



UFAM

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO *STRICTO SENSU*
EM CIÊNCIAS FLORESTAIS E AMBIENTAIS - PPGCIFA**

DIVERSIDADE GENÉTICA EM TAPEREBAZEIRO
(*Spondias mombin* L., Anacardiaceae)

MAGNA ARAGÃO MAGALHÃES

Manaus-Amazonas
Setembro/2013

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO *STRICTO SENSU*
EM CIÊNCIAS FLORESTAIS E AMBIENTAIS - PPGCIFA**

DIVERSIDADE GENÉTICA EM TAPEREBAZEIRO
(*Spondias mombin* L., Anacardiaceae)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Amazonas como parte dos requisitos à obtenção do grau de Mestre em Ciências Florestais e Ambientais.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Teresa Gomes Lopes
Coorientador: Prof. Dr. Pedro de Queiroz Costa Neto

Manaus-Amazonas
Setembro/2013



Poder Executivo
Ministério da Educação
Universidade Federal do Amazonas
Faculdade de Ciências Agrárias
Programa de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Ciências Florestais e Ambientais - PPGCIFA



PARECER
Defesa nº 136

A banca examinadora, instituída pelo colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais, da Faculdade de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Amazonas, após arguir da mestranda **MAGNA ARAGÃO MAGALHÃES**, em relação ao seu trabalho de dissertação intitulado "**DIVERSIDADE GENÉTICA EM TAPEREBAZEIRO** (*Spondias Mombin L.*)", é de parecer favorável à aprovação da mestranda habilitanda ao título de Mestre "*Magister Scientiae*" em Ciências Florestais e Ambientais, na área de concentração em **CIÊNCIAS FLORESTAIS E AMBIENTAIS (CIFA)**.

Doutora Maria Teresa Gomes Lopes
Professora da Faculdade de Ciências Agrária da Universidade Federal do Amazonas
Presidente da banca examinadora

Doutora Lucifrancy Vilagelim Costa
Professora da Faculdade de Ciências Agrária da Universidade Federal do Amazonas
Primeira examinadora

Doutor Pedro de Queiroz Costa Neto
Professor da Faculdade de Ciências Agrária da Universidade Federal do Amazonas
Segundo examinador

Manaus, 02 de setembro de 2013.

Prof. Dr. Julio César Rodríguez Tello
Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e Ambientais - PPG-CIFA



Ficha Catalográfica (Catalogação realizada pela Biblioteca Central da UFAM)

Magalhães, Magna Aragão

M188d Diversidade genética em taperebazeiros (*Spondias mombin* L.
Anacardeaceae) / Magna Magalhães Aragão . - Manaus, 2013.

47 f.; il. color.

Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) —
Universidade Federal do Amazonas.

Orientador: Profª. Drª. Maria Teresa Gomes Lopes

Co-orientador: Prof. Dr. Pedro de Queiroz Costa Neto

1. Genética vegetal 2. Diversidade genética 3. Fruta tropical I.
Lopes, Maria Teresa Gomes (Orient.) II. Universidade Federal do
Amazonas III. Título

CDU (2007) 634.442(811.3)(043.3)

Ao meu esposo Felipe do Nascimento de Souza,
aos meus pais Maria do Socorro Aragão Magalhães e
Antônio Rodrigues Magalhães.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus.

Ao meu esposo Felipe do Nascimento de Souza pelo apoio incondicional em todos os momentos.

Aos meus pais Maria do Socorro Aragão Magalhães e Antônio Rodrigues Magalhães por me darem a vida e por serem o meu grande exemplo de amor e sabedoria.

Aos meus sete irmãos: Martônio, Romana, Mardônio, Raquel, Patrícia, Marciano e Luzia que caminham comigo nessa vida como um time forte que jamais se separa não importa o quão adverso os problemas possam ser.

À Profa. Dra. Maria Teresa Gomes Lopes pela orientação e ensinamentos dispensados a mim durante todo o período do mestrado.

Ao Prof. Dr. Pedro de Queiroz Costa Neto, pelo apoio, ensinamentos e principalmente pela grande paciência e disponibilidade para ensinar toda a parte prática do AFLP.

À Profa. Dra. Doriane Picanço Rodrigues, e sua equipe do laboratório de Evolução Aplicada, pelo auxílio na fase de extrações de DNA e apoio em todos os momentos que precisei.

À amiga e companheira de trabalho Lucyanna Moura Coelho por estar junto comigo nessa jornada, sempre paciente, tranquila e disposta a superar qualquer obstáculo. Por me ouvir quando fiquei frustrada, por dividir comigo suas angústias e conquistas, pelas palavras de incentivo e especialmente pelas risadas compartilhadas que fizeram dos momentos difíceis mais leves.

Às colegas Lúcia Martins e Liane Demóstenes pelo apoio e carinho.

À Maria Antônia Falcão por ter feito o mapa de localização das áreas.

Ao Sr. Pedro e colega Saimon pelo apoio nas coletas do material biológico.

Aos colegas e amigos que fiz ao longo do curso: Priscilla Ribeiro, Vanessa Moura, Sueny Picanço, Luciana Batalha, Keity Valente, Amazonino Lemos, Benone Otávio e Telêmaco Jason (*in memoriam*) por todos os momentos que compartilhamos juntos nessa jornada.

À Elaine Ponciano por ter me dado suporte quando cheguei a UFAM, por me apresentar o curso de Ciências Florestais e Ambientais.

À Universidade Federal do Amazonas e à Faculdade de Ciências Agrárias, incluindo os Professores e funcionários, pela oportunidade de realização e por todos os conhecimentos transmitidos.

Programa de Apoio a Planos de Reestruturação e Expansão das Universidades Federais (Reuni) pela concessão da bolsa de estudo durante o curso.

Aos moradores da Vila Buriti, por permitirem nossa entrada em seus quintais para as coletas.

À Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira – CEPLAC, por permitirem que coletássemos material em seus plantios.

A todos os que, de uma forma ou de outra colaboraram para a realização deste trabalho.

Muito obrigada!

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- (A) Taperebazeiro, (B) folhas, (C) inflorescência, (D) flores e (E) frutos

Figura 2- Mapa de distribuição de taperebazeiro no Continente Americano

Figura 3- Mapas com locais de coletas a taperebazeiro

Figura 4 - Dendrograma de UPGMA das três populações de taperebazeiro juntas, calculado de acordo com a identidade de Nei (1978)

Figura 5 - Dendrograma de uma população de taperebazeiro com 30 acessos procedentes da UFAM, baseado na técnica método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA)

Figura 6 - Dendrograma de uma população de taperebazeiro com 30 acessos procedentes da Vila Buriti, baseado na técnica método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA)

Figura 7 - Dendrograma de uma população de taperebazeiro com 30 acessos procedentes da CEPLAC, baseado na técnica método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA)

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Cominações de *primers* e porcentagem de polimorfismo

Tabela 2: Variação genética obtida pela Análise de Variância Molecular - AMOVA

Tabela 3: Matriz de dissimilaridade da população UFAM

Tabela 4: Matriz de dissimilaridade da população VLB (Vila Buriti)

Tabela 5: Matriz de dissimilaridade da população CEPLAC

RESUMO

O taperebazeiro (*Spondias mombin* L.) é uma fruteira pertencente à família Anacardiaceae e tem uma distribuição geográfica ampla. Apresenta importância econômica e social e é bastante utilizado pela indústria para confecção de sucos, picolés, sorvetes, geleias e licores. Este estudo teve como objetivo principal caracterizar a diversidade genética entre e dentro de populações de *S. mombin* L. A análise foi realizada por meio de marcadores moleculares AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) em três populações localizadas na cidade de Manaus, Estado do Amazonas: Universidade Federal do Amazonas (UFAM), Vila Buriti (VLB) e Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (CEPLAC). Foram testadas 10 combinações de oligonucleotídeos, e selecionadas quatro para essa análise: E+AAC/M+CAT, E+AGT/M+CTC, E+AAC/M+CTC, E+AGT/M+CAT. Os oligonucleotídeos revelaram 283 locos polimórficos, variando de 63% a 97,2% entre as populações. O F_{st} (diferenciação genética entre as populações) calculado foi de 0,52, revelando um alto nível de diferenciação genética entre as populações. O resultado da Análise Molecular de Variância atribuiu 52,8% e 47,1% da variação entre e dentro das populações, respectivamente. O dendrograma construído com base nos marcadores AFLP revelou a formação de dois grupos, o das populações naturais, UFAM e VLB, e o grupo da CEPLAC, que é de uma população enriquecida com plantio. Os marcadores moleculares AFLP são eficientes para detectar diversidade genética em *S. mombin* e diferenciar populações de constituições distintas. A maior parte da variabilidade genética ocorre entre as populações.

PALAVRAS-CHAVE: Marcador molecular, AFLP, variabilidade genética.

ABSTRACT

The yellow mombin (*Spondias mombin* L.) is a fruit which belongs to the family Anacardiaceae and it has a wide geographical distribution. It presents economic and social importance and it is widely used by the industry for making juices, popsicles, ice cream, jams and liqueurs. This study aimed to characterize the genetic diversity within and among populations of *S. mombin*. The analysis was performed with molecular markers AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) in three populations located in the city of Manaus, Amazonas State: Federal University of Amazonas (UFAM), Vila Buriti (VLB) and the Executive Committee of the Cocoa crop Plan (CEPLAC). 10 combinations of oligonucleotides were tested, and four selected for this analysis: E + AAC / M + CAT, E + AGT / M + CTC, E + AAC / M + CTC, E + AGT / M + CAT. The oligonucleotides revealed 283 polymorphic loci, ranging from 97.2% to 63% among populations. The F_{st} (genetic differentiation between populations) figured was 0.52, showing a high level of genetic differentiation among the populations. The result of Analysis of Molecular Variance attributed 52.8% and 47.1% of the variation among and within populations, respectively. The dendrogram based on AFLP markers revealed the formation of two groups, the natural, UFAM and VLB, and CEPLAC group, which is a population enriched with planting. The AFLP markers are efficient to detect genetic diversity in *S. mombin* and differentiate populations of different constitutions. Most of the genetic variability occurs between populations.

KEYWORDS: Molecular marker, AFLP, genetic variability.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	1
2 OBJETIVOS	3
3 REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1 Classificação taxonômica	4
3.2 Nomes vulgares	4
3.3 Descrição da espécie	5
3.4 Distribuição Geográfica	7
3.5 Ecologia da Espécie	8
3.6 Usos e Importância da Espécie	9
3.7 Estudo da Variabilidade	9
3.8 Marcadores Moleculares	10
3.8.1 Polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado - AFLP.....	12
4 MATERIAL E MÉTODOS	13
4.1 Áreas de coleta de material vegetal	13
4.2 Extração do DNA	14
4.3 Análise por marcadores AFLP	14
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
4 CONCLUSÕES	25
REFERÊNCIAS	26
ANEXOS	32

1 INTRODUÇÃO

A *Spondias mombin* L., pertencente à família Anacardiaceae, é uma fruteira originada na América Tropical, com distribuição geográfica ampla, podendo ser encontrada por toda a América Latina, na maioria das ilhas do Caribe, em alguns países Asiáticos, Africanos e em ilhas do Pacífico e na Índia (JUSTINIANO et al., 2001; DUVAL, 2006; WISHNIE et al., 2007). No Brasil é encontrada na Amazônia, na Mata Atlântica e nas zonas mais úmidas dos Estados do Nordeste, principalmente na faixa litorânea e nas serras (PINTO et al., 2003). Seus frutos recebem diferentes nomes, tais como: taperebá, cajá, cajá-mirim, cajá-pequeno, *yellow mombin*, *jobo* (SACRAMENTO e SOUZA, 2000; PINTO et al., 2003). É frequentemente encontrada em pomares domésticos, quintais e na arborização de ruas.

A espécie não é mencionada nas estatísticas oficiais brasileiras, mesmo apresentando considerável importância social e econômica, especialmente para as Regiões Norte e Nordeste do Brasil, pela crescente comercialização de seus frutos ao natural e na forma de produtos processados em mercados, supermercados e restaurantes próximos às áreas de ocorrência dos frutos. A polpa possui grande valor nutricional, sendo rica em vitaminas, A, B1, B2 e C, proteínas, lipídios, cálcio, fósforo e ferro (SACRAMENTO; SOUZA, 2000). A espécie apresenta mercado crescente, mas ainda são raros os plantios comerciais, sendo a maioria dos frutos provenientes de exploração extrativista.

S. mombin é classificada como alógama e foram relatados a presença de fenômenos que favorecem a fecundação cruzada, como a ocorrência de dicogamia do tipo protândrica (SACRAMENTO; SOUZA, 2000) e autoincompatibilidade (SOUZA, 2000). Estudos da variabilidade genética em populações naturais de plantas em regiões tropicais demonstram que estas preservam grandes quantidades de variabilidade dentro das populações e que são predominantemente alógamas, e a distribuição da variabilidade genética natural é influenciada por fatores, como modo de reprodução das espécies, sistema de cruzamento, tamanho efetivo da população, distribuição geográfica e fluxo gênico (PAIVA, 1998).

Espécies frutíferas da Amazônia como o taperebazeiro, que sofrem exploração extrativista, em geral, podem ter suas populações alteradas ao longo do tempo, muitas vezes devido ao processo de domesticação realizado pelo homem (RAMOS et al., 2011) ou sofrer

riscos de perda de variabilidade devido ao próprio extrativismo. No estado do Amazonas são observadas populações de *S. mombin* de ocorrência natural e populações enriquecidas com plantios. Não se tem conhecimento do conteúdo de informação genética dessas populações enriquecidas comparativamente as naturais e o quanto as mesmas foram alteradas pela ação humana.

O conhecimento da diversidade genética de uma espécie é importante para o manejo ou para efetuar novos plantios, para realizar adequadamente o extrativismo e também para a conservação e o melhoramento genético (ESFAHANI; SHIRAN; BALALI, 2009; SETOTAW; DIAS; MISSIO, 2010). O conhecimento da diversidade genética entre e dentro de populações naturais permite um melhor entendimento de como a seleção está atuando em função da adaptabilidade (ESTOPA et al. 2006).

Os marcadores moleculares revelam polimorfismo de sequências de DNA e têm sido bastante usados para acessar a diversidade genética em espécies vegetais. Entre os marcadores, destaca-se a técnica AFLP (*Amplified Fragment Length Polimorfism*) por poder ser utilizada para qualquer espécie vegetal, detectar um grande número de locos polimórficos, possibilitar ampla cobertura do genoma e apresentar um baixo custo por informação por loco (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; LOPES et al., 2003). O marcador AFLP vem sendo utilizado em estudos de diversas fruteiras, tais como: em *Mauritia flexuosa* L. (Buriti) realizado por Gomes et al. (2011), em *Eugenia uniflora* (pitangueira) por Franzon et al. (2010), em *Mangifera indica* (mangueira) por Santos et al (2008) e em *S. tuberosa* (Umbuzeiro) por Santos e Oliveira (2008).

Os estudos de diversidade genética em *S. mombin* são escassos na literatura. O conhecimento e a organização da variabilidade genética de qualquer espécie vegetal é um passo importante para o extrativismo, para a sua conservação genética e para trabalhos de melhoramento.

2 OBJETIVOS

2.1 Geral

O objetivo do trabalho foi caracterizar a diversidade genética de populações naturais e de uma população enriquecida com plantio, em *S. mombin*, por meio de marcadores moleculares AFLP.

2.2 Específicos

- Testar e Identificar combinações de *primers* de AFLP;
- Caracterizar a diversidade genética de indivíduos utilizando marcadores AFLP.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Classificação taxonômica

O taperebazeiro pertence ao Reino: Plantae; Divisão: *Spermatophyta*; Subdivisão: Angiospermae; Classe: Eudicotyledoneae; Ordem: Sapindales; Família: Anacardiaceae; Gênero: *Spondias* à Espécie: *mombin*.

Na família Anacardiaceae há outras fruteiras tropicais de grande importância econômica para o Brasil, como a mangueira (*Mangífera indica* L.) e o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.), e seus produtos são bastante relevantes para exportação nacional. No Nordeste do Brasil, é comum o cultivo de algumas *Spondias* em fundos de quintais ou em pequenos pomares domésticos, o umbuzeiro (*S.tuberosa* Câmara), sirigueleiro (*S. purpurea* L.), taperebazeiro, umbu-cajazeiro (*Spondias* sp.), cajá-mangueira (*S. cytherea* Sonn) e umbugueleiro (*Spondias* sp.) são os mais frequentes.

3.2 Nomes vulgares

Devido à ampla distribuição geográfica da espécie pelo planeta, os frutos do taperebazeiro recebem diferentes denominações nos países onde ocorrem: no Brasil (cajá, nos Estados da região Nordeste; taperebá na Amazônia; cajá-mirim nos Estados da região Sul; cajá-miúdo e cajá-pequeno nos Estados de São Paulo e Minas Gerais); Suriname (mopé, hooboo); Antilhas Holandesas (macaprein, hoba, yellow plum); Guiana Francesa (prunier mombin); Guadalupe (mombin fruits jaunes, prune mombin, prune myrobololan); Haiti (mombin franc, myrobolone); Colômbia (jobo colorado, jobo de castilla); Venezuela (marapa); Nicarágua (jocote de jobo, ciruela de jobo); Honduras (ciruela de monte, jocote); Guatemala (jocote jobo, jobo jocote); Cuba (jobo hembra); República Dominicana (ciruela, joboban, jobo de porco); México e Equador (ciruela amarilla); Porto Rico (jobillo, jobo vano, jobo de perro); Países de idioma inglês (yellow mombin, hog plum); idioma espanhol (ciruela amarilla); e francês (mombin,

mombin jaune, prune dor, prunier mombin, prunier myrobolan) (SACRAMENTO; SOUZA, 2000; PINTO et al., 2003).

3.3 Descrição da espécie

O taperebazeiro apresenta tronco ereto com até 2 m de circunferência (Figura 1A), casca acinzentada ou brancacenta, rugosa e muito grossa, copa em formato capitata corimbiforme com diâmetro variável entre 8 a 24 m (SILVA; SILVA, 1995) que pode atingir até 30 m de altura, sendo a árvore mais alta do gênero *Spondias* (VILLACHICA, 1996).

As folhas (Figura 1B) são compostas, alternadas e imparipenadas com lâmina oblonga, cartácea com 5 a 11 cm de comprimento por 2 a 5 cm de largura; com cinco a 11 pares de folíolos opostos ou alternos, espiralados $\frac{1}{4}$ e peciolados; margem inteira; ápice agudo, base arredondada, desigual, glabra nas duas faces; nervação do tipo camptódromo-cladódromo, com 16 a 18 pares de nervuras secundárias, promículas na face ventral, proeminentes na face dorsal, raque piloso variando de 20 a 30 cm de comprimento, sem glândulas (PRANCE; SILVA, 1975). O taperebazeiro apresenta-se como caducifólia em regiões que exibem clima com estação seca, no entanto em outras regiões comporta-se como perenifólia ou semidecídua (LORENZI, 1992).

As flores (Figura 1D) são dispostas em inflorescências (Figura 1C) do tipo panículas terminais piramidais de 20 a 60 cm de comprimento, com numerosas flores pequenas, brancas, actinomorfas, apopétalas, diclamídea, cálice de 0,5 cm de diâmetro; receptáculo arredondado, superfície pilosa, pedicelo cilíndrico, 1-4 mm de comprimento; com cinco pétalas de 0,3 cm de comprimento, livres, valvares; cinco sépalas, concrescentes com os lóbulos diminutos; 10 estames com dois verticilos, sendo os cinco primeiros inseridos em um disco alterno às pétalas e o restante epipétalos; anteras subglobosas, basifixas, rimosas; ovário súpero 4-carpelar, uniovulado; óvulo anátropo; e estigma fimbriado (PRANCE; SILVA, 1975). O número de flores por panícula é variável, podendo atingir mais de 2000, porém, em média, apenas 10 frutos por panícula alcançam a maturação. O tempo médio entre a fecundação e o amadurecimento do fruto é de quatro a cinco meses (SACRAMENTO; SOUZA, 2000).

Existem poucos estudos no Brasil sobre a biologia floral do taperebazeiro, no entanto alguns relatos citam variações no comportamento reprodutivo em diferentes áreas de ocorrência

da espécie. Por exemplo, Prance e Silva (1975) descreveram as flores como hermafroditas e unissexuais na mesma planta; Pennington e Sarukhan (1968) descreveram como uma espécie dióica no México; Bawa e Opler (1975) descreveram a espécie como monóica na Costa Rica; e Croata (1978) descreveu que no Panamá, a maioria das flores eram hermafrodita.

Croata (1978) e Janzen (1985) relataram que na Costa Rica a polinização foi predominantemente realizada por abelhas e outros insetos pequenos. Já no Brasil, Lozano (1986) descreveu como anemófila, observando as características anatômicas das flores baseando-se na teoria de que as flores são desprovidas de cores vistosas e atraentes, nectários e todo o tipo de atrativos a possíveis polinizadores, sendo polinizada pelo vento e a dispersão do pólen podendo chegar a mais de 300 m de distância.

Também foi relatada, por alguns autores, a presença de fenômeno que favorece a fecundação cruzada, sendo classificada como alógama pela ocorrência de dicogamia do tipo protândrica (SACRAMENTO e SOUZA, 2000) e autoincompatibilidade (SOUZA, 2000). Segundo Bruker e Albuquerque (2005), espécies de plantas perenes que permitem propagação vegetativa, como é o caso do taperebazeiro, são alógamas. Allard (1999) citou como exemplo de espécies com estas características o cajueiro (*Anacardium occidentale*), o eucalipto (*Eucalyptus globulus Labill*), a cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum* L.), a mangueira, o umbuzeiro e, pelos resultados relatados na literatura, a cajazeira (taperebazeiro), dentre outras.

O fruto do taperebazeiro, (Figura 1E) é caracterizado como drupa de 3 a 6 cm de comprimento, ovoides ou oblongo, achatado na base, cor variando do amarelo ao alaranjado, casca fina, lisa, polpa pouco espessa de cor também variando do amarelo ao alaranjado, succulenta e de sabor ácido-adocicado (SILVA; SILVA, 1995). Quando recém-colhido a massa do fruto pode variar entre 4,8 a 37,4 g (SACRAMENTO et al., 1998).

Leon e Shaw (1990) determinaram o valor nutricional em 100 g de polpa, relataram os valores para os seguintes componentes: água (72,8 a 88,5 g); calorias (21,8 a 70 cal.); proteínas (0,6 a 1,4 g); lipídios (0,1 a 2,1 g); carboidratos (8,7 a 14,2 g); fibras (0,6 a 1,2 g); cinzas (0,4 a 0,6 g); açúcares redutores (6,7 a 9,4 g); cálcio (26,0 a 31,4 mg); fósforo (27,0 a 40,0 mg); ferro (2,2 a 70,5 mg); ácido ascórbico (11 a 166 mg); vitamina A (70,0 a 71,0 µg); tiamina (6,74 a 9,41 mg); riboflavina (0,05 a 0,06 mg), niacina e piridoxina com 0,5 e 0,67 mg, respectivamente.

Para Wannan e Quinn (1990), as espécies da família Anacardiaceae possuem dois tipos básicos de estruturas de endocarpo: o tipo *Spondias* e o tipo *Anacardium*, o endocarpo do tipo

Spondias, o qual é composto de um conjunto de células fortemente lignificado e irregularmente orientado em esclerênquima. Lozano (1986) relatou que o endocarpo é formado por cinco lóculos correspondendo a um óvulo, em cada endocarpo encontraram de dois a cinco lóculos e de zero a cinco sementes, sendo mais frequente a ocorrência de uma semente.

Figura 1 (A) Taperebazeiro; (B) Suas folhas; (C) Inflorescência; (D) Flores; (E) Frutos



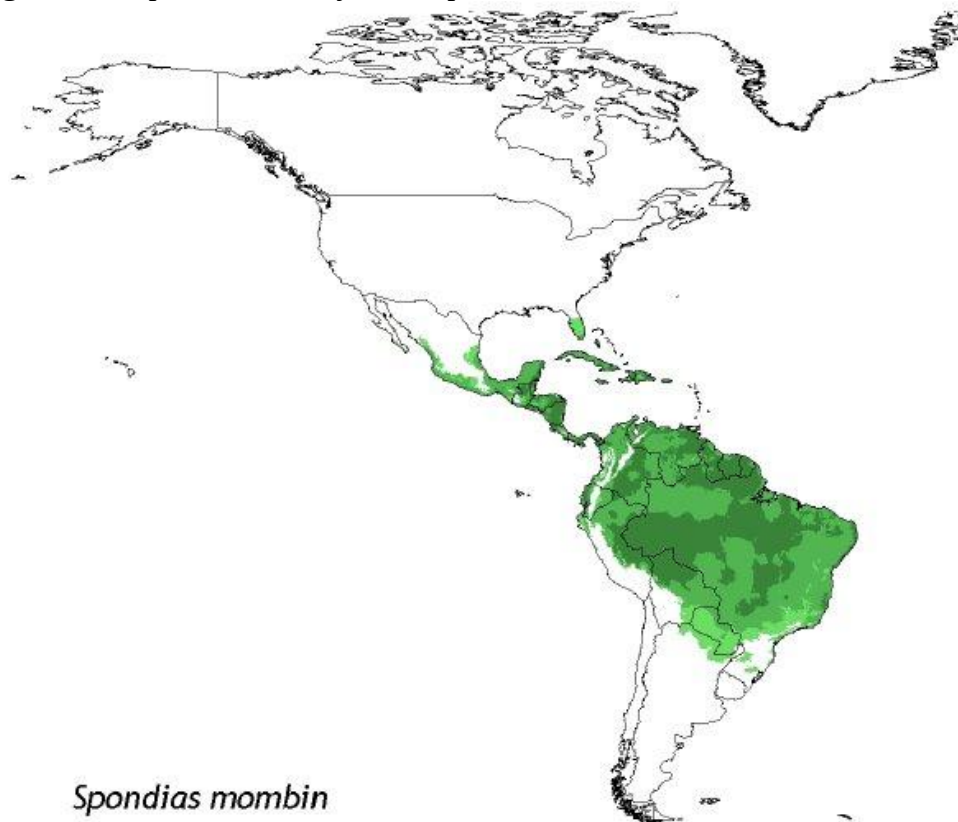
Fonte: (A) Magalhães, M.; (B, C e E) Leão, T.; (D) Paton, S.

3.4 Distribuição Geográfica

O taperebazeiro é encontrado por toda a América Latina, na maioria das ilhas do Caribe, (Figura 2), em alguns países Asiáticos e Africanos, como Nigéria, Congo, Angola, além de algumas ilhas do Pacífico e na Índia (JUSTINIANO et al., 2001; DUVAL, 2006; WISHNIE et al., 2007).

Souza e Bleicher (2002) citaram a Amazônia Ocidental e a Mata Atlântica como Centro de Diversidade. Já Pinto et al. (2003) citaram o Continente Americano como sendo o centro de origem do taperebazeiro.

Figura 2. Mapa de distribuição do taperebazeiro no Continente Americano



Fonte: www.biodiversityinternational.org

3.5 Ecologia da Espécie

É uma planta perenifólia ou semi decídua, heliófila e seletiva higrófila, característica da mata alta de várzea de terras firme, sendo encontrada também em formações secundárias, onde se regenera espontaneamente, tanto a partir de sementes como de estacas e raízes. São também bastante frequentes em fundos de quintais e pequenos pomares domésticos. O taperebazeiro desenvolve-se bem nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, em clima úmido, sub úmido, quente, temperado-quente, e resiste a longo período de seca (SILVA, 2009). As plantas são encontradas isoladas ou agrupadas, notadamente em regiões da Amazônia e da Mata Atlântica, prováveis zonas de dispersão da espécie, e nas zonas mais úmidas dos Estados do Nordeste (SOUZA et al., 2000).

3.6 Usos e Importância da Espécie

Por seu porte elevado, o taperebazeiro é usado para sombreamento do cacaueteiro (*Theobroma cacao* L.) em sistemas agroflorestais, na alimentação animal em época de seca no Nordeste (SACRAMENTO; SOUZA, 2000). Os frutos são amplamente utilizados pela indústria para a confecção de suco, néctar, sorvetes, geleias, vinhos, licores etc.

Tanto na medicina popular como na indústria farmacêutica é crescente a utilização do taperebazeiro. A casca é aromática, adstringente e emética, é utilizada para tratamento de diarreia, disenteria e hemorroida. As folhas são usadas no tratamento de febres biliosas, constipação do ventre, dores do estômago etc. O extrato das folhas e dos ramos contém taninos elágicos, este componente possui propriedades medicinais para o controle de bactérias gram negativas e positivas (SANTANA, 2010).

Wishne et al. (2007), avaliaram o desempenho de várias espécies arbóreas em áreas de reflorestamento no Panamá, verificaram que o taperebazeiro apresentou um dos melhores resultados, assim caracterizando-se como espécie com excelente potencial de regeneração em áreas degradadas, atuando como pioneira.

A madeira é classificada como de baixa qualidade por apresentar textura mole, flexibilidade elevada e suscetibilidade ao ataque de insetos. No entanto, é bastante utilizada na realização de pequenas atividades de marcenaria como: construção de pequenos barcos, fabricação de caixas e palito de fósforos, lápis, caixotes e como substituto da cortiça, e no fabrico de urnas funerárias, sendo que as cascas são fonte de substâncias adstringentes e se prestam à modelagem e à xilogravura, arte muito praticada pelos nordestinos (SACRAMENTO; SOUZA, 2000).

3.7 Estudo da Variabilidade

Estudos da variabilidade genética em populações naturais de plantas em regiões tropicais demonstram que estas preservam grandes quantidades de variabilidade dentro das populações, comparando-se com as existentes em outros ambientes, e a distribuição da variabilidade genética natural é influenciada por fatores como modo de reprodução das espécies, sistema de

cruzamento, tamanho efetivo da população, distribuição geográfica e fluxo gênico (PAIVA, 1998).

Na área de conservação genética, estudos vêm demonstrando que a redução das populações naturais tem levado a uma perda de genes adaptados a ambientes específicos de ocorrência das espécies arbóreas. A redução contínua no tamanho das populações as submete a perdas de variabilidade genética, por deriva genética (SEBBENN; ETTORI, 2001). A deriva pode causar a depressão por endogamia e consequentemente, reduzir a capacidade adaptativa, fertilidade, vigor, porte e produtividade, entre outras coisas (RITLAND, 1996).

A variabilidade genética é a base da biodiversidade e pode ser acessada por meio de marcadores genéticos. A utilização de marcadores genéticos em estudos populacionais de espécies arbóreas tem demonstrado tratar-se de ferramenta altamente potencial (FREITAS et al., 2005).

3.8 Marcadores Moleculares

Marcadores moleculares são sequências de DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos e são herdados geneticamente, eles têm sido empregados extensivamente e com sucesso na análise genética da plantas e na caracterização existente entre os indivíduos. A partir da década de 70, com o advento das técnicas de biologia molecular, dentre as quais destaca-se a PCR (Reação da Polimerase em Cadeia), foram desenvolvidos vários métodos de detecção de polimorfismo genético ao nível do DNA.

Tais técnicas viabilizaram o surgimento de um número ilimitado de marcadores moleculares para a caracterização genética de indivíduos, populações e espécies. Os variados tipos de marcadores moleculares hoje disponíveis, cada um utilizando uma estratégia particular para detectar polimorfismos de DNA, variam quanto à habilidade de detectar diferenças entre indivíduos, custo, facilidade de uso, consistência e repetibilidade.

A revolução dos marcadores moleculares teve seu início com o surgimento dos marcadores bioquímicos, conhecidos como isoenzimas. O número de marcadores genéticos disponíveis foi aumentando bem como sua aplicabilidade que passou a incluir todas as espécies de plantas e animais. Com o advento das técnicas modernas de biologia molecular, surgiram

diversos métodos de detecção de polimorfismos da molécula de DNA. Os marcadores moleculares de DNA: RFLP (Polimorfismo de Comprimento de Fragmento de Restrição), RAPD (DNA Polimórfico Amplificado ao Acaso), SSR (Sequência Simples Repetida), AFLP, entre outros permitiram uma maior cobertura genômica, quando comparados com as isoenzimas.

Os marcadores moleculares podem ser separados em dois grupos, os codominantes (RFLP, SSR e isoenzimas) e os dominantes (RAPD e AFLP). No caso dos dominantes, os alelos de um mesmo loco são revelados pela presença ou ausência de uma banda que, por sua vez, resulta da amplificação de um fragmento de determinado tamanho que é visualizado no gel. No entanto, não é possível saber se o loco amplificado está em homozigose ou heterozigose. Sendo assim, marcadores dominantes, ao contrário dos codominantes, não permitem a distinção entre genótipos homozigóticos e heterozigóticos os quais constituem apenas uma classe, isto é, a que apresenta o alelo amplificado. Os indivíduos nos quais o alelo não é amplificado constituem a outra classe, considerada homozigótica para ausência da banda, qualquer que seja o motivo pelo qual o fragmento não foi amplificado (LOPES et al., 2003).

Os marcadores gerados pela análise de AFLP associam os polimorfismos gerados por enzimas de restrição com a capacidade de detecção da técnica de PCR. O DNA total da planta é clivado por enzimas de restrição, originando um número extremamente elevado de fragmentos que, em função da concentração, não são detectados em eletroforese. Pequenas sequências de DNA (adaptadores) são acopladas às extremidades desses fragmentos de restrição, às quais se anelarão com oligonucleotídeos específicos, durante a PCR, pré-amplificação e amplificação seletiva. Os fragmentos gerados são então separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante (OLIVEIRA, 2005). Tais marcadores apresentam vantagens comparativas, tais como detecção de maior número de locos, cobertura ampla do genoma e baixo custo (LOPES et al., 2003).

Os marcadores moleculares têm sido empregados extensivamente e com sucesso na análise genética de plantas e na caracterização da variabilidade existente entre os indivíduos.

3.8.1 Polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado - AFLP

A técnica do AFLP, descrita por Vos et al. (1995), associa os polimorfismos gerados por enzimas de restrição com a capacidade de detecção da técnica de PCR. A análise de AFLP consiste essencialmente de quatro etapas. Na primeira etapa o DNA genômico total do indivíduo é clivado com duas enzimas de restrição (uma de corte raro combinada com outra de corte frequente). Na segunda etapa, adaptadores específicos são ligados aos terminais dos fragmentos genômicos gerados pela clivagem. Na terceira etapa, uma fração dos fragmentos gerados é amplificada seletivamente via PCR utilizando oligonucleotídeos especificamente desenhados para reconhecer sequências nos adaptadores. Na quarta e última etapa, a subpopulação de fragmentos amplificados é separada em gel de alta resolução (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

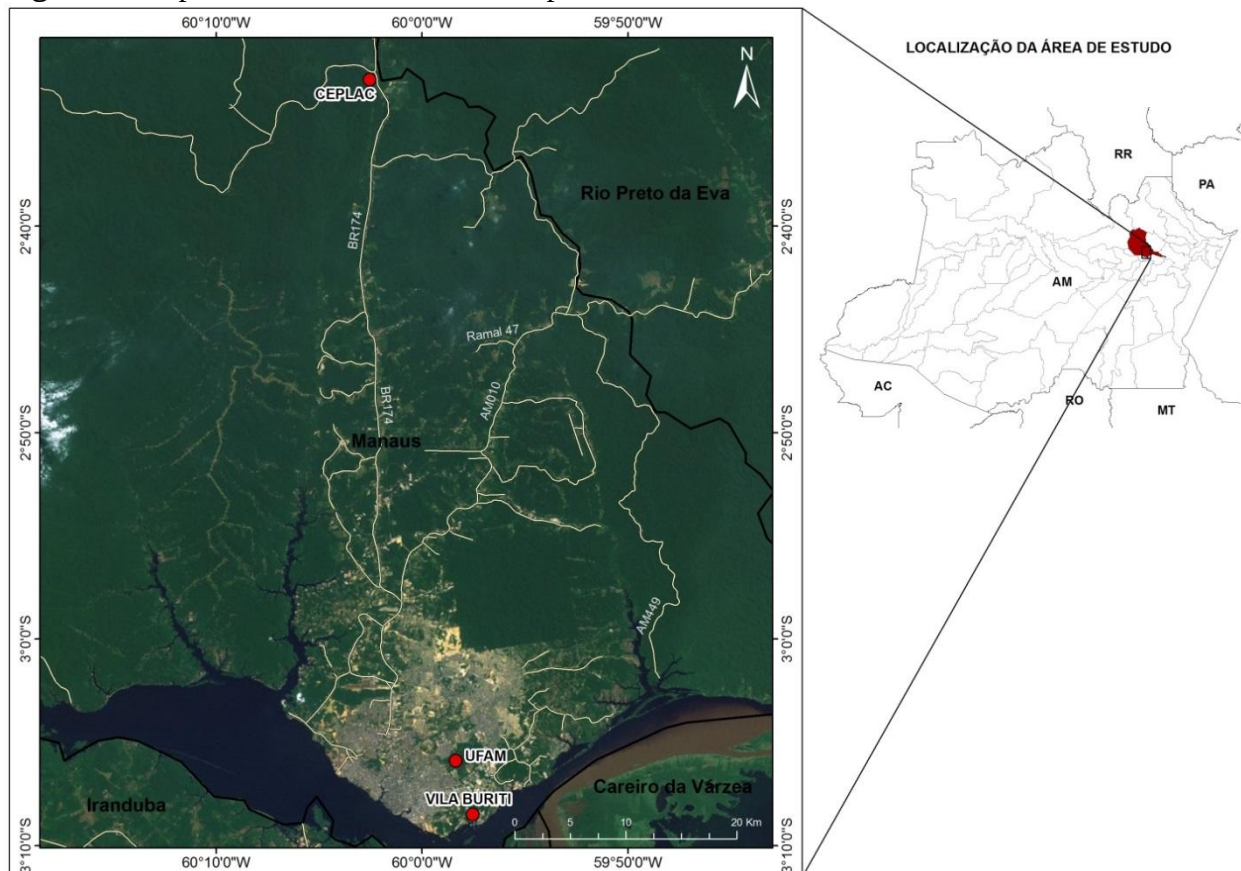
Esse marcador se caracteriza por ser altamente polimórfico, permitindo a diferenciação dos indivíduos de uma mesma espécie. Este ainda apresenta uma alta taxa de resolução, sendo altamente reprodutivo com a vantagem de não requerer nenhum tipo de conhecimento prévio sobre o genoma da espécie analisada (LOPES et al., 2003).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Áreas de coleta de material vegetal

Foram estudadas três populações de *S. mombin* localizadas em Manaus, Amazonas, população da Universidade Federal do Amazonas (UFAM) (059° 58' 33" W e 03° 05' 50.9" S); população da Vila Buriti (VLB) (059° 56' 46.4" W e 03° 08' 16" S); e população da Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (CEPLAC) (060° 02' 16.3" W e 02° 33' 08.1" S) (Figura 3). As populações UFAM e VLB são populações naturais e a população CEPLAC foi enriquecida com plantio de mudas selecionadas para qualidade de frutos. Para o estudo da diversidade genética entre e dentro das populações foram analisados 30 indivíduos em cada população.

Figura 3. Mapa com locais de coleta de taperebazeiro em Manaus-AM



Fonte: IBGE (2013)

Os indivíduos foram identificados nos locais de coleta com placas de metal e georreferenciados. Amostras das folhas foram coletadas e acondicionadas em sacos plásticos com sílica gel, levadas ao laboratório e armazenados em freezer. Após estarem secas, foram submetidas à extração de DNA e à análise com marcadores AFLP.

4.2 Extração do DNA

A extração do DNA genômico foi realizada a partir de folhas secas. Foi usado o método CTAB 2% (DOYLE; DOYLE, 1987), com modificações. Utilizou-se 0,6 g de tecido vegetal, de cada indivíduo das três populações. A maceração foi realizada em homogeneizador de tecidos. A quantificação do DNA genômico foi observada em gel de agarose 0,8% (p v⁻¹) por comparações visuais de sua fluorescência com aquelas de padrões de massa molecular conhecida de DNA do fago lambda de 50 ng a 100 ng. Os géis foram corados em brometo de etídeo (10 mg mL⁻¹) e fotografados sob luz UV. Depois de quantificados, todas as amostras de DNA foram diluídas em água ultrapura para a concentração de 20 ng µL⁻¹.

4.3 Análise por marcadores AFLP

A análise de marcadores AFLP foi realizada de acordo com os procedimentos propostos originalmente por Vos et al. (1995), com modificações de Lopes et al. (2003). As reações de digestão foram realizadas utilizando-se 300 ng de DNA genômico, 5,0 µL do tampão “One Phor All” 10X (OPA; Amersham), 0,5 µL de solução BSA (Albumina de Soro Bovino) (10 µg µL⁻¹), 0,5µL da enzima MseI (10 U µL⁻¹) e 0,5 µL da enzima EcoRI (10 U µL⁻¹), ambas fornecidos pelo New England Biolabs, em volume final de 50 µL. As reações foram realizadas a 37 °C por três horas, em seguida, as enzimas foram inativadas a 70 °C por 15 min.

Os fragmentos resultantes da digestão foram ligados aos adaptadores específicos para os locais de restrição EcoRI e MseI. Nesta etapa, utilizaram-se 10 µL do DNA digerido, sendo

adicionados 9,6 µL de solução de ligação de adaptadores, e 0,4 µL da enzima T4 DNA Ligase (Invitrogen). O material foi incubado por duas horas a 20 °C.

Nas reações de pré-amplificação, foram usados iniciadores complementares às sequências dos sítios das enzimas de restrição com um nucleotídeo seletivo e foi usada a combinação de iniciadores EcoRI+A - MseI+C. No preparo das reações, foram utilizados 2,5 µL da amostra de DNA (digerido - ligado), 0,5 µL do iniciador da enzima de corte raro (EcoRI+A) (5' - GAC TGC GTA CCA ATT CA - 3') (25 ng µL⁻¹), 0,5 µL do iniciador da enzima de corte frequente (MseI+C) (5' - GAT GAG TCC TGA GTA AC - 3') (25 ng µL⁻¹), 0,4 µL de dNTP 2,5 mM (Promega), 2,0 µL do tampão 10X Buffer B (Fermentas), 1,2 µL de MgCl₂ 25 mM (Fermentas), 0,3 µL de Taq DNA polimerase 5,0 U µL⁻¹ (Fermentas) e 3,6 µL de água ultrapura. O programa da PCR, na pré-amplificação, foi composto de 26 ciclos de amplificação após desnaturação inicial a 94 °C por 2 min. Cada ciclo foi constituído de um minuto a 94 °C (desnaturação), um minuto a 56 °C (anelamento) e um minuto a 72 °C (extensão). O ciclo final foi seguido de uma extensão para ação da Taq polimerase por cinco minutos a 72 °C. Os produtos da pré-amplificação foram diluídos, acrescentando-se 40 µL de água ultrapura, e armazenados a -20 °C.

Nas reações de amplificação seletiva foram utilizados 2,5 µL do produto da pré-amplificação diluído, 1,0 µL do iniciador da enzima de corte raro com três nucleotídeos seletivos (E+ANN), 1,2 µL do iniciador da enzima de corte frequente com três nucleotídeos seletivos (M+CNN), 0,4 µL do mix de dNTP 2,5 mM (Promega), 2,0 µL do tampão da Taq DNA polimerase 10X (Fermentas), 1,2 µL de MgCl₂ 25 mM, 0,2 µL de Taq DNA polimerase 5 U µL⁻¹ (Fermentas) e 11,5 µL de água ultrapura. O programa da PCR na amplificação seletiva consistiu em desnaturação inicial a 94 °C por dois minutos, 12 ciclos compostos de 30 segundos a 94 °C, 30 segundos a 65 °C e um minuto a 72 °C, seguidos de 23 ciclos de 30 segundos a 94 °C, 30 segundos a 56 °C e um minuto a 72 °C. O último ciclo, de dois minutos a 72 °C.

Foram testadas 10 combinações de oligonucleotídios de AFLP (E+AAC/M+CTC, E+AGC/M+CGC, E+AAC/M+CGC, E+ATC/M+CTC, E+ACA/M+CTC, E+ATC/M+CGC, E+ACA/M+CGC, E+AGT/M+CTC, E+AGC/M+CTC, E+AGT/M+CGC) em uma amostra aleatória de 10 indivíduos. Quatro combinações foram selecionadas por apresentar maior número de locos polimórficos e melhor qualidade de amplificação (E+AAC/M+CAT, E+AGT/M+CTC, E+AAC/M+CTC, E+AGT/M+CAT).

As amostras foram submetidas à eletroforese em gel de poliacrilamida (acrilamida/bisacrilamida). Foi usado o sistema de gel de sequenciamento "Sequi-Gen GT" (Biorad), com dimensões 38 x 50 cm e fonte de 3.000 V. Foram utilizadas as combinações de oligonucleotídeos usados na amplificação seletiva. Para o preparo da solução matriz dos géis de poliacrilamida, foram utilizados: 252 g de ureia, 250 mL de TEB (tris-base, ácido bórico, EDTA, e água destilada) 1X, 1,8 g de bis-acrilamida, 36 g de acrilamida, sendo o volume final ajustado para 600 mL com água destilada.

Para o preparo de um gel, utilizou-se 120 mL da matriz, 120 μ L de Tetramethylethylenediamine (Temed) e 800 μ L de persulfato de amônia. O Temed e o persulfato de amônia foram adicionados imediatamente antes da aplicação da matriz entre as placas. Ao produto da amplificação seletiva (20 μ L), foram adicionados 8 μ L de Loading buffer (formamida 98%, EDTA 10 mM pH 8,0, azul de bromofenol 0,002%, p/v e xileno cianol 0,002%, p v⁻¹). Para desnaturação, as amostras foram submetidas por cinco minutos à temperatura de 95 °C em termociclador e então aplicadas no gel de poliacrilamida. Foram aplicados 20 μ L desta solução em gel de sequenciamento (poliacrilamida 6% p v⁻¹, uréia 7M), sendo utilizada cuba para eletroforese Bio-Rad (modelo Sequi Gen GT).

Para revelação dos géis, usou-se o método de coloração com nitrato de prata segundo o protocolo proposto por Creste et al. (2001). O tamanho dos alelos foi estimado em comparação visual com o marcador de peso molecular de DNA de 25 pb (InvitroGen Life Technologies, Carlsbad, Calif., USA).

Apenas as bandas nítidas foram consideradas, sendo cada banda considerada como um loco genético, no qual a presença foi representada por "1" e a ausência por "0". Após a leitura das placas, confeccionou-se uma matriz binária. Os dados obtidos a partir dos marcadores moleculares foram usados na construção de uma matriz de dissimilaridade por meio do complemento aritmético do coeficiente de Jaccard. Para obtenção do dendrograma, a matriz de dissimilaridade foi utilizada no método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos - UPGMA (Unweighted Pair-Group Method of Arithmetic Averages). O ajuste entre a matriz de similaridade e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética - r (SOKAL e ROHLF, 1962). A distância entre os grupos foi determinada pela média das distâncias entre pares de indivíduos pertencentes aos diferentes grupos.

A partir da matriz original gerada, a variabilidade genética entre e dentro das populações foi estimada pela análise da variância molecular (AMOVA) e posteriormente o valor do F_{st} , que equivale à proporção da variação genética total fracionada entre populações (EXCOFFIER et al., 1992). Todas as análises descritas acima foram realizadas por meio do programa Genes (versão 2013).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As combinações de *primers* analisadas nas três populações totalizaram 853 bandas, com variação de 180 a 246 locos por combinação de *primers* (Tabela 1). A porcentagem média dos locos polimórficos detectados em cada população por combinação de primer variou de 64,74% na população VLB e 77,65% na população UFAM. No estudo de *Euterpe edulis* Mart., para cinco pares de *primers* AFLP, foram encontrados 429 fragmentos e 395 destes (92%) foram polimórficos (CARDOSO et al., 2000). Em pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth), no estudo de três raças, foram usadas seis combinações de *primers* e obtidos 245 fragmentos, dos quais 135 (55,1%) foram polimórficos (CLEMENT et al., 2002).

Tabela 1. Número de locos gerados por combinação de *primers* e porcentagem de polimorfismo gerado em cada população de *S. mombin* L.

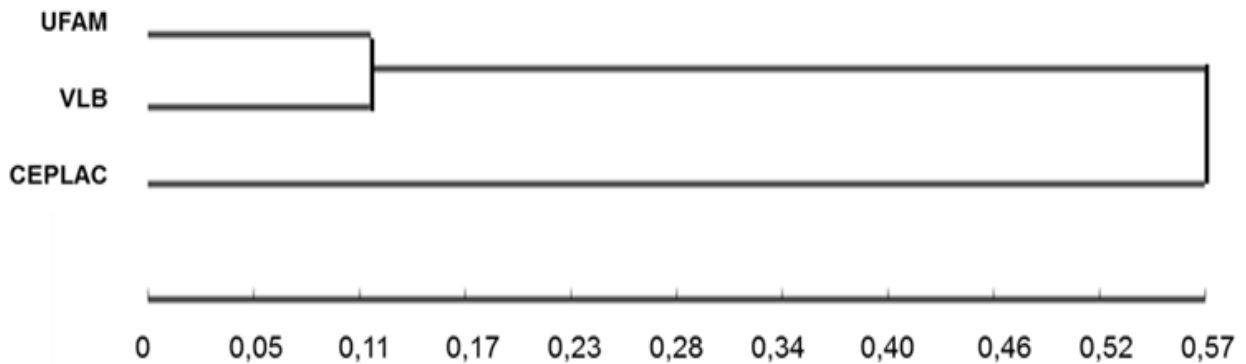
Combinação de <i>primers</i>	Número de Locos	Locos Polimórficos (%)		
		UFAM	VLB	Ceplac
E+AAC /M+CAT	210	97,22	63,49	78,66
E+AGT /M+CTC	217	72	73,23	76,05
E+AAC /M+CTC	180	70,96	59,01	70,17
E+AGT/M+CAT	246	70,45	66,25	71,79
Média		77,65	65,49	74,16
Total	853			

Os marcadores AFLP do presente trabalho também apresentaram altos níveis de polimorfismos quando comparados com marcador RAPD (*random amplified polymorphic* DNA) de natureza dominante. No estudo de diversidade genética em cajázeira (*S. mombin*) com marcadores RAPD, com análise de 21 *primers*, foram obtidos 145 fragmentos, dos quais 115 (79,3%) foram polimórficos (LIMA, 2011).

Com base na similaridade genética média, calculada para os 90 indivíduos de *S. mombin*, verificou-se no dendrograma (Figura 4) a formação de dois grupos, o primeiro formado pelas populações UFAM e VLB e o segundo pela população Ceplac. Este resultado é sustentado por um alto valor do bootstrap (2.000 re-amostragens). O coeficiente de correlação cofenética (r)

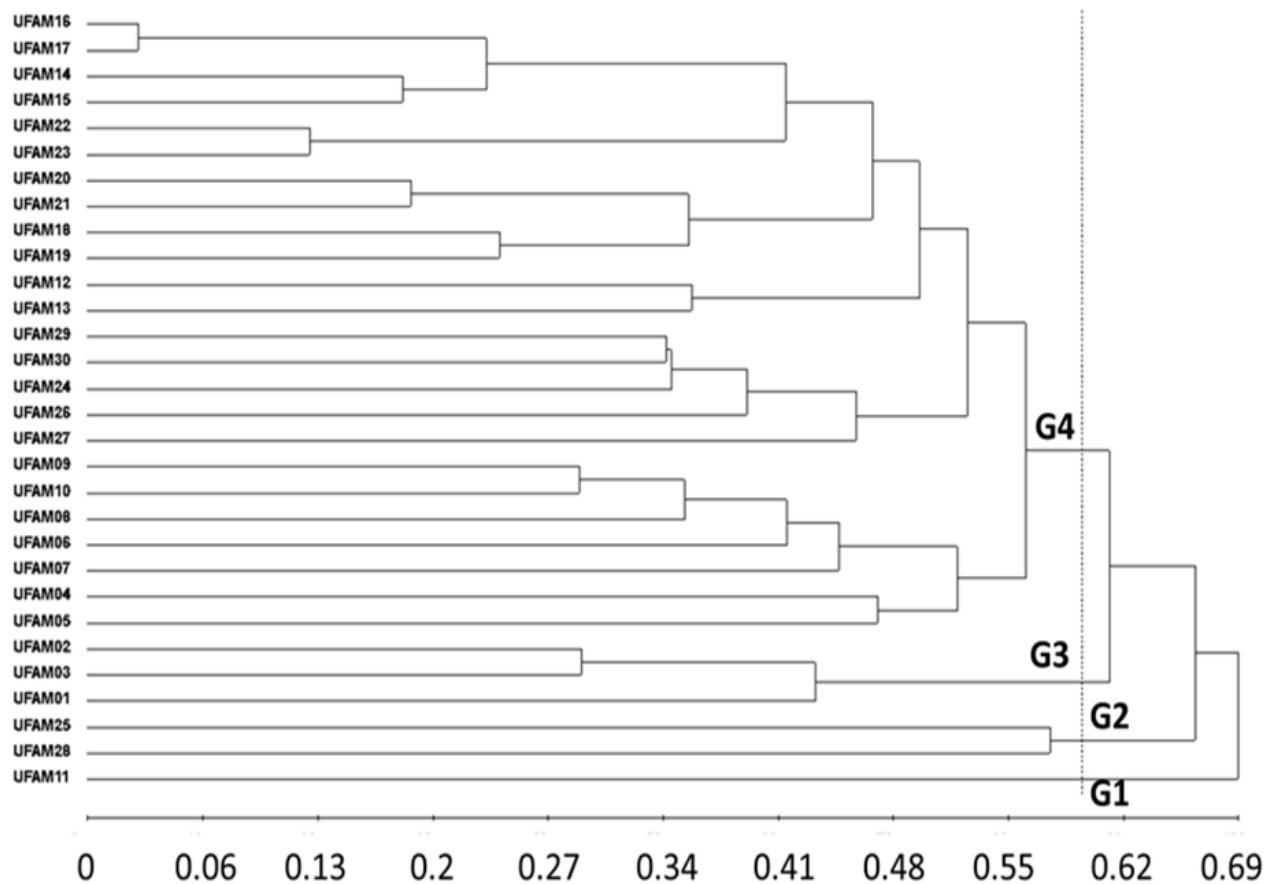
apresentou um valor de 0,9792, o que evidencia bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias no dendrograma e a sua matriz original, sendo assim dados confiáveis.

Figura 4. Dendrograma de UPGMA do coeficiente de Nei entre três populações de *Spondias mombin* com base em quatro combinações de *primers* de marcadores AFLP (EcoRI/MseI)



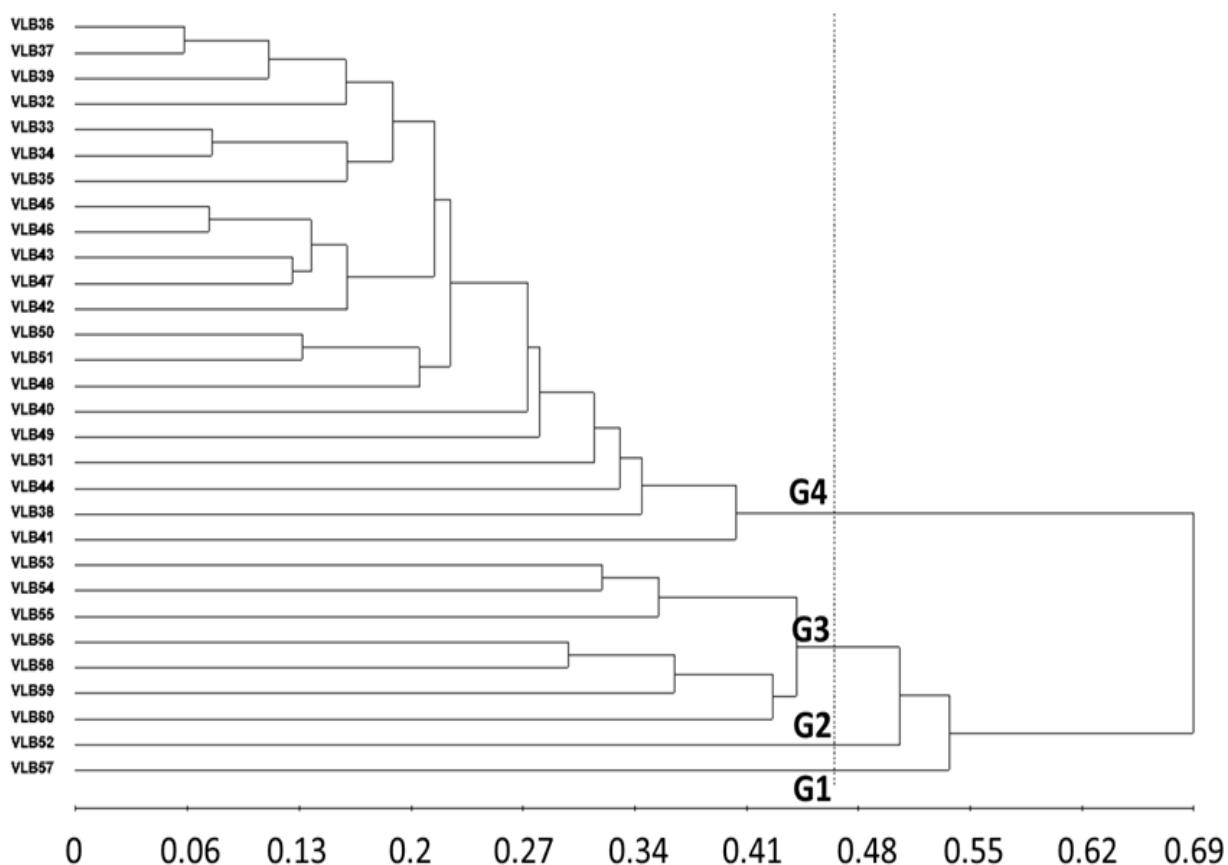
No dendrograma (Figura 5), para os indivíduos da população UFAM, observou-se a formação de quatro grupos, sendo um formado por um indivíduo isolado. Os coeficientes de similaridade mostraram que os indivíduos mais divergentes foram UFAM02 e UFAM25 com 0,77586, e os menos divergentes foram UFAM16 e UFAM17 com 0,0303.

Figura 5. Dendrograma de uma população de *Spondias mombin* construído com base na técnica método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) pelo coeficiente de Jaccard, de 30 indivíduos procedentes da população da UFAM. A linha vertical tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojema (1977)



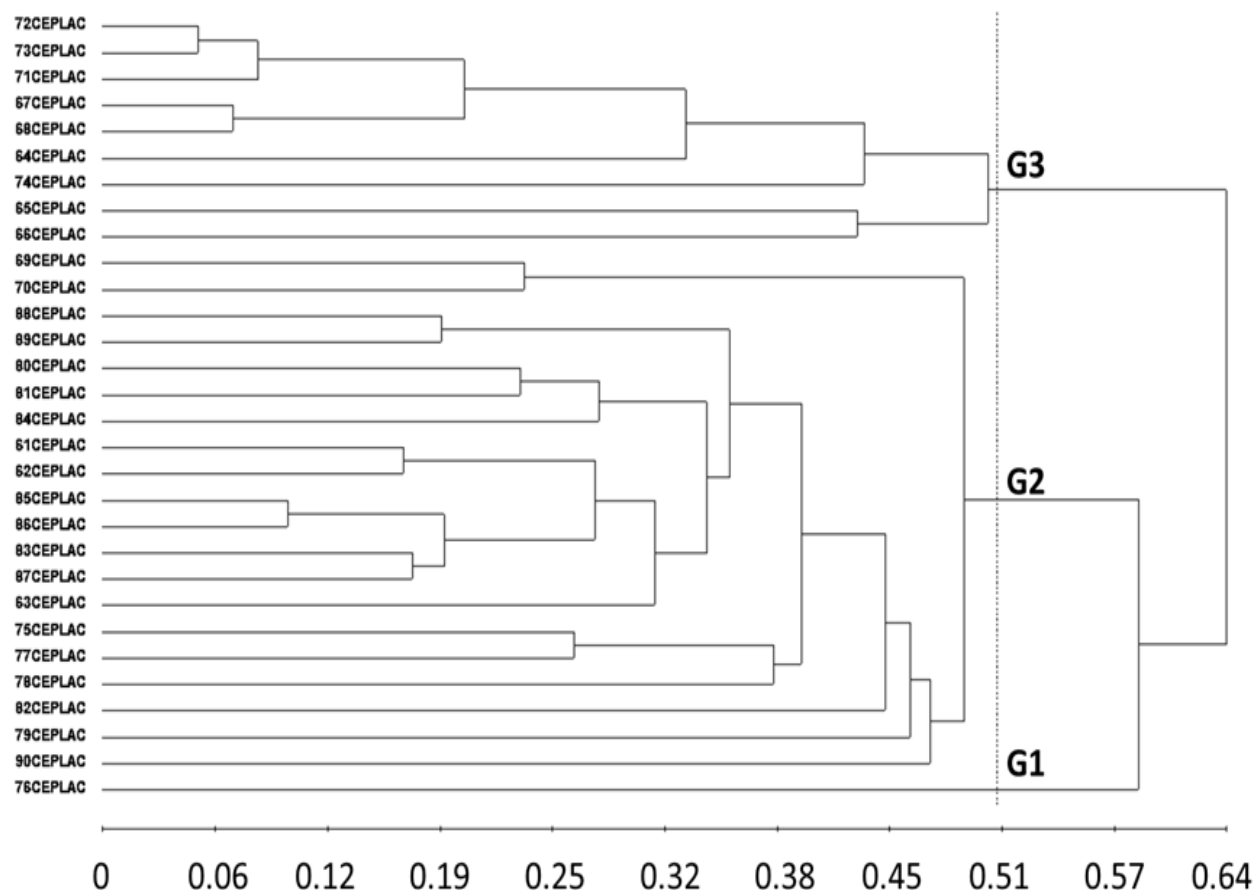
No dendrograma (Figura 6), para a população VLB, houve a formação de quatro grupos. Os coeficientes de similaridade genética mostraram que os indivíduos mais divergentes foram VLB45 e VLB59 com 0,82178. E os menos divergentes foram VLB36 e VLB37 com 0,06796.

Figura 6. Dendrograma de uma população de *Spondias mombin* construído com base na técnica método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) pelo coeficiente de Jaccard, de 30 indivíduos procedentes da população da Vila Buriti. A linha vertical tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojema (1977).



No dendrograma (Figura 7), para a população Ceplac, houve a formação de três grupos. O coeficiente de similaridade apontou a maior divergência genética entre os acessos Ceplac74 e Ceplac76 com 0,79412 e a menor divergência foi entre Ceplac72 e Ceplac73 com 0,05455.

Figura 7. Dendrograma de uma população de *Spondias mombin* construído com base na técnica método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) pelo coeficiente de Jaccard, de 30 indivíduos procedentes da população da Ceplac. A linha vertical tracejada representa o corte estimado pelo método de Mojema (1977)



A variabilidade genética entre as populações foi de 52,8% e entre indivíduos dentro das populações analisadas de 47,2% (Tabela 2). O valor do F_{st} encontrado para as três populações, 0,52, demonstrou uma grande diferenciação genética entre elas, porém, ainda não há fixação de alelos diferentes, o que ocorreria se o teste apresentasse um valor igual ou maior que um (1). Os resultados encontrados divergem dos apresentados na literatura para populações naturais, que em geral, a maior parte da diversidade genética se encontra dentro das populações (PAIVA, 1998; GOMES et al., 2011), no entanto deve-se considerar que das populações estudadas, apenas duas são naturais (UFAM e VLB) e o fato de ter incluído a população enriquecida com plantio (Ceplac) neste estudo sustenta os resultados obtidos. A introdução de plantas na população Ceplac via plantios é o fator responsável pela diferenciação dessa população das demais. Foram obtidas

informações na área da Ceplac que as plantas introduzidas foram selecionadas principalmente para qualidade de frutos e obtidas de diferentes locais do estado do Amazonas, mas não foi possível obter a origem exata das plantas introduzidas.

Tabela 2. Variação genética obtida pela Análise de Variância Molecular – AMOVA

Variação	Componentes de Variância	Variação (%)
Entre	31,7464	52,8131
Dentro	28,3644	47,1869
Total	60,1108	100,000

$F_{st} = 0,52$

Os resultados encontrados neste trabalho sugerem que embora a maior parte da variação genética da espécie esteja a nível interpopulacional, há diversidade genética considerável também dentro das populações. Planos de manejo e conservação de *S. mombin* devem observar a variabilidade genética encontrada nessas populações, visando à preservação de recursos genéticos desta espécie. Para que se garanta que a grande parte da variabilidade seja preservada, amostras de indivíduos de cada uma das populações devem ser conservadas.

Para o padrão de variabilidade genética encontrado em *S. mombin* e considerando que a espécie é alógama, em que os indivíduos se inter cruzam aleatoriamente, para sua conservação é necessário uma amostragem representativa do conjunto de genes contidos nos indivíduos de cada população, com amostragem de indivíduos de todas as populações, uma vez que a maior diversidade está entre as populações, o que pode resultar em um elevado número de indivíduos a compor uma coleção *ex situ*. As coleções estabelecidas em campo demandam recursos permanentes para a manutenção. A experiência com a conservação em campo de espécies perenes nativas da região amazônica tem mostrado que se deve fomentar a conservação participativa *in situ* nas áreas em que a espécie é utilizada pelas comunidades para extrativismo e que, com a conservação *in situ*, os esforços e recursos poderão ser concentrados em coleções de trabalho de pequena dimensão, incluindo apenas os genótipos de maior potencial, selecionados *in*

situ, e que poderão, já no primeiro ciclo de seleção, constituir os primeiros campos de produção de sementes para os plantios (GOMES et al., 2011).

4 CONCLUSÕES

Os marcadores moleculares do tipo AFLP revelam alto conteúdo de informação genética em *S. mombin* e podem ser utilizados para análises genéticas, visando obter informações para a sustentabilidade genética e o manejo florestal da espécie.

A distribuição da diversidade genética nas populações estudadas de *S. mombin* é maior entre populações do que dentro, sendo necessário reunir indivíduos de todas as populações para a conservação genética.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W. Principles of plant breeding. 2nd ed. New York: John Wiley & Sons. 1999. 254p.
- BAWA, K.; OPLER, P.A. Dioecism in tropical forest trees. *Evolution*, Boulder, v. 29, p. 167-179, 1975.
- CARDOSO, S.R., ELOY, N.B, PROVAN, J., CARDOSO, M.A, FERREIRA, P.C.. Genetic Differentiation of *Euterpe edulis* Mart. Populations estimated by AFLP Analysis. *Molecular Ecology*, v. 9, p. 1753-1760. 2000.
- CLEMENT, C.R.; SOUZA, N.R.; RODRIGUES, D.P.; ASTOLFI-FILHO, S.; MORENO, Y.N.; PACUAL, V.T.; RODRÍGUEZ, F.J.G. Use of AFLPs to distinguish landraces of Pajibaye (*Bactris gasipaes*) in Brazilian Amazonia. *Scientia Agricola*, v. 59, n. 4, p. 749- 753. 2002.
- CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. *Plant Molecular Biology Reporter*, v. 19, p. 299-306, 2001.
- CROAT, T.B, Flora of Barro Colorado Island. Stanford: Stanford University Press, 1978. 943p.
- CRUZ, C.D. Programa Genes: análise multivariada e simulação. Viçosa: UFV, 2006a. 175p.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, v. 12, p. 13-15, 1987.
- DUVAL, C.S. On the origin of the tree *Spondias mombin* in Africa. *Journal of Historical Geography*, v. 32, p. 249-266, 2006.
- ESFAHANI, S.T.; SHIRAN, B.; BALALI, G. AFLP markers for the assessment of genetic diversity in european and North American potato varieties cultivated in Iran. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 9, n.1, p. 75-86, 2009.

ESTOPA, R.A.; SOUZA, A.M.; MOURA, C.O.M; BOTREL, M.C.G.; MENDONÇA, E.G.; CARVALHO, D. Diversidade genética em populações naturais de candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish). *Scientia Forestalis*, n.70, p. 97-106, 2006.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P.E.; QUATTO, J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, v. 131, p. 479-491, 1992.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3ª edição. Brasília (EMBRAPA-CENARGEN). 1998. 222p.

FRANZON, R.C.F.; CASTRO; M.C.; RASEIRA; M. do C.B. Variabilidade genética em populações de Pitangueira oriundas de autopolinização e polinização livre, acessada por AFLP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal-SP, v. 32, n 1, p. 240-250. 2010.

FREITAS, M.L.M.; AUKAL, A.P. de A.; SEBBENN, A.M; MORAIS, M.L.T. de; LEMOS, E.G.M. Variabilidade genética intrapopulacional em *Mycrodruon urundeuva* Fr. All. Por marcador AFLP. *Scientia Florestalis*. n. 68, p. 21-28, 2005.

GOMES, L.R.P. ; LOPES, M.T.G.; BENTES, J.L. da S.; BARROS, W.S.; COSTA NETO, P. de Q.; CONTIM, L.A.S. Genetic diversity in natural populations of Buriti (*Mauritia flexuosa* L. f.) *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Brazilian Society of Plant Breeding. Printed in Brazil. n. 11, p. 216-223. 2011.

JANZEN, D.H. *Spondias mombin* is culturally deprived in megafauna-free forest. *Journal Tropical of Ecology*, Cambridge, v. 1, p. 131-155, 1985.

JUSTINIANO, M.J. Ecologia y silvicultura de espécies menos conocidas: Azucaró *Spondias mombin* L., Anacardiaceae. 1 ed. Santa Cruz Bolfor, 2001. 43p.

LOPES, R.; LOPES, M.G.; FIGUEIRA; A.V.O; CAMARGO; L.E.A.; FUNGARO; M.H.P.; CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Marcadores moleculares dominantes (RAPD e AFLP): Aspectos técnicos e interpretação genética. *Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento*, v. 29, p. 64-68, 2003.

LEON, J; SHAW, P.E. *Spondias*: the red mombin and related fruits. In: NAGY, S.; SHAW, P.E.; WARDONSKI, F. W. Fruits of tropical and subtropical origin: composition, properties and uses. Lake Alfred: Florida Science Source, p. 117-126, 1990.

LIMA, A.T.B.; SOUZA, V.A.B.; GOMES, R.L.F.; LIMAS, P.S.C. Molecular characterization of cajá, *Spondias mombin* (Anacardiaceae), by RAPD markers. Online Journal. Genetics and Molecular Research 10 (4): 2893-2904 (2011).

LORENZI, H. Árvores brasileiras: Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Plantarum, 1992. 368p.

LOZANO, N.B. Desarrollo y anatomia del fruto del jobo (*Spondias mombin* L.). Caldasia, Bogotá, v. 14, n. 68/70, p. 465-490, 1986.

MARTINS, S.T.; MELO, B. *Spondias* (cajá e outras). UFPEL – Universidade Federal de Pelotas. 2007. Disponível em: http://www.ufpel.tche.br/sbfruti/anais_xvii_cbf/tecnologia_de_alimentos/910.html. Acessado em 20 de julho de 2011.

MILLER, A.; SCHAAL, B. Domestication of a Mesoamerican cultivated fruit tree, *Spondias purpurea*. Proceeding of the National Academy of Science of the United States of America, Washington, 2005. 102p.

MURRAY, M.G.; THOMPSON, W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Research, v. 8, p. 1134-1137, 1980.

NEI, M.; LI, W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences from the USA, v. 76, p. 5269-5273, 1979.

OLIVEIRA, P.R.D.; SCOTTON, D.C.; NISHIMURA, D.S.; FIGUEIRA, A. Análise da diversidade genética por AFLP e identificação de marcadores associados à resistência a doenças em videira. Revista Brasileira de Fruticultura. Jaboticabal, v. 27 n. 3, 2005.

PAIVA, J.R. Melhoramento genético de espécies agroindustriais na Amazônia: Estratégias e novas abordagens. Brasília: EMBRAPA-SPI; Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1998. 135p.

PARAN, I.; MICHELMORE, R.W. Development of reliable PCR- based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. *Theoretical Applied Genetic*, v. 85, n. 9, p. 985-993, 1993.

PENNINGTON, T.D.; SARUKHÁN K. J. Manual para la identificación de campo de los principales árboles tropicales de México. México: INIF-FAO-SAG, 1968, 413p.

PINTO, W. da S.; DANTAS, A.C.V.L.; FONSECA, A.A.O.; LEDO, C.A. da S.; JESUS, S.C.; CALAFANGE, P.L.P.; ANDRADE, E.M. Caracterização física, físico-química e química de frutos de genótipos de cajazeiras. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 38, n. 9, p. 1059-1066, 2003.

PRANCE, G.T.; SILVA, M.F. Árvores de Manaus. Manaus: INPA, 1975. 312p.

RAMOS, S. L. F.; MACÊDO, J. L. V. DE; MARTINS, C. C.; LOPES, R.; LOPES, M. T. G. Tratamentos pré-germinativos e procedência de sementes do tucumã-do-amazonas para a produção de mudas. *Revista Brasileira Fruticultura*, v. 33, n. 1, p. 962-969, 2011.

RIBEIRO, M.V.; BIANCHI, V.J.; RODRIGUES, I.C.S.; MARIOT, M.P.; BARBIERI, R.L.; PETERS, J.A.; BRAGA, E.J.B.; Diversidade genética entre acessos de espinheira-santa (*Maytenus ilicifolia* Mart. ex Reis) coletados no estado do Rio Grande do Sul, Brasil. *Revista Brasileira de Plantas Medicinais*. v. 12, n. 4. P. 443-451, 2010.

RITLAND, K. Inferring the genetic basis of inbreeding depression in plants. *Genome*, Ottawa, v. 39, p. 1-8, 1996.

SACRAMENTO, C.K.; SOUZA, F.X. Cajá (*Spondias mombin* L.). (Série frutas Nativas, 4). Jaboticabal: Funep, 2000. 42p.

SACRAMENTO, C.K.; BARRETO, W.S.; LOPES, J.R.M.; LEITE, J.B.V. Características físico-químicas de cajás (*Spondias mombin* L.) oriundos de diferentes locais da região Sudeste da Bahia. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA. 1998. Poços de Caldas. Resumo. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 1998. p. 168.

SANTANA, F.F. Caracterização de genótipos de cajazeiras. Tese de Doutorado – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária. Jaboticabal, São Paulo, 2010. 97f.

SANTOS, C.A.F.; OLIVEIRA, V.R., Inter-relações genéticas entre espécies do gênero *Spondias* com base em marcadores AFLP (Polimorfismo de Comprimento de Fragmento Amplificado). Sociedade Brasileira de Fruticultura. Jaboticabal, v. 30. n. 3, 2008.

SANTOS, C.A.F.; RODRIGUES, M.A.; ZUCCHI, M.I. Variabilidade genética do umbuzeiro no Semiárido brasileiro por meio de marcadores AFLP. Pesquisa Agropecuária Brasileira. Brasília, v. 43, n. 8, p 1037-1043. 2008.

SANTOS, A.F. Similaridade genética de acessos de mangueira de diferentes origens geográficas avaliadas por marcadores AFLP. Rev. Bras. Frut. Jaboticabal- SP, v. 30. n. 3, p. 736-740. 2008.

SEBBENN, A.M.; ETTORI, L.C. Conservação genética *ex situ* de *Esenbeckia leiocarpa*, *Myracrodruon urundeuva* e *Peltrophorum dubium* em teste de progênes misto. Revista do Instituto Florestal. São Paulo, v. 13, n. 22, p. 201-211, 2001.

SETOTAW, T. A; DIAS, L. A. S.; MISSIO, R. F. Genetic divergence among barley accessions from Ethiopia. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 10, n. 4, p. 116-123, 2010.

SILVA, A.Q.; SILVA, H. Cajá, uma fruteira tropical. Itajaí: Informativo SBF, v. 14, n. 4, p. 511-15, 1995.

SILVA. D.J.C. Caracterização genética de cajazeiras (*Spondia mombin* L.) (Anacardiaceae) por meio de marcadores moleculares. 2009. 52f. Dissertação. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. Taxon, v. 11, n. 2, p. 33-40, 1962.

SOUZA, L.S.A.; SILVA, J.F.; MEDEIROS-GALVÃO R.S.; COSTA NETO, P.Q. Ajustes de protocolo para extração de DNA em *Arrabidaea bilabiata* para uso em estudos com marcadores moleculares AFLP. XXVIII CBCPD. Campo Grande, MS. 2012.

SOUZA, M.I.F. Análise da diversidade genética de populações de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze utilizando marcador AFLP. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio de Janeiro, p. 111, 2006.

SOUZA, F.X.; BLEICHER, E. Comportamento da cajazeira enxertada sobre umbuzeiro em Pacajus-Ce. Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, v. 24, n. 3, p. 790-792, 2002.

STACEY, E.A.; HAMRICK, J.L.; NASON, J.D.; HUBBEL, S.P.; FOSTER, R.B.; CONDIT, R. Pollen dispersal in low-density populations of three neotropical tree species. American Naturalist. v.148, p. 245-298, 1996.

VILLACHICA, H. Ubos (*Spondias mombin* L.) In: VILLACHICA, H. Frutales y hortalizas promisorios de la Amazônia. Lima: Secretaria Pró-Tempore/Tratado de Cooperación Amazônica, p. 270-274, 1996.

VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; van de LEE, T.; HORNES, M.; FRIJTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, London, v.23, n.21, p.4.407-4.414, 1995.

WANNAN, B.S.; QUINN, C.J. Pericarp structure and generic affinities in the *Anacardiaceae*. Linnean Society Botanical Journal, London, v. 102, p. 225-252, 1990.

WISHNIE, M.H.; DENTA, D.H.; MARISCALA, E.; DEAGOA, J.; CEDEÑO, N.; IBARRA, D.; CONDIT, R.; ASHTON, P.M.S. Initial performance and reforestation potential of 24 tropical tree species planted across a precipitation gradient in the Republic of Panama. Forest Ecology and Management. v. 243, p. 39-4, 2007.

ANEXOS

Tabela 3: Matriz de dissimilaridade de locos AFLP de acessos de taperebazeiro da população UFAM

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
U1																														
U2	0.36																													
U3	0.50	0.29																												
U4	0.53	0.56	0.61																											
U5	0.50	0.57	0.62	0.47																										
U6	0.54	0.60	0.59	0.55	0.49																									
U7	0.51	0.61	0.62	0.51	0.46	0.44																								
U8	0.52	0.58	0.58	0.57	0.53	0.36	0.42																							
U9	0.55	0.58	0.61	0.52	0.48	0.41	0.43	0.31																						
U10	0.56	0.61	0.63	0.61	0.45	0.48	0.5	0.40	0.29																					
U11	0.67	0.68	0.64	0.75	0.74	0.60	0.70	0.59	0.61	0.61																				
U12	0.52	0.63	0.61	0.51	0.58	0.53	0.57	0.48	0.5	0.57	0.62																			
U13	0.56	0.66	0.68	0.57	0.57	0.55	0.52	0.54	0.50	0.57	0.68	0.36																		
U14	0.62	0.67	0.69	0.6	0.53	0.57	0.59	0.58	0.47	0.51	0.71	0.53	0.37																	
U15	0.60	0.66	0.67	0.60	0.56	0.57	0.59	0.55	0.44	0.51	0.69	0.5	0.36	0.18																
U16	0.61	0.64	0.69	0.61	0.51	0.57	0.58	0.59	0.49	0.5	0.70	0.56	0.42	0.22	0.23															
U17	0.60	0.62	0.67	0.60	0.51	0.57	0.57	0.57	0.47	0.47	0.69	0.54	0.43	0.24	0.25	0.03														
U18	0.52	0.57	0.61	0.54	0.52	0.51	0.56	0.54	0.52	0.56	0.67	0.46	0.54	0.46	0.44	0.38	0.36													
U19	0.58	0.61	0.66	0.52	0.58	0.56	0.59	0.56	0.52	0.60	0.71	0.47	0.50	0.48	0.46	0.40	0.38	0.24												
U20	0.57	0.63	0.63	0.60	0.61	0.48	0.56	0.52	0.52	0.59	0.61	0.54	0.58	0.58	0.55	0.52	0.51	0.37	0.30											
U21	0.58	0.65	0.67	0.63	0.64	0.51	0.59	0.50	0.59	0.63	0.63	0.53	0.55	0.6	0.57	0.55	0.54	0.38	0.37	0.19										
U22	0.57	0.62	0.66	0.54	0.5	0.57	0.50	0.53	0.49	0.53	0.72	0.52	0.46	0.46	0.47	0.40	0.40	0.40	0.36	0.46	0.46									
U23	0.58	0.65	0.69	0.59	0.5	0.60	0.55	0.59	0.55	0.51	0.72	0.57	0.47	0.42	0.46	0.36	0.35	0.41	0.38	0.49	0.48	0.13								
U24	0.55	0.62	0.64	0.57	0.52	0.58	0.57	0.59	0.58	0.59	0.73	0.52	0.59	0.56	0.56	0.50	0.5	0.36	0.39	0.42	0.48	0.38	0.39							
U25	0.66	0.77	0.76	0.70	0.72	0.70	0.70	0.68	0.72	0.72	0.75	0.69	0.65	0.71	0.72	0.69	0.68	0.68	0.65	0.63	0.62	0.59	0.60	0.62						
U26	0.48	0.61	0.66	0.57	0.53	0.59	0.57	0.55	0.55	0.60	0.68	0.52	0.61	0.59	0.56	0.59	0.58	0.45	0.46	0.45	0.46	0.47	0.51	0.39	0.63					
U27	0.61	0.72	0.76	0.60	0.63	0.66	0.60	0.63	0.59	0.65	0.76	0.59	0.55	0.62	0.58	0.57	0.57	0.57	0.51	0.5	0.51	0.46	0.47	0.48	0.63	0.43				
U28	0.68	0.67	0.70	0.69	0.7	0.68	0.72	0.67	0.69	0.69	0.72	0.68	0.69	0.72	0.72	0.69	0.69	0.64	0.56	0.59	0.59	0.57	0.56	0.59	0.57	0.54	0.53			
U29	0.51	0.60	0.68	0.61	0.57	0.63	0.61	0.6	0.59	0.61	0.74	0.6	0.65	0.64	0.63	0.60	0.59	0.50	0.54	0.57	0.59	0.47	0.49	0.34	0.68	0.37	0.50	0.58		
U30	0.55	0.63	0.68	0.53	0.56	0.6	0.54	0.55	0.53	0.63	0.76	0.50	0.53	0.61	0.6	0.56	0.55	0.48	0.43	0.5	0.54	0.38	0.45	0.35	0.62	0.41	0.41	0.59	0.34	

Tabela 4: Matriz de dissimilaridade de *locos* AFLP de acessos de taperebazeiro da população VLB procedente da Vila Buriti

	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
VLB31																														
VLB32	0.26																													
VLB33	0.28	0.22																												
VLB34	0.3	0.24	0.08																											
VLB35	0.27	0.21	0.17	0.16																										
VLB36	0.31	0.17	0.18	0.18	0.17																									
VLB37	0.3	0.14	0.19	0.19	0.16	0.06																								
VLB38	0.42	0.34	0.33	0.33	0.31	0.28	0.25																							
VLB39	0.28	0.18	0.21	0.21	0.18	0.12	0.11	0.28																						
VLB40	0.39	0.26	0.33	0.36	0.31	0.29	0.28	0.43	0.24																					
VLB41	0.46	0.43	0.42	0.43	0.42	0.44	0.43	0.44	0.41	0.42																				
VLB42	0.35	0.23	0.21	0.24	0.23	0.19	0.2	0.34	0.18	0.29	0.39																			
VLB43	0.31	0.21	0.25	0.25	0.21	0.18	0.19	0.35	0.16	0.25	0.37	0.16																		
VLB44	0.43	0.32	0.38	0.37	0.33	0.34	0.36	0.43	0.31	0.33	0.36	0.33	0.29																	
VLB45	0.35	0.22	0.26	0.28	0.21	0.22	0.23	0.39	0.22	0.24	0.35	0.18	0.16	0.24																
VLB46	0.34	0.22	0.27	0.28	0.22	0.23	0.24	0.39	0.21	0.23	0.3	0.17	0.12	0.21	0.08															
VLB47	0.32	0.17	0.22	0.23	0.22	0.2	0.21	0.36	0.16	0.23	0.35	0.15	0.13	0.27	0.17	0.12														
VLB48	0.33	0.24	0.25	0.29	0.29	0.22	0.23	0.37	0.22	0.26	0.41	0.22	0.2	0.37	0.26	0.25	0.18													
VLB49	0.38	0.31	0.3	0.33	0.34	0.31	0.29	0.3	0.26	0.33	0.44	0.26	0.27	0.39	0.32	0.29	0.25	0.25												
VLB50	0.31	0.2	0.19	0.22	0.23	0.19	0.18	0.35	0.2	0.28	0.42	0.16	0.2	0.36	0.2	0.21	0.15	0.19	0.23											
VLB51	0.35	0.25	0.26	0.29	0.25	0.25	0.25	0.38	0.25	0.31	0.46	0.23	0.28	0.4	0.27	0.28	0.22	0.24	0.24	0.14										
VLB52	0.66	0.69	0.65	0.68	0.71	0.7	0.7	0.68	0.68	0.7	0.66	0.71	0.7	0.7	0.73	0.69	0.67	0.66	0.65	0.67	0.66									
VLB53	0.66	0.66	0.63	0.65	0.68	0.67	0.66	0.65	0.66	0.7	0.63	0.68	0.68	0.69	0.69	0.66	0.65	0.65	0.61	0.64	0.63	0.44								
VLB54	0.68	0.67	0.66	0.68	0.69	0.7	0.69	0.64	0.68	0.69	0.66	0.71	0.7	0.69	0.72	0.69	0.67	0.69	0.64	0.68	0.67	0.46	0.32							
VLB55	0.67	0.69	0.66	0.68	0.7	0.71	0.7	0.64	0.69	0.7	0.62	0.69	0.67	0.69	0.7	0.67	0.67	0.68	0.65	0.7	0.7	0.47	0.37	0.35						
VLB56	0.68	0.66	0.68	0.68	0.7	0.71	0.7	0.72	0.69	0.71	0.66	0.73	0.7	0.66	0.72	0.69	0.66	0.69	0.69	0.71	0.7	0.45	0.39	0.4	0.42					
VLB57	0.71	0.72	0.69	0.7	0.73	0.72	0.74	0.71	0.73	0.75	0.67	0.73	0.7	0.71	0.75	0.72	0.7	0.71	0.7	0.72	0.7	0.59	0.56	0.57	0.55	0.48				
VLB58	0.7	0.72	0.68	0.7	0.73	0.72	0.73	0.71	0.73	0.74	0.67	0.73	0.7	0.72	0.74	0.7	0.7	0.68	0.67	0.72	0.7	0.55	0.4	0.48	0.38	0.3	0.47			
VLB59	0.78	0.79	0.75	0.77	0.79	0.8	0.79	0.76	0.8	0.8	0.76	0.81	0.78	0.8	0.82	0.8	0.8	0.79	0.75	0.79	0.78	0.61	0.49	0.53	0.42	0.42	0.55	0.32		
VLB60	0.6	0.65	0.62	0.63	0.64	0.65	0.64	0.61	0.65	0.66	0.56	0.65	0.63	0.64	0.65	0.63	0.65	0.64	0.75	0.65	0.65	0.59	0.49	0.51	0.46	0.48	0.54	0.38	0.44	

Tabela 5: Matriz de dissimilaridade de locos AFLP de acessos de taperebazeiro população CEPLAC

	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90
CPC61																														
CPC62	0.17																													
CPC63	0.33	0.27																												
CPC64	0.61	0.61	0.62																											
CPC65	0.64	0.63	0.69	0.55																										
CPC66	0.57	0.62	0.63	0.46	0.43																									
CPC67	0.63	0.65	0.68	0.34	0.54	0.41																								
CPC68	0.62	0.64	0.68	0.37	0.55	0.41	0.07																							
CPC69	0.43	0.41	0.43	0.5	0.6	0.57	0.5	0.5																						
CPC70	0.51	0.48	0.48	0.55	0.62	0.59	0.54	0.52	0.24																					
CPC71	0.61	0.61	0.66	0.34	0.52	0.47	0.24	0.2	0.51	0.48																				
CPC72	0.6	0.63	0.67	0.31	0.52	0.46	0.21	0.18	0.51	0.5	0.07																			
CPC73	0.59	0.61	0.66	0.27	0.52	0.43	0.18	0.19	0.5	0.5	0.1	0.05																		
CPC74	0.7	0.7	0.71	0.51	0.62	0.56	0.46	0.46	0.65	0.6	0.39	0.38	0.37																	
CPC75	0.49	0.43	0.45	0.64	0.65	0.6	0.65	0.65	0.5	0.44	0.64	0.64	0.63	0.68																
CPC76	0.57	0.54	0.61	0.71	0.74	0.72	0.71	0.7	0.63	0.68	0.7	0.69	0.7	0.79	0.61															
CPC77	0.44	0.38	0.39	0.62	0.66	0.63	0.63	0.64	0.44	0.44	0.62	0.61	0.6	0.71	0.26	0.48														
CPC78	0.42	0.38	0.42	0.62	0.61	0.61	0.62	0.64	0.45	0.47	0.62	0.62	0.62	0.69	0.42	0.56	0.34													
CPC79	0.47	0.52	0.47	0.68	0.73	0.67	0.7	0.71	0.54	0.55	0.66	0.67	0.67	0.74	0.47	0.62	0.39	0.41												
CPC80	0.38	0.45	0.44	0.61	0.68	0.61	0.61	0.6	0.49	0.52	0.58	0.55	0.57	0.68	0.48	0.57	0.34	0.35	0.39											
CPC81	0.31	0.37	0.33	0.62	0.68	0.62	0.68	0.66	0.45	0.48	0.64	0.63	0.65	0.72	0.45	0.58	0.35	0.36	0.43	0.23										
CPC82	0.46	0.42	0.52	0.65	0.69	0.65	0.67	0.68	0.55	0.6	0.65	0.66	0.65	0.75	0.52	0.61	0.47	0.49	0.54	0.45	0.42									
CPC83	0.28	0.26	0.27	0.58	0.64	0.58	0.64	0.66	0.48	0.49	0.64	0.64	0.63	0.7	0.4	0.61	0.39	0.35	0.44	0.37	0.25	0.36								
CPC84	0.4	0.43	0.38	0.64	0.72	0.65	0.68	0.68	0.48	0.51	0.66	0.64	0.64	0.73	0.45	0.61	0.37	0.44	0.42	0.3	0.25	0.46	0.32							
CPC85	0.32	0.23	0.29	0.57	0.62	0.57	0.63	0.63	0.43	0.45	0.61	0.6	0.58	0.66	0.39	0.52	0.28	0.34	0.47	0.36	0.3	0.35	0.15	0.29						
CPC86	0.36	0.28	0.36	0.53	0.65	0.59	0.58	0.58	0.48	0.49	0.58	0.55	0.54	0.65	0.42	0.48	0.33	0.38	0.52	0.36	0.34	0.37	0.24	0.34	0.1					
CPC87	0.24	0.23	0.34	0.59	0.68	0.59	0.65	0.64	0.47	0.5	0.64	0.62	0.61	0.7	0.41	0.52	0.3	0.38	0.45	0.29	0.18	0.35	0.17	0.26	0.17	0.2				
CPC88	0.38	0.34	0.35	0.64	0.7	0.65	0.68	0.69	0.46	0.48	0.67	0.66	0.64	0.69	0.42	0.65	0.37	0.44	0.47	0.37	0.33	0.48	0.3	0.33	0.27	0.34	0.29			
CPC89	0.4	0.36	0.37	0.64	0.68	0.65	0.65	0.67	0.5	0.54	0.66	0.65	0.64	0.71	0.46	0.66	0.39	0.41	0.46	0.41	0.4	0.52	0.37	0.4	0.34	0.38	0.36	0.19		
CPC90	0.42	0.43	0.51	0.68	0.71	0.7	0.68	0.67	0.54	0.61	0.69	0.68	0.67	0.75	0.59	0.64	0.48	0.51	0.55	0.41	0.45	0.55	0.46	0.49	0.47	0.48	0.38	0.42	0.36	

