegetal é marcado pela presença de insetos, que são atraídos pelas plantas para facilitar ou promover a reprodução sexuada. No caso do cambuí (*M. floribunda*), os insetos polinizadores desempenham um papel fundamental na transferência de pólen entre as anteras e estigmas, contribuindo significativamente para a eficiência da polinização (OLIVEIRA et al., 2021).

Além do mais, Oliveira et. al (2021) enfatiza que anemofilia em *Myrciaria floribunda* resulta em baixa e produção desigual, *Apis mellifera* e *Trigona spinipes* são os principais visitantes florais do cambuí, o pico de visitação mais alto é verificado entre 5 horas da manhã até às 7 horas e 30 minutos. No entanto, alguns insetos da mesma espécie permanecem até às 11 horas. O curto tempo de visita dos insetos durante a estação de floração de *M. floribunda* é devido à disponibilidade de pólen da espécie. Esse fenômeno é também comum em outras espécies da mesma família, como como *Campomanesia adamantium* (CAMBESS.) O. Berg (NUCCI; ALVES-JÚNIOR, 2017).

Pires e Souza (2011) avaliaram os aspectos morfoanatômicos e a biologia floral da espécie *Myrcia laruotteana* Cambesse (Myrtaceae), enquanto Maués & Couturier (2002) estudaram a biologia floral de *Myrciaria dubia* (HBK) McVaugh e observaram que essas abelhas também são os principais insetos visitantes, atraídos pelo aroma doce das flores, além de serem eficientes polinizadores de espécies de Myrtaceae. Araújo et al. (2013) acrescentam

que o termo "cambuí" é de origem indígena e significa "folha que se desprende", sendo uma designação comum para várias espécies incluídas nos gêneros *Myrcia* e *Myrciaria*.

Atualmente, a *Myrciaria floribunda* é explorada exclusivamente por meio do extrativismo em comunidades próximas às áreas de ocorrência natural (Menezes et al., 2009). No entanto, a espécie enfrenta diversos desafios devido ao desmatamento, à expansão imobiliária nas regiões litorâneas e às ocupações irregulares por parte das comunidades locais. Esses fatores têm contribuído para a diminuição das populações naturais da planta e para a perda de seu habitat (SALVADOR, 2020).

O estado de conservação da *Myrciaria floribunda* ainda não foi avaliado de forma abrangente pelas listas de conservação internacionais, como a Lista Vermelha da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN, 2023). No entanto, considerando as ameaças enfrentadas pela espécie, é necessário tomar medidas de conservação para evitar a diminuição das populações naturais e a perda de seu habitat.

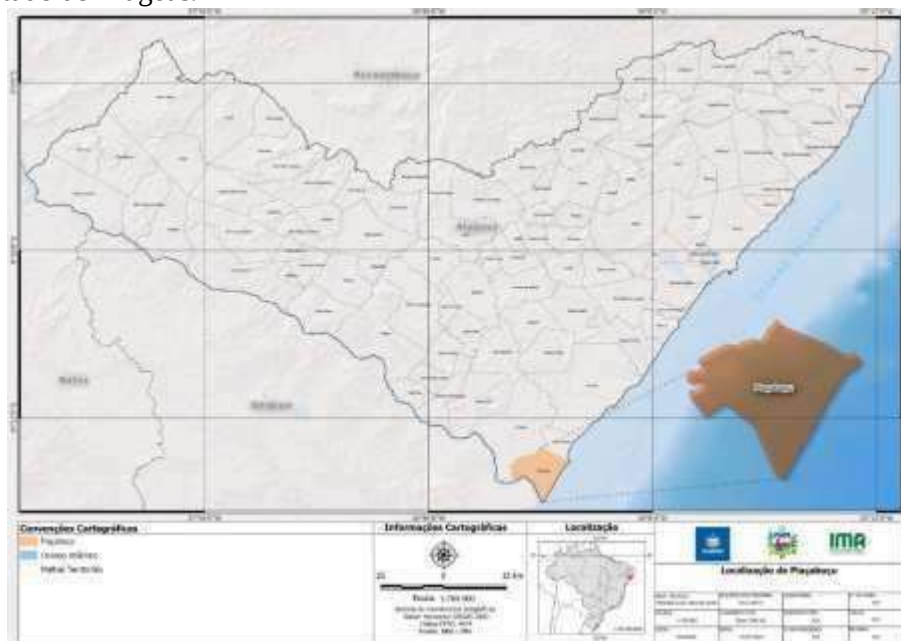
A conservação de recursos genéticos vegetais é um trabalho que engloba muitos fatores, como a obtenção de germoplasma, caracterização, avaliação, documentação, conservação e uso dos recursos genéticos (SANTANA et al., 2016). Ferreira (2011) enfatiza que a maioria das espécies frutíferas é conservada em condições naturais, enquanto algumas são mantidas em sementes ou em culturas de células. É importante conhecer a variabilidade genética dessas espécies para garantir o sucesso das estratégias de conservação (AGUIAR et al., 2013).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Amostragem

A área do estudo está situada na Área de Proteção Ambiental (APA), sob a gestão do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio), no município de Piaçabuçu/AL (Figura 1).

Figura 1. Localidade do município de coleta do material vegetal em população natural de *Myrciaria floribunda* no estado de Alagoas.



Fonte: Instituto do Meio Ambiente de Alagoas, 2023.

O acesso ao local foi feito pela rodovia estadual AL-101, percorrendo aproximadamente 120 quilômetros, passando pelos aglomerados urbanos das sedes municipais de Barra de São Miguel e Coruripe até chegar à sede municipal de Piaçabuçu. A partir de Piaçabuçu, segue-se um percurso de 18,6 quilômetros até o povoado do Pontal do Peba, onde está localizada a sede da APA.

Na área de coleta, foi constatada uma expansão desordenada e preocupante da ocupação em Áreas de Preservação Permanente (APP), além da degradação resultante do pisoteio de animais domésticos nas dunas móveis. Adicionalmente, observou-se uma frequente atividade exploratória em seu entorno, e devido ao reduzido tamanho populacional, os indivíduos de cambuí (*Myrciaria floribunda*) encontram-se distribuídos de forma densa.

Foram coletadas folhas jovens de 30 indivíduos de cambuizeiros (Figura 2). Todo o material coletado foi armazenado em caixa térmica contendo placas de gelo e transportado para o Laboratório de Fitopatologia, do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, da Universidade Federal de Alagoas, onde foi armazenado em freezer a - 20°C até o momento da extração do DNA.

Figura 2. Coleta de material vegetal em área natural localizada no município Piaçabuçu, Alagoas, Brasil.



Fonte: Autora, 2023.

4.2 Extração de DNA

Para a extração do DNA, foram utilizadas aproximadamente 2mg de folhas jovens, provenientes da coleta. O protocolo adotado foi o proposto por Doyle e Doyle (1990) com modificações.

O material foi macerado em almofariz com 10 mL de CTAB (Brometo de Cetiltrimetilamônio) 2% e 20 μ L de β – mercaptoetanol (Figura 3). Em seguida foi adicionado 750 μ L tampão de extração [Cetiltrimetil brometo de amônio 2%; Cloreto de sódio (NaCl) 1,4 mM; Tris 1 mM, pH 8,0; Polivinilpirrolidona (PVP) 1%)], 2 μ L de β -mercaptoetanol e 3 μ L de Proteinase K e posteriormente posto em banho-maria a 65 °C por 60 min., homogeneizando- as a cada 10 min.

Figura 3. Processo de maceração das folhas jovens de cambuizeiro.



Fonte: Autora, 2023.

Após o período de incubação, as amostras passaram por um processo de purificação, em que 500 μ L da mistura de clorofórmio e álcool isoamílico (24:1) foi adicionado ao microtubo. Logo, em seguida, foram homogeneizadas por meio de lentas inversões e centrifugadas a 500 rpm, a 20 °C por 10 min.

O sobrenadante obtido foi coletado e transferido, com o auxílio de uma micropipeta, para um microtubo contendo 400 μ L de isopropanol gelado. As amostras foram mantidas em freezer por 24 h para a precipitação do DNA, e logo após centrifugadas a 10000 rpm por 10 min, para a formação do precipitado. Em seguida, o isopropanol foi descartado e substituído por álcool 70% e centrifugado por 5 min a 12000 rpm. Essa etapa foi repetida mais uma vez.

Por fim, foi descartado o álcool 70% e substituído por álcool absoluto e centrifugado por 5 min. a 12000 rpm. Em seguida, a fase líquida foi descartada e o precipitado colocado para secar em temperatura ambiente. Depois de seco, este foi ressuscitado em 100 μ L de TE (Tris HCL 10 mM, pH 7,4; EDTA 1 mM) e 6 μ L de RNase (110 μ g/ μ L) e incubados por 30 min. a 37 °C, em banho-maria.

4.3 Quantificação do DNA

A quantificação do DNA foi realizada em gel de agarose a 1%. Foram utilizados 2 uL de DNA concentrado, 7 uL de água ultrapura autoclavada e 4 uL de tampão de carregamento,

sendo aplicados nas canaletas do gel ao lado de uma série de concentrações conhecidas de DNA, variando de 50 a 150 ng, sendo a concentração das amostras estimada por comparação.

Os géis foram submetidos à eletroforese por 1 h e 20 min, e as condições de corrida foram: voltagem (100 V), potência (100 W) e amperagem (100 mA).

4.4 Análise ISSR

As amostras seguiram o padrão de diluição de 10 ng/μL. A análise do polimorfismo foi realizada por meio de marcadores moleculares ISSR, utilizando primers ISSR (Tabela 1). As reações de PCR foram preparadas para volume final de 20 μL, constituído por: água ultrapura, dNTPs (10mM), tampão (10x), MgCl₂ (50mM), primers (5mM), Taq DNA polimerase Promega® (5u/μL) e DNA (10 ng/μL).

Tabela 1. Primers ISSR, suas respectivas sequência e Temperatura de Anelamento (T°C).

Nome	Sequência (5'-3')	T°C
UBC810	GAG AGA GAG AGA GAG AT	45.4
UBC812	GAG AGA GAG AGA GAG AA	55.8
UBC813	CTC TCT CTC TCT CTC TT	44.6
UBC815	CTC TTC TCT CTC TCT CTG	47.6
UBC818	CAC ACA CAC ACA CAC AG	57.2
UBC820	GTG TGT GTG TGT GTG TC	47.5
UBC834	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	45.6
UBC835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	50.2
UBC841	GAG AGA GAG AGA GAG AYC	48.5
UBC845	CTC TCT CTC TCT CTC TRG	48.1
UBC848	CAC ACA CAC ACA CAC ARG	52.7
ISSR3	CTC TCT CTC TCT CTC TTG	51.5

A reação de amplificação se deu em termociclador (Figura 4) com desnaturação a 94°C por 4 min, seguido de 37 ciclos de amplificação. Cada ciclo incluiu a desnaturação a 94°C por 45 s, temperatura de anelamento por 45 s e extensão a 72°C por 2 min. Após os ciclos, houve uma extensão final a 72°C por 7 min, seguida de resfriamento a 4°C.

Figura 4. Termociclador (*Petitioner Thermal Cycles*).



Fonte: Autora, 2023.

Os produtos da reação foram aplicados em gel de agarose a 2,0%. A corrida eletroforética foi a horizontal, a 90 V por 1h e 15 min. Os géis foram corados em brometo de etídio e visualizados em transiluminador de luz ultravioleta e as imagens armazenadas digitalmente (Figura 5).

Figura 5. Transiluminador de luz ultravioleta para leitura das bandas de géis.



Fonte: Autora, 2023.

4.5 Análise dos dados

Foram geradas matrizes binárias, quanto à presença (1) e ausência de bandas (0) para obtenção de estimativas relacionadas à diversidade genética e à estrutura genética espacial.

4.5.1 Diversidade genética

Para obtenção do índice de diversidade entre indivíduos da população foi feita a análise da similaridade genética (S_{ij}) entre cada par de indivíduos. A referida análise foi realizada por meio do programa NTSYSpc2, empregando-se os coeficientes de Jaccard.

A diversidade genética foi caracterizada pelos seguintes índices: número total de alelos por loco (N_a), Número efetivo de alelos (N_e), heterozigosidade esperada (H_e), pressupondo que os locos estejam em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE), e índice de Shannon (I). As análises foram calculadas utilizando o programa Genalex (Peakall e Smouse, 2012).

Foi realizada análise de estrutura genética populacional fundamentada no modelo de agrupamento bayesiano com o auxílio do programa STRUCTURE v. 2.3.3 (HUBISZ et al., 2009). O conjunto de parâmetros assumiu o modelo ‘admixture’ com frequências de alelos correlacionadas, e as simulações foram executadas em burn-in de 100.000 repetições, com valores de k variando de 1 a 10 agrupamentos. O número de agrupamentos (ΔK) foi determinado de acordo com STRUCTURE HARVESTER Evano (EARL E VONHOLDT, 2012).

4.5.2 Estrutura genética espacial

Para a análise da estrutura genética espacial (EGE) foi utilizado o programa SPAGEDI (Hardy e Vekemans, 2002). A caracterização da distribuição espacial dos genótipos dentro das populações foi realizada a partir das estimativas dos coeficientes de coancestria (θ_{xy}) entre pares de plantas, dentro de diferentes classes de distância.

O Coeficiente de coancestria foi calculado com base em Loiselle et al. (1995), conforme descrito por Bittencourt e Sebbenn (2007): em que, p_i e p_j são as frequências do alelo k nos indivíduos i e j (assumindo valores de 0, 0,5 e 1 em indivíduos homozigotos para o alelo alternativo, heterozigotos e homozigotos para o alelo 4 sob consideração, respectivamente), p_k é a média da frequência dos alelos k e n é o tamanho amostral.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Diversidade genética

Com relação ao parâmetro de diversidade genética, os resultados obtidos na população estudada de *Myrciaria floribunda* em Piaçabuçu indicam uma baixa variabilidade genética. Os valores observados foram: Número de alelos ($N_a = 2$), Número efetivo de alelos ($N_e = 1,20$),

índice de Shannon ($I = 0,27$) e diversidade genética de Nei ($He = 0,15$). Esses valores, especialmente I e He que se aproximam de zero, demonstram uma reduzida diversidade genética na população em questão.

Diferentemente dos resultados obtidos neste estudo, Nascimento (2019a) encontrou alta variabilidade genética em população natural de *Myrciaria floribunda*, no município de Itaporanga d'Ajuda, SE, com valor médio do Índice de Shannon (I) de 0,50. Na pesquisa em questão, os cambuizeiros com frutos de coloração distinta apresentaram nível intermediário de diversidade genética, semelhante à observada por Santana et al. (2016), que obteve (I) de 0,52. O nível de resolução genética e confiabilidade obtida por meio da análise com marcadores ISSR possibilitou a discriminação de genótipos diferentes geneticamente, que poderão ser utilizados para o manejo dos recursos genéticos da espécie. (SANTANA et al, 2016).

A análise UPGMA, baseada no coeficiente de Jaccard, revelou a formação de dois grupos distintos (Figura 6). O Grupo 1 (G1) é composto por 17 indivíduos, enquanto o Grupo 2 (G2) é composto por 13 indivíduos (Tabela 2). Notavelmente, observou-se uma maior similaridade entre os indivíduos CbPia_8, CbPia_12, CbPia_14 e CbPia_17.

Figura 6. Dendrograma construído por meio do agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Media) a partir dos valores de similaridade genética entre os indivíduos de cambuí (*Myrciaria floribunda*).

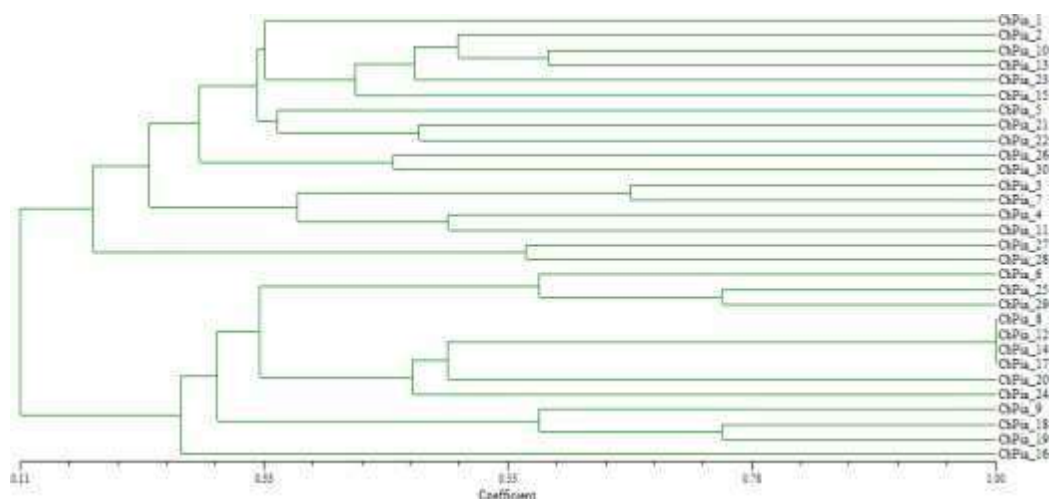


Tabela 2. Grupos formados pelo dendrograma UPGMA dos Indivíduos de *Myrciaria floribunda*, Piaçabuçu/AL.

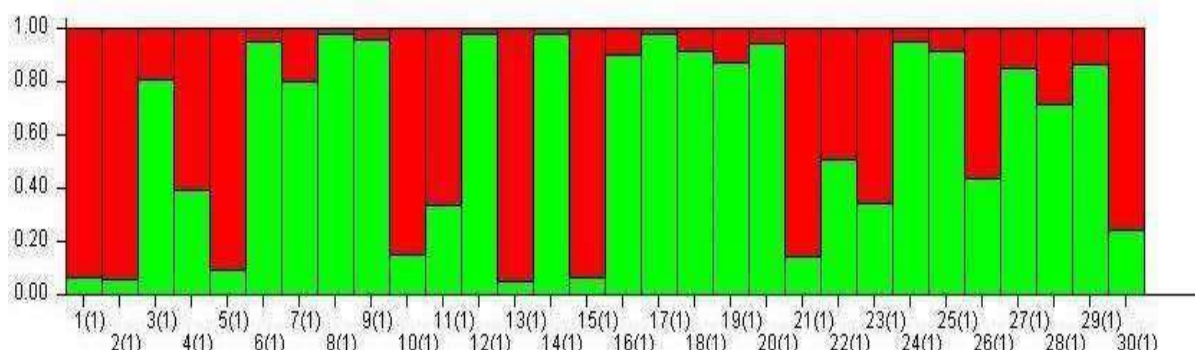
Grupo 1	Grupo 2
CbPia_1; CbPia_2; CbPia_3; CbPia_4;	CbPia_6; CbPia_8; CbPia_9; CbPia_12;
CbPia_5; CbPia_7; CbPia_10; CbPia_11;	CbPia_14; CbPia_16; CbPia_17; CbPia_18;
CbPia_13; CbPia_15; CbPia_21;	CbPia_19; CbPia_20; CbPia_24; CbPia_25;
CbPia_22; CbPia_23; CbPia_26;	CbPia_29.
CbPia_27; CbPia_28; CbPia_30.	

Fonte: Elaborada pela autora, 2023.

Rabbani et al. (2012) realizaram um estudo para avaliar a diversidade genética de dezoito indivíduos de *Genipa americana* na região do baixo curso do rio São Francisco. Os resultados indicaram que um par de indivíduos apresentou uma maior similaridade genética, atingindo 61,13%. Com base nisso, os pesquisadores sugeriram que é importante priorizar os indivíduos geneticamente mais distintos como fontes de sementes para a recuperação de áreas ciliares. No entanto, os indivíduos com maior similaridade genética também podem ser utilizados, desde que seja em regiões diferentes. Essa mesma abordagem sugerida pode ser aplicada na espécie *Myrciaria floribunda*, como uma estratégia para selecionar árvores-matrizes que fornecerão sementes.

Arriel et al. (2006) e Nascimento (2019b) enfatizam que, o emprego de mais de um método de agrupamento, em razão das diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos grupos, permite que a classificação dos indivíduos se complementam em função dos critérios que cada técnica utilizada, e impede que inferências errôneas sejam adotadas na alocação de materiais, dentro de um determinado subgrupo de genótipos. Dessa forma, o método de agrupamento bayesiano foi implementado pelo software STRUCTURE e resultou no agrupamento de $\Delta K = 2$ (Figura 7), confirmando a consistência dos agrupamentos dos indivíduos formados pelo método de UPGMA. Bem como com os parâmetros evidenciados por meio da diversidade genética de Nei e índice de Shannon, relatando sobre a baixa diversidade genética encontrada na população de *Myrciaria floribunda* estudada.

Figura 7- Representação dos 30 indivíduos/população natural de cambuí (*Myrciaria floribunda*), pertencentes ao município de Piaçabuçu, localizados no estado de Alagoas, diferenciados em dois grupos definidos pelo Structure ($\Delta K=2$) utilizando 12 marcadores ISSR.



A formação de grupos observada para a população estudada pode estar associada à estratégia de ocupação de área pela espécie, uma vez que foi evidenciado na área de coleta, a distribuição de forma adensada.

Este padrão de distribuição, em agregados de indivíduos, pode estar relacionado a fatores como fertilidade e umidade do solo e condições microclimáticas específicas. Desta forma, a distribuição da espécie sugere existir condições diferenciais para a germinação e/ou estabelecimento das plântulas de acordo com características edáficas (DIAZ et al, 2013).

5.2 Estrutura genética espacial

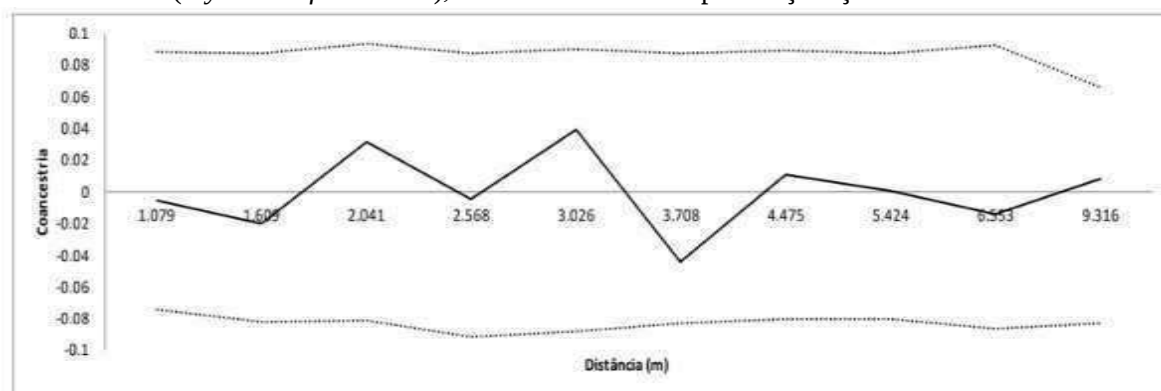
Defavari et al. (2009) afirma que os fatores que podem levar uma população a apresentar estrutura genética espacial significativa são, principalmente, o efeito fundador (população originada por um ou poucos genótipos), deriva genética (oscilação aleatória das frequências alélicas ao longo do tempo) e dispersão restrita de sementes.

Por meio de correlograma (Figura 8) é possível observar se há ou não estrutura genética espacial populacional. Para análise, deve-se considerar que as linhas tracejadas indicam os limites do erro intervalo de confiança com 95% de probabilidade, enquanto as linhas contínuas indicam os coeficientes de coancestria que foram estimados de acordo com Loiselle et al. (1995).

O coeficiente de coancestria é um indicador de similaridade ou divergência genética entre pares de indivíduos e determina o seu grau de parentesco. De acordo com os valores das estimativas podem ser considerados não relacionados ($ij = 0$), primos de primeiro grau (ij

$\hat{ij}=0,062$), meios irmãos ($\hat{ij}=0,12$), irmãos completos, pai ou mãe ou filho ($\hat{ij}=0,25$), irmão de autofecundação ou clone de cruzamento ($\hat{ij}=0,5$) e clone de autofecundação ($\hat{ij}=1,0$).

Figura 8. Correlograma dos coeficientes de coancestralidade nas dez classes de distância da população de cambuzeiro (*Myrciaria floribunda*), localizada no município Piaçabuçu/AL.



As linhas tracejadas indicam os limites do erro intervalo de confiança com 95% de probabilidade, enquanto as linhas contínuas indicam os coeficientes de coancestralidade que foram estimado de acordo com Loiselle et al., (1995).

A população apresentou valores de coancestralidade próximos a zero em todas as classes de distância, o que sugere menor grau de parentesco entre os indivíduos. o que pode significar que eles têm menos chances de se adaptar às mudanças ambientais.

Além disso, foi evidenciado que o valor não foi significativamente maior do que o limite superior do intervalo de confiança de 95%. Portanto, não foi observado estrutura genética espacial entre os indivíduos de *Myrciaria floribunda*.

A estrutura genética espacial é importante tanto para a conservação e manejo quanto para fins de melhoramento, possibilitando a formação de amostras mais significativas com certa diversidade em populações naturais de plantas, colaborando, assim, com a sustentabilidade dos recursos genéticos (LACERDA e KAGEYAMA, 2003; SANTANA et al, 2008).

A ausência de estrutura genética na população em questão confirma o comportamento esperado para espécies de alta plasticidade ecológica, no entanto a baixa diversidade evidenciada, informa que a exploração desordenada e a fragmentação das áreas estão reduzindo a base genética da espécie e ações emergenciais precisam ser tomadas para evitar a sua extinção. Como por exemplo, a introdução de indivíduos geneticamente diversificados pode ser necessárias para aumentar a variabilidade genética da população e fortalecer sua capacidade de adaptação.

Outro fator que pode estar ligado à ausência de estrutura genética espacial e baixa diversidade genética é a forma de introdução da espécie. Conforme Denny et al. (2022) a compreensão das vias e dos padrões de introdução de espécies nativas é fundamental para orientar estratégias de conservação, manejo e restauração, visando preservar a diversidade genética e promover a resiliência das populações.

Logo, é essencial compreender como uma população foi introduzida para avaliar possíveis perdas genéticas e monitorar sua estrutura genética em um novo local. Essas informações são imprescindíveis para tomar decisões de manejo adequadas, como estabelecer corredores genéticos e promover o cruzamento entre populações. Dessa forma, pode-se aumentar a diversidade genética, garantir sua conservação e a adaptação a longo prazo.

6. CONCLUSÕES

A população natural de *Myrciaria floribunda* estudada evidencia baixa diversidade genética.

Não há estrutura genética espacial entre os indivíduos da população.

A introdução de novos indivíduos e preservação das áreas de ocorrência natural da espécie se fazem necessárias de forma a garantir a perpetuação das mesmas no espaço e no tempo.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V. et al. Variabilidade genética de espécies frutíferas: importância para a conservação e o melhoramento genético. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 3, p. 899-909, 2013.
- ALLENDORF, F. W. et al. Genetic effects of habitat fragmentation, population size and population viability. **Annual Review of Genetics**, vol. 34, p. 305-327, 2010.
- ALMEIDA, A. S. **Mudanças de uso da terra em paisagens agrícolas com palma de óleo (*Elaeis guineensis* Jacq.) e implicações para a biodiversidade arbórea na Amazônia Oriental**. 2015. 116 f. Tese (Doutorado em Ciências Ambientais) – Universidade Federal do Pará, Instituto de Geociências, Belém, PA 2015.
- ARAÚJO, M. et al. O termo "cambuí": origem indígena e sua designação para espécies dos gêneros *Myrcia* e *Myrciaria*. **Acta Botânica Brasilica**, Belo Horizonte, v. 27, n. 3, p. 700-701, 2013.
- ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p. 801-809, 2006.
- ASSIS, L. S. Manejo de fragmentos florestais degradados. **Campinas: The Nature Conservancy**, 2019.
- BARBOSA, R. P.; VIANA, V. J. Recursos naturais e biodiversidade: preservação e conservação dos ecossistemas. **Saraiva Educação SA**, 2014.
- BITTENCOURT, R. et al. Diversidade e estrutura genética de populações de *Podocarpus lambertii* Klotzsch ex Endl. na floresta ombrófila mista em Santa Catarina. **Ciência Florestal**, v. 29, p. 63-74, 2019.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. Marcadores moleculares. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa; Brasília, DF: **Embrapa Café**, 2009.
- CABALLERO, A.; RODRÍGUEZ-RAMILO, S. T.; ÁVILA, V.; FERNÁNDEZ, J. Management of genetic diversity on subdivided populations in conservation programmes. **Conservation Genetics**, Dordrecht, v. 11, p. 409 – 419, 2010.
- CHAZDON, R. L. et al. When is a forest a forest? Forest concepts and definitions in the era of forest and landscape restoration. **Ambio**, v. 45, n. 5, p. 538-550, 2016.
- CLEWELL, A. F.; ARONSON, J. Ecological restoration: principles, values, and structure of an emerging profession. **Island Press**, 2012.

- CORADIN, L.; CAMILLO, J. Introdução. In: BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. Secretaria de Biodiversidade. VIEIRA, R. F. (Ed.); CAMILLO, J. (Ed.); CORADIN, L. (Ed.). Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: Plantas para o Futuro: Região Centro-Oeste / **Ministério do Meio Ambiente**. Brasília, DF: MMA, 2016.
- COSTA, J. L.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; OLIVEIRA, G. A. F., NEVES, C. G., & CASTRO, J. A. Estudo de diversidade genética em *Passiflora edulis Sims* com o uso de marcadores ISSR. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 21, Natal. Frutas: saúde, inovação e responsabilidade: anais. Natal: **Sociedade Brasileira de Fruticultura**, 2010.
- DEFAVARI, G. R.; TARAIZI, R.; MORENO, M. A.; FERRAZ, E. M.; GANDARA, F. B.; KAGEYAMA, P. Y. Estrutura genética espacial intrapopulacional de *Hymenaea stigonocarpa* Mart. Ex Hayne na Estação Ecológica de Itirapina, SP. **Scientia Forestalis**, v.37, n.81, p.89-98, 2009.
- DENNY, D. M. T; MARTINS, M. M. V; BURNQUIST, H, L. Bioeconomy in the Amazon. **Available at SSRN 4077624**, 2022.
- DIAZ, A.V. S et al. Diversidade genética, estrutura genética espacial e fluxo gênico em populações de erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St. Hil.) na área de entorno do Parque Nacional do Iguaçu. **Embrapa Florestas**, 2013.
- DOS SANTOS, L. R. et al. Extrativismo do cambuí (*Myrciaria* sp.): conhecimentos, práticas e renda na comunidade Ribeirinha, litoral sul de Sergipe. **Guaju**, v. 4, n. 2, p. 63-85, 2018.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, 12: p.13-15, 1990.
- EARL, D. A, VONHOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources** v. 4, n.2, p.359-361, 2012.
- EWERS, R. M.; DIDHAM, R. K. Confounding factors in the detection of species responses to habitat fragmentation. **Biological reviews**, v. 81, n. 1, p. 117-142, 2006.
- Funk, C. et al. Marcadores moleculares e sua importância na adaptação e seleção natural. **Revista Brasileira de Genética**, vol. 35, no. 3, p. 837-845, 2012.
- FERREIRA, J. P. Conservação de espécies frutíferas: uma visão geral. In: Congresso Brasileiro de Fruticultura, 22, 2011, Bento Gonçalves. Anais do Congresso Brasileiro de Fruticultura, Bento Gonçalves: **Sociedade Brasileira de Fruticultura**, p. 1-5, 2011.
- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética, ed. 3, p. 220. Brasília, DF: **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, 1998.

- FREITAS, M. L. M.; AUKAR, A. P. de A.; SEBBEN, A. M.; MORAES, M. L. T. de; LEMOS, E. G. M. Variabilidade genética intrapopulacional em *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Por marcador AFLP. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 68, p. 21-28, 2005.
- FOULLEY, J. L.; OLLIVIER, L. Estimating allelic richness and its diversity. **Livestock Science**, v. 101, n. 1-3, p. 150-158, 2006.
- GAMA, R. A. et al. Valor socioeconômico e extrativismo do cambuí (*Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg) no município de Presidente Figueiredo, Amazonas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 39, n. 1, p. e-195, 2017.
- GHAZOUL, J. Pollen and seed dispersal among dispersed plants. **Biological Review**, Oxford, v.80, p. 413-443, 2005.
- GRESSLER, E. M. et al. Fenologia reprodutiva e dispersão de sementes de espécies arbóreas de uma floresta estacional decidual de Santa Maria, RS. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 29, n. 1, p. 23-35, 2006.
- GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V. de; LANZA, M. A.; SCHUSTER, I. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.30, n.253, p.24-33, 2009.
- GUSSON, E.; SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. Sistema de reprodução em populações de *Eschweilera ovata* (Cambess.) Miers. **Revista árvore**, v. 30, n. 4, p. 491-502, 2006.
- HADDAD, N. M. et al. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science advances**, v. 1, n. 2, p. e1500052, 2015.
- HARTL, D.L.; JONES, E. W. Genetics: analysis of genes and genomes. **Jones & Bartlett Learning**, 2009.
- HUBISZ, M. J.; FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. K. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. **Mol Ecol Resour**, v. 9, n.5, p. 1322-1332, 2009. DOI:10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x.
- IUCN. **The IUCN Red List of Threatened Species**. Disponível em: <https://www.iucnredlist.org/>. Acesso em: 2 jun. 2023.
- JOSHI, S. P.; GUPTA, V. S.; AGGARWAL, R. K. Genetic diversity and phylogenetic relationship as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism in the genus *Oryza*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, n. 8, p. 1311-1320, 2000.
- KRAMER, A. T., ISON, J. L., ASHLEY, M. V., & HOWE, H. F. Botanic gardens, seed banks, and in situ and ex situ conservation strategies for endangered plants. **International Journal of Plant Sciences**, v. 180 n.1, p. 78-95, 2019.

LACERDA, C. M. B.; KAGEYAMA, P. Y. Estrutura genética espacial de duas populações naturais de *Myracrodruon urundeuva* M. Allemão na região semiárida, Brasil. **Revista Árvore**, v. 27, n. 2, p. 145-150, 2003.

LAMBIN, E. F.; GEIST, H. J.; LEPEERS, E. Dynamics of land-use and land-cover change in tropical regions. **Annual review of environment and resources**, v. 28, n. 1, p. 205-241, 2003.

LAURANCE, W. F. et al. Averting biodiversity collapse in tropical forest protected areas. **Nature**, v. 489, n. 7415, p. 290-294, 2012.

LAURANCE, W. F. et al. The fate of Amazonian forest fragments: a 32-year investigation. **Biological conservation**, v. 144, n. 1, p. 56-67, 2011.

LEMOS, L. et al. Florística e fitossociologia do estrato arbustivo-arbóreo de um fragmento de floresta ripária em Cachoeira do Sul, RS, Brasil. Iheringia, **Série Botânica**, v. 73, n. 2, p. 180-190, 2018.

LEIMU, R.; FISCHER, M. A meta-analysis of local adaptation in plants. **PloS one**, v. 3, n. 12, p. e4010, 2008.

Lewin, B. Genes VIII. Porto Alegre: **Artmed**, 2000.

LIMA, J. S. **Genetic Diversity and Spatial Genetic Structure in *Tibouchina papyrus* (POH) using microsatellite markers**. 2011. 64 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas - Biologia) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, 2011.

LORENZONI, R. M. et al. Utilização de marcadores ISSR na avaliação da divergência genética entre acessos de biribazeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 36, p. 251-257, 2014.

LOISELLE, B. A.; SORK, V. L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany, Columbus**, v. 82, n. 11, p. 1420-1425, 1995.

MADEIRA, P. A. et al. A importância da educação ambiental em unidades de conservação. **Revista Mythos**, v. 10, n. 2, p. 24-31, 2018.

MAUÉS, M. M.; COUTURIER, G. A. Morphological and functional flower characteristics of *Myrciaria dubia* (Myrtaceae) in Central Amazonia. **Acta Amazônica**, Manaus, v. 32, n. 1, p. 95-100, 2002.

MELO, C. M. **Uso da diversidade molecular para manejo e conservação de açaizeiro**. 2021. Dissertação (Ciência, Inovação e Tecnologia), Universidade Federal do Acre. Rio Branco, AC, 2021.

MELO, A. T. O. **Fluxo Gênico e Estrutura Genética Espacial de *Cabralea canjerana* (Vell.) Mart. (meliaceae) em fragmentos florestais de Mata Atlântica**. 2012. Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Goiás. Goiânia, GO, 2012.

MENEZES, M. O. T. et al. *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg in restinga and flooded fields of Maranhão, Brazil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 4, p. 1110-1117, 2009.

MOURA, F. B. P. (org.). A Mata Atlântica em Alagoas. Maceió: EDUFAL. (Conversando sobre ciências em Alagoas). **Bibliografia**: p. 85-88, 2006.

MOURA, R. S. **Genetic diversity and germination jenipapo**. 2014. 66 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, 2014.

MONTEIRO, M. J. S. Produtos Florestais não Madeireiros: As Comunidades e a Sustentabilidade do Desenvolvimento. **Editora Appris**, 2021.

NASCIMENTO, A. L. S.; ALMEIDA, C. S.; LEDO, A. S.; SILVA, A. V. C. Diversidade genética de cambuizeiros (*Myrciaria tenella* O. Berg) diferenciados pela coloração dos frutos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias (Agrária)**, v. 14, n. 2, e5644, 2019b.

NASCIMENTO, A. L. S. **Diversidade genética, frutificação, atributos de qualidade e compostos bioativos em cambuizeiros diferenciados pela coloração do fruto**. 2019. 65 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura e Biodiversidade) - Universidade Federal de Sergipe (UFS), São Cristóvão, SE, 2019a.

NUCCI, M.; ALVES-JÚNIOR, V. Avaliação dos visitantes florais e a polinização em *Campomanesia adamantium* (Cambess.) O. Berg (Myrtaceae) em uma área de Cerrado em Minas Gerais. **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v. 15, n. 4, p. 408-413, 2017.

OLIVEIRA, A. J; OLIVEIRA, T. C; SANTOS, A. A. C et al. Principais marcadores moleculares. **Research, Society and Development**, v. 10, n.15, e562101523633, 2021.

OLIVEIRA, L. F. et al. Efeito do vento no sucesso reprodutivo e produção de frutos de *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg. In: **Seminário Anual Científico e Tecnológico de Bioeconomia**, Brasília, DF: Embrapa, 2021.

OLIVEIRA, L. M. et al. Polinização de *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg (Myrtaceae) por *Apis mellifera* e *Trigona spinipes*. In: Congresso Brasileiro de Apicultura, Florianópolis: **ABELHA**, p. 123-130, 2021.

OLIVEIRA, N. N. S.; VIANA, A. P., QUINTAL, S. S. R., PAIVA, C. L., e MARINHO, C. S. Análise de distância genética entre acessos do gênero *psidium* via marcadores ISSR. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 36, n. 4, p. 917-923, dez. 2014.

OLIVEIRA, L. R. S. **Efeito da adubação nitrogenada e de boro no crescimento e na nutrição de mudas de *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg.** 2013. 43 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, 2013.

Pardini, R., S.; S. M., B. N.; R., & Metzger, J. P. The role of forest structure, fragment size and corridors in maintaining small mammal abundance and diversity in an Atlantic forest landscape. **Biological conservation**, v. 124, n. 2, p. 253-266, 2005.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. GenAlEx 6.5: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research—An Update. **Bioinformatics Application Note**, v. 28, p. 2537-2539, 2012. <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.

PETIT, R. J.; EL MOUSADIK, A.; PONS, A. O. Identifying Populations for Conservation on the basis of genetic markers. **Conservation Biology**, Gainesville, v.12, n.4, p. 844-855, 1998.

PIRES, E. M.; SOUZA, M. M. Biologia floral e fenologia reprodutiva de *Myrcia larutoteana* Cambess (Myrtaceae). **Acta Amazônica**, Manaus, v. 41, n. 4, p. 605-610, 2011.

POWELL, Wayne et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. **Molecular breeding**, v. 2, p. 225-238, 1996.

RAI, M. K.; PHULWARIA, M.; HARISH; GUPTA, A. K.; SHEKHAWAT, N. S.; JAISWAL, U. Genetic homogeneity of guava plants derived from somatic embryogenesis using SSR and ISSR markers. **Plant Cell Tissue Organ Culture**. 111:259–264, 2012.

REICH, D. E. et al. Linkage disequilibrium in the human genome. **Nature**, v. 411, n. 6834, p. 199-204, 2001.

RIBEIRO, M. C.; METZGER, J. P.; MARTENSEN, A. C.; PONZONI, F. J.; HIROTA, M. M. The Brazilian Atlantic Forest: how much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biological Conservation**, Boston, v. 142, n. 6, p. 1141-1153, 2009.

SACCHERI, I. J. et al. Genomic tools for evolutionary rescue and intervention in the face of climate change. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1389, n. 1, p. 76-104, 2017.

SAEED, S.; BAROZI, M. Y. K. A review on genetic diversity of wild plants by using different genetic markers. **Pure Applied. Biology**, v. 1, p. 68-71, 2012.

SALVADOR, F. B. Fenologia de uma comunidade arbórea em uma área de Cerrado sentido restrito no Sudeste do Brasil. **Acta Botanica Brasílica**, v. 34, n. 1, p. 89-103, 2020.

SALVADOR, T. L. **Morfometria, desenvolvimento pós-seminal e morfoanatomia de estruturas reprodutivas de cambuí [*Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.)].** 2020. 86f.

Tese (Doutorado em Agronomia: Área de Concentração em Produção Vegetal) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, AL, 2020.

SANTANA, J. G. S. **Diversidade Genética estimada com marcadores ISSR em população natural de cambuizeiro (*Myrciaria tenella* O. Berg)**. 2016. 36f. Dissertação (Mestre em Ciências). Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão, SE, 2016.

SANTANA, G. C. et al. Diversidade genética de *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong, no Baixo Rio São Francisco, por meio de marcadores RAPD. **Revista Árvore**, v. 32, p. 427-433, 2008.

SANTANA, C. G. et al. Conservação de recursos genéticos vegetais: obtenção, caracterização, avaliação, documentação, conservação e uso. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 11, n. 2, p. 90-99, 2016.

Santana, I. B. B., Oliveira, E. J., Soares Filho, W. S., Ritzinger, R., Amorim, E. P., Costa, M. A. P. C., & Moreira, R. F. C. Variabilidade genética entre acessos de Umbu-Cajazeira mediante análise de marcadores ISSR. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 33, n. 3, p. 868-876, 2011.

SANTOS, M. B. S. **Composição centesimal e características físicas e químicas do cambuí (*Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg) in natura e em polpa processada**. 2010. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Alimentos) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2010.

SOARES, V. V. M. **Identificação, validação e anotação funcional de marcadores microsatélites em genótipos de cajueiro anão-precoce (*Anacardium occidentale* var. *nanum*) utilizando dados de RNA-seq**. 2015. 97 f. Dissertação (Mestrado em biotecnologia) - Campus de Sobral, Universidade Federal do Ceará, Sobral, CE, 2015.

SOBIERAJSKI, G. D. R.; BARBOSA, W.; BETTIOL NETO, J. E.; CHAGAS, E. A.; CAMPO-DALL'ORTO, F. A. Caracterização dos estágios fenológicos em sete cultivares e seleções de nogueira-macadâmia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal. v. 29, n. 3, p. 690-694, 2007.

SOUZA, D. C. L. **Sistema de reprodução e distribuição da variabilidade genética de *Myracrodruon urundeuva* (FF & MF Allemão) em diferentes biomas**. 2017. Tese (Doutorado em Ciências Florestais), Faculdade de Ciências Agrônômicas da UNESP Botucatu, SP, 2017.

SOUZA, A. B., BARROS, F. V., & SOUTO, J. S. Biodiversidade da Caatinga: áreas e ações prioritárias para a conservação. Brasília, DF: **Ministério do Meio Ambiente**, p. 9-34, 2017.

SOUZA, C. G.; ZANELLA, L.; BORÉM, R. A. T.; CARVALHO, L. M. T.; ALVES, H. M. R.; VOLPATO, M. M. L. Análise da fragmentação florestal da área de proteção ambiental

Coqueiral, Coqueiral-MG. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 24, n. 3, p. 631-644, set. 2014.

SOUSA, N. R., SILVA, G. F.; NASCIMENTO FILHO, F. J.; & ATROCH, A. L. Diversidade genética do guaranazeiro por meio de RAPD e ISSR. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 22. Bento Gonçalves. **Anais: Sociedade brasileira de fruticultura**, 2012.

SPEHAR, C. R. et al. Conservação de recursos genéticos no Brasil. **Embrapa Cerrados**, Brasília, 2012.

TABARELLI, M., PINTO, L. P., & SILVA, J. M. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: lessons from aging human-modified landscapes. **Biological Conservation**, v. 143, n. 10, p. 2328-2340, 2010.

TOPPA, E. V. B.; JADOSKI, C. J. **O uso dos marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas**. 2013. 37 f. Dissertação (Agronomia) – UNESP, SÃO PAULO, 2013.

TRINDADE, M. et al. Ecologia reprodutiva de *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg (Myrtaceae) em área de campo natural no sul do Brasil. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 38, n. 93, p. 493-502, 2018.

TUNDISI, J. G.; TUNDISI, T. M. Impactos potenciais das alterações do Código Florestal nos recursos hídricos. **Biota Neotropica**, v. 10, p. 67-75, 2010.

VINHOTE, M. L. A. **Usos e manejo de recursos florestais não madeireiros em unidades de conservação estaduais na área de influência da BR 319**. 2014. 81f. Dissertação (Mestrado em Gestão de Áreas Protegidas na Amazônia), Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. Manaus, AM, 2014.

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in ecology and evolution**, v. 11, n. 10, p. 413-418, 1996.