Diversidade genética e estrutura populacional de *Mauritia flexuosa* L. f. no Cerrado e no Pantanal

Genetic diversity and population structure of *Mauritia flexuosa* L. f. in *Cerrado* and *Pantanal*

Nilo Leal Sander^{I, II}, Auana Vicente Tiago^{II}, Joari Costa de Arruda^{I, II}, Maria Antonia Carniello^{III},
Maria Tereza Pulido Silva^{IV}, Ana Aparecida Bandini Rossi^{III}, Carolina Joana da Silva^{I, II, III}

^ICentro de Pesquisa em Limnologia, Biodiversidade e Etnobiologia do Pantanal. Cáceres, Mato Grosso, Brasil

^{II}Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal/Universidade Federal do Amazonas. Manaus, Amazonas, Brasil

^{III}Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso, Brasil

^{IV}Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca de Soto, Hidalgo, México

Resumo: Os objetivos deste estudo foram analisar a diversidade e a estrutura genética de populações de *Mauritia flexuosa* L. f. nos biomas Cerrado (Chapada dos Guimarães – XAP) e Pantanal (Mimoso – MIM), bem como avaliar possíveis conexões entre as populações destas áreas. Amostras de DNA foram extraídas de 24 indivíduos de XAP e de 23 de MIM para as análises de diversidade genética e de estrutura populacional. O resultado obtido pelo *software Structure* aponta a formação de dois grupos principais, revelando o compartilhamento de informações genéticas em algum momento do passado e as consequentes inserções de indivíduos da população XAP no grupo MIM, conforme descrito pelas análises UPGMA e PCoA. Essa troca de informação genética entre as áreas pode ter sido oriunda de transporte de frutos e de sementes por animais silvestres ou por populações locais, com uma posterior quebra desta conexão, seguida de um processo de endogamia dentro das populações, o qual foi mais intenso na população de MIM, que consiste em um único grande grupo. Processo contrário ocorre com a população da Chapada dos Guimarães, que, em toda a extensão do parque e entorno, apresenta pequenas populações de *M. flexuosa*, possibilitando a troca de informação entre os indivíduos.

Palavras-chave: Buriiti. Conexão Cerrado-Pantanal. Área úmida. Microsatélite.

Abstract: This work aimed to analyze the diversity and genetic structure of populations of *Mauritia flexuosa* L.f. in the cerrado bioma (Chapada dos Guimarães–XAP) and Pantanal (Mimoso–MIM), and to evaluate possible connections between these areas. DNA was extracted from 24 individuals of XAP and 23 of MIM, and the genetic diversity and population structure were analyzed. The results point to the formation of two main groups that share genetic information by the consequent insertions of individuals from the XAP population into the MIM group, as described by the UPGMA and PCA analyses. These observations lead us to believe at some time in the past there was an exchange of genetic information between the areas which may have originated from fruits and seeds transported by wild animals or by the local population, with a subsequent break in this connection and a following process of endogamy in these populations, more intense in the MIM population, considering that the whole extension of this area is a single population. Unlike MIM, in XAP we can find small populations of *M. flexuosa* that can exchange genetic information among individuals throughout the whole extension of the Park and its surroundings.

Keywords: Moriche palm. *Cerrado-Pantanal* connection. Wetland. Microsatellite.

SANDER, N. L., A. V. TIAGO, J. C. ARRUDA, M. A. CARNIELLO, M. T. P. SILVA, A. A. B. ROSSI & C. J. SILVA, 2017. Diversidade genética e estrutura populacional de *Mauritia flexuosa* L. f. no Cerrado e no Pantanal. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Naturais** 12(2): 209-219.

Autor para correspondência: Nilo Leal Sander. Centro de Pesquisa em Limnologia, Biodiversidade e Etnobiologia do Pantanal. Laboratório de Ecologia da Paisagem e Etnobiologia. Avenida Santos Dumont. Cidade Universitária. Cáceres, MT, Brasil. CEP 78200-000 (nilosander@gmail.com).

Recebido em 30/04/2017

Aprovado em 24/10/2017

Responsabilidade editorial: Fernando da Silva Carvalho Filho

INTRODUÇÃO

Mauritia flexuosa L. f. (buriti) é uma das palmeiras mais bem distribuídas na América do Sul, sendo considerada por diversos grupos como árvore da vida (Virapongse *et al.*, 2017), em razão de sua importância ecológica, cultural e econômica. No Brasil, é amplamente encontrada nos biomas Amazônia e Cerrado (Oliveira Filho & Ratter, 2000; Rull & Montoya, 2014), sendo pouco relatada para o Pantanal, mesmo este possuindo algumas condições ambientais ideais para a planta, já que o desenvolvimento desta espécie está fortemente ligado à existência de terras baixas (clima quente e úmido), com a presença de corpos de água (Rull, 1998; Delgado *et al.*, 2007).

Esta espécie é uma planta dioica, de único estipe, chegando a alcançar até 40 metros de altura e possuindo de 6 a 20 folhas. Ela desenvolve até oito inflorescências em um ano, produzindo até 2.000 frutos neste período (Lorenzi *et al.*, 2010; Delgado *et al.*, 2007). A sua polinização é feita tanto por insetos como pelo vento (Barford *et al.*, 2011; Rosa & Koptur, 2013), sendo sua dispersão feita por água (De-Campos *et al.*, 2013) – já que o fruto e a semente desta espécie têm capacidade de flotação – e por animais (Marín *et al.*, 2007; Villalobos & Bagno, 2012). Da palmeira de buriti são aproveitadas todas as partes, tanto para fins de subsistência quanto de comercialização (Santos & Coelho-Ferreira, 2011; Barros & Silva, 2013; Gilmore *et al.*, 2013).

No bioma Cerrado, esta palmeira é considerada como espécie-chave para a definição de ambientes tipo veredas, estando sempre no entorno de corpos de água, ligados a poucas espécies arbóreas e a uma gama de herbáceas (Kahn, 1991), servindo como fonte de alimentos e local para reprodução e abrigo de diferentes grupos de animais. Mesmo com essa importância ecológica, econômica e cultural, as áreas onde estão distribuídas a espécie vêm sofrendo fortemente com o desmatamento, impulsionado pela alteração do código florestal, que permite a supressão vegetal em córregos intermitentes. Young *et al.* (1996) e Lowe *et al.* (2005) informam que populações localizadas em paisagens mais

desmatadas tendem a ser mais suscetíveis à perda de diversidade genética.

Tem aumentado o número de pesquisas sobre *M. flexuosa*, no entanto, elas são desenvolvidas principalmente nas áreas de ecologia, etnobiologia e biotecnologia (Virapongse *et al.*, 2017; Virapongse, 2017; Hada *et al.*, 2013; Carvalho & Orlanda, 2017).

Nos biomas Amazônia e Cerrado, alguns trabalhos de cunho genético sobre *M. flexuosa* vêm sendo desenvolvidos, com o intuito de analisar o efeito de fragmentação, da diversidade de populações naturais, da conectividade e do fluxo gênico entre populações de mesmas bacias hidrográficas, estados e biomas, por meio de marcadores moleculares do tipo *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) e cloroplastidiais (Gomes *et al.*, 2011; Rossi *et al.*, 2014; Lima *et al.*, 2014). No Pantanal, contudo, ainda não existem, para a espécie, trabalhos disponíveis que fizeram uso dessas tecnologias.

Em razão da falta desta informação e da proximidade geográfica, geológica e de biodiversidade com o Cerrado, este trabalho está sendo desenvolvido com o objetivo de comparar a diversidade e a estrutura genética de populações de *Mauritia flexuosa* L. f. deste bioma no município de Chapada dos Guimarães (XAP), com populações do bioma Pantanal no município de Mimoso (MIM).

MATERIAL E MÉTODOS

ÁREA DE ESTUDO E AMOSTRAGEM

As populações amostradas estão localizadas em dois diferentes biomas no estado de Mato Grosso: Cerrado e Pantanal (Figura 1). A população de XAP está inserida no bioma Cerrado, onde as formações das populações de *M. flexuosa* são do estilo veredas, com poucos indivíduos (arbóreos), distribuídas no entorno de corpos de água, com adensamento de herbáceas, principalmente da família *Cyperaceae* (Eiten, 1994; Carvalho, 1991). A área coletada possui histórico de preservação, tendo em vista que parte

Figura 1. Mapa de localização das populações amostradas em biomas, com ênfase para o Cerrado e o Pantanal.

dela se tornou o que hoje é o Parque Nacional da Chapada dos Guimarães, localizado entre as latitudes 15° 10' -15° 30' S e as longitudes 55° 47' -56° 00' W (Brasil/IBAMA, 1994).

A população de MIM está inserida no bioma Pantanal, mas, apesar de serem geograficamente próximas, a composição delas é totalmente diferente. Nesta área, encontrou-se somente uma grande população de *M. flexuosa* alagada, a qual permanece assim na maior parte do ano. Esta área foi alterada pela construção de uma via de comunicação entre dois municípios do estado (Da Silva & Silva, 1995).

Devido à alta capacidade de dispersão da espécie por água e por mamíferos (Rull & Montoya, 2014), e do fato de a polinização poder ser feita por meio do vento e de insetos (Rosa & Koptur, 2013), foi delimitada uma distância mínima de 100 km entre as populações, para evitar autocorrelação. As coletas foram realizadas entre julho e dezembro de 2016. Cada indivíduo amostrado (23 em XAP e 24 em

MIM, dentro de uma mesma população) encontra-se a pelo menos 50 metros de distância um do outro.

AMPLIFICAÇÃO DO MICROSSATÉLITE

As amostras de DNA foram extraídas de folhas coletadas no campo, seguindo o protocolo do fabricante *Wizard Genomic DNA Purification* (Promega, Madison, EUA). Foram selecionados 16 marcadores microsatélites - *Simple Sequence Repeats* (SSR), desenvolvidos para *M. flexuosa* (Federman *et al.*, 2012; Menezes *et al.*, 2012) com base na consistência da amplificação.

As reações para amplificação do DNA, via reações de cadeia da polimerase (*Polymerase Chain Reactions* – PCR), foram feitas seguindo as condições de desnaturação inicial, a 94 °C (durante três minutos); após isso, são feitos 35 ciclos de desnaturação, a 94 °C (durante um minuto); o anelamento, a 59-63 °C (durante um minuto) (de acordo

com a especificidade de cada *primer*); e, finalmente, a polimerização, a 72 °C (durante um minuto), com extensão final a 72 °C (durante dois minutos). Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em gel de agarose a 2%, em tampão Tris-Borate-EDTA (TBE 1X) (89,15 mM de base de Tris, 88,95 mM de ácido bórico e 2,23 mM de Ethylenediamine Tetraacetic Acid (EDTA), a uma tensão constante (80 V) durante quatro horas. O tamanho dos fragmentos amplificados foi estimado por comparação com o marcador molecular de 100 pb DNA (Invitrogen TM), utilizando o programa GelQuant Pro para construir uma matriz com base no tamanho do fragmento.

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL

A diversidade genética foi estimativa por meio das frequências alélicas, da percentagem de locos polimórficos (PIC), do número de alelos por loco (A), de heterozigosidades médias observadas (H_o) e esperadas (H_e), do conteúdo de informação polimórfica (PIC) e do coeficiente de endogamia (F), conforme Weir & Cockerham (1996). Esses dados foram obtidos com o auxílio do programa *PowerMarker*, versão 3.25 (Liu & Muse, 2005), também utilizado para a determinação da matriz de distância genética de Nei (1973) entre os 47 indivíduos, a qual posteriormente foi importada para o programa MEGA 6.5 (Kumar *et al.*, 2004), para a construção do dendrograma por meio do método *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA).

A análise de variância molecular (AMOVA) foi utilizada para revelar a distribuição da diversidade genética entre e dentro da população e entre indivíduos, de acordo com Excoffier *et al.* (1992). A significância foi testada utilizando-se 1.000 permutações, com intervalo de confiança de 95%. A organização da diversidade genética também foi avaliada por meio da análise de coordenadas principais (PCoA) em nível de indivíduo com a utilização do *software* GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2006).

O programa *Structure* (Pritchard *et al.*, 2000), baseado em estatística bayesiana, foi utilizado para inferir

o número de grupos (K). As análises foram realizadas com 20 corridas para cada valor de K, 200.000 *burn-ins* e 500.000 simulações de Monte Carlo de Cadeias de Markov (MCMC). Para definição do K, mais provável em relação aos grupos propostos pelo programa, foram utilizados os critérios descritos por Pritchard & Wen (2004) e Evanno *et al.* (2005).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 16 marcadores microssatélites utilizados para a análise da diversidade genética e da estrutura populacional dos 47 indivíduos de *Mauritia flexuosa* apresentaram um total de 136 alelos, com média de 8,5 por locos, variando entre 4 (*primer* 19) a 13 alelos (*primer* 3) (Tabela 1). Todos os locos foram polimórficos, entre os quais cinco apresentaram maior variabilidade, com mais de dez alelos por locos (*primer* 3, 5, 6, 16 e 18), e os outros 11 locos apresentaram menor variabilidade (*primer* 1, 2, 7, 8, 11, 12, 13, 14, 15, 17 e 19) (Tabela 1).

Após comparação da diversidade genética entre as populações estudadas, observou-se que o número de alelos (A) para a população de XAP foi de 102, e o número de alelos por locos variou de 3 (*primer* 6) a 8 (*primer* 3, 5, 7 e 13), com média de 6,370. A população de MIM apresentou total de 98 alelos, variando de 3 (*primer* 11) a 11 (*primer* 6), com valor médio de 6,125 (Tabela 2). De acordo com as análises, observou-se que XAP apresentou maior número de alelos, quando comparado a MIM. Rossi *et al.* (2014) e Gomes *et al.* (2011), em estudos realizados na Amazônia, encontraram altos valores de polimorfismo e não evidenciaram deficiência heterozigótica para *M. flexuosa*, assim como para outras espécies da mesma região: *Inga* sp. (Fabaceae), da Amazônia peruana (Rollo *et al.*, 2016), e palmeiras, como as espécies de *Euterpe precatoria* L. (Santos *et al.*, 2015). No Cerrado, a heterozigosidade observada (H_o) foi menor do que a esperada (H_e) em todos os locos, variando de 0,000 (*primer* 7) a 0,255 (*primer* 17), com média de 0,108. A heterozigosidade esperada variou de 0,647 (*primer* 11) a 0,893 (*primer* 3), com média de 0,798 (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativa de diversidade genética dos 47 indivíduos de *Mauritia flexuosa* obtidos a partir de 16 marcadores microssatélites. Legendas: A = número de alelos; H_e = heterozigiosidade esperada; H_o = heterozigiosidade observada; PIC = conteúdo de informação polimórfica do loco; F = coeficiente de endogamia.

Locos	Motivos de repetição	Temperatura de anelamento (°C)	Amplitude alélica (pb)	A	H_e	H_o	PIC	F
Primer 1	(GA)10	61	100-134	5	0,731	0,070	0,688	0,907
Primer 2	(AG)23	61	101-210	8	0,865	0,136	0,850	0,846
Primer 3	(AG)19	61	113-215	13	0,893	0,021	0,884	0,977
Primer 5	(GA)7(GA)8	62,5	114-178	10	0,827	0,064	0,805	0,924
Primer 6	(AGA)11	63	110-276	12	0,806	0,045	0,783	0,945
Primer 7	(AG)7(AG)8	62,5	155-191	9	0,805	0,000	0,781	1,000
Primer 8	(CT)16	59	154-192	7	0,799	0,043	0,773	0,947
Primer 11	(CT)14	62,5	230-264	7	0,647	0,064	0,582	0,903
Primer 12	(TC)22	62,5	233-275	9	0,848	0,065	0,830	0,925
Primer 13	(GA)18	62,5	210-232	9	0,850	0,213	0,832	0,754
Primer 14	(CT)10	63	239-261	8	0,829	0,191	0,807	0,773
Primer 15	(CT)15(GT)17	62,5	226-276	6	0,737	0,149	0,694	0,802
Primer 16	(CT)17	61	199-225	11	0,791	0,128	0,765	0,842
Primer 17	(TC)14	62,5	180-220	8	0,736	0,255	0,695	0,659
Primer 18	(TC)20	62	189-215	10	0,883	0,191	0,872	0,783
Primer 19	(GA)9(GG)(GA)11	62	184-200	4	0,726	0,085	0,677	0,885
Média				8,5	0,798	0,108	0,770	0,867

Deste modo, destaca-se que há excesso de homozigotos na população em estudo, uma vez que o valor do coeficiente de fixação (f) teve média de 0,867, indicando ocorrência de endogamia nas populações de *M. flexuosa*.

O principal efeito da endogamia é reduzir a heterozigose observada em uma determinada população/espécie, quando comparada com a heterozigiosidade esperada (Kageyama *et al.*, 2003). Uma provável explicação para populações que contêm maior número de locos em homozigose pode ser o sistema reprodutivo da espécie ou o efeito da deriva genética na população (Sánchez, 2008), o que não justifica o padrão de homozigiosidade encontrado neste estudo para a espécie *M. flexuosa*, pois se trata de uma espécie dioica, com flores estaminadas e pistiladas em indivíduos diferentes, tornando o fluxo gênico obrigatório durante a reprodução intraespecífica. Portanto, a maior frequência de locos homozigoto encontrada pode

estar relacionada ao isolamento geográfico das populações em estudo, o que impede a entrada de informação genética proveniente de outros indivíduos com diferentes informações genéticas (Kageyama *et al.*, 2003).

As heterozigiosidades médias esperadas e observadas foram, respectivamente, 0,744 e 0,126 para a população de XAP e 0,753 a 0,089 para a de MIM. Os valores obtidos para a heterozigiosidade esperada foi maior do que a observada em ambas as populações analisadas. Este fato pode ser comprovado por meio do índice de fixação, que apresentou média de 0,834 para XAP e 0,885 para MIM, indicando maior taxa de endogamia na segunda população. Santos *et al.* (2015) não registraram diferença nas diversidades genéticas dos fragmentos analisados com variadas porcentagens de cobertura vegetal, diferentemente do encontrado neste estudo, o que, segundo os mesmos autores, pode ser reflexo do recente histórico de desmatamento.

Tabela 2. Índices de diversidade genética obtida por meio de duas populações de *Mauritia flexuosa* utilizando 16 marcadores SSR. Legendas: A = número de alelos; H_e = heterozigosidade esperada; H_o = heterozigosidade observada; PIC = conteúdo de informação polimórfica do loco; f = coeficiente de fixação; XAP = Chapada dos Guimarães; MIM = município de Mimoso.

Locos	A	H_e	H_o	PIC	f
XAP					
Primer 1	5	0,737	0,136	0,697	0,822
Primer 2	6	0,814	0,136	0,787	0,839
Primer 3	8	0,842	0,043	0,823	0,951
Primer 5	8	0,784	0,130	0,752	0,840
Primer 6	3	0,503	0,095	0,416	0,819
Primer 7	8	0,797	0,000	0,771	1,000
Primer 8	5	0,727	0,087	0,690	0,885
Primer 11	7	0,713	0,130	0,667	0,824
Primer 12	7	0,791	0,136	0,767	0,835
Primer 13	8	0,837	0,174	0,817	0,800
Primer 14	7	0,781	0,217	0,751	0,732
Primer 15	6	0,760	0,130	0,723	0,835
Primer 16	6	0,768	0,130	0,732	0,837
Primer 17	6	0,645	0,217	0,596	0,675
Primer 18	8	0,863	0,174	0,847	0,806
Primer 19	4	0,549	0,087	0,457	0,848
Média	6,370	0,744	0,126	0,706	0,834
MIM					
Primer 1	4	0,648	0,000	0,580	1,000
Primer 2	7	0,833	0,136	0,811	0,843
Primer 3	7	0,830	0,000	0,807	1,000
Primer 5	6	0,781	0,000	0,746	1,000
Primer 6	11	0,866	0,000	0,853	1,000
Primer 7	6	0,767	0,000	0,731	1,000
Primer 8	7	0,794	0,000	0,764	1,000
Primer 11	3	0,569	0,000	0,477	1,000
Primer 12	5	0,764	0,000	0,725	1,000
Primer 13	5	0,704	0,250	0,658	0,657
Primer 14	6	0,744	0,167	0,711	0,784
Primer 15	4	0,674	0,167	0,611	0,762
Primer 16	8	0,779	0,125	0,752	0,846
Primer 17	7	0,760	0,292	0,725	0,629
Primer 18	8	0,836	0,208	0,815	0,760
Primer 19	4	0,704	0,083	0,650	0,886
Média	6,125	0,753	0,089	0,714	0,885

A população do bioma Pantanal (MIM) está em uma região geograficamente isolada, rodeada pelo morro de São Jerônimo, que sofreu impactos após drásticas alterações ambientais, como o barramento de um corpo de água e a construção de estradas. Antes destas alterações, esta área era submetida ao pulso de inundação, ficando durante parte do ano inundada e nos outros meses, seca. O seu rio corria normalmente, porém, com as alterações, esta área tornou-se 'embrejada' durante o ano inteiro (Da Silva & Silva, 1995). Esse rompimento da conexão contínua com o fluxo de água interfere no fluxo gênico e, conseqüentemente, na diversidade da população.

Mesmo possuindo valores mais altos do que os de MIM, a população do Cerrado (XAP) também está geograficamente isolada. Esta região possui várias pequenas populações de *M. flexuosa*, com poucos indivíduos cada, sendo, no entanto, constituída por muitas populações que não estão conectadas por água, mas que podem trocar informação genética entre elas, através de dispersão de pólen e/ou de semente. Lima *et al.* (2014), trabalhando com análises de regiões 'conservadas' (cloroplastidiais), em diferentes bacias brasileiras, evidenciaram maior diversidade genética em populações situadas na Amazônia em comparação com as do Cerrado.

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) variou de 0,582 (*primer 11*) a 0,884 (*primer 3*), com média de 0,770 (Tabela 1). De acordo com Botstein *et al.* (1980), valores de PIC abaixo de 0,25 são considerados pouco informativos; entre 0,25 e 0,50, são classificados como medianamente informativos; e acima de 0,50, altamente informativos. Sendo assim, os locos empregados neste estudo são considerados altamente informativos, pois todos apresentaram valores acima de 0,50.

A média dos valores de PIC esteve entre 0,706, para a população de XAP, a 0,714, para a população de MIM. A primeira apresentou dois locos com valores inferiores a 0,50 (*primer 6* e 19), considerados, portanto,

medianamente informativos. Já a população de MIM evidenciou apenas um loco (*primer* 11) com valores abaixo de 0,50. De modo geral, tanto na análise por indivíduo como por população, os locos microssatélites mostraram-se eficientes para revelar a diversidade genética dos acessos estudados.

A AMOVA para as duas populações de *M. flexuosa* analisadas revelou que 91% da variância total foram atribuídos para a diversidade genética dentro de indivíduos de diferentes populações, enquanto 6% foram para a variação entre indivíduos dentro da mesma população, e 3% da variação total diferenciaram as populações (Tabela 3). Rossi *et al.* (2014) encontraram 15,9%, de variação entre populações; Rivas *et al.* (2013) verificaram uma variação interpopulacional de 51,71% para a espécie *Theobroma subincanum* Mart.; e Giustina *et al.* (2014) identificaram uma variação de 60,45%. Todas estas populações estão dentro dos padrões propostos para espécies alógamas (reprodução cruzada).

A estrutura populacional com base na análise bayesiana realizada no programa *Structure* e, de acordo com o método ΔK descrito por Evanno *et al.* (2005), permitiu identificar dois grupos distintos ($K = 2$) nas populações de *M. flexuosa* analisadas (Figura 2).

Comparando-se os dados da análise bayesiana determinada pelo *Structure* com o agrupamento obtido pelo método UPGMA (Figura 3) e com a análise das coordenadas principais (PCoA) (Figura 4), pode-se notar que houve total correspondência entre as análises, ambas alocando os indivíduos 21 e 22 de XAP na população de MIM.

O agrupamento pelo método UPGMA, obtido através da distância genética de Nei (1973), formou dois grupos distintos, sendo o grupo G1 constituído por 21 indivíduos da população XAP e subdividido em dois subgrupos. O grupo G2 compôs-se de 24 indivíduos da população MIM e dois indivíduos da primeira população (21 e 22), totalizando 26 indivíduos, que, por sua vez, se subdivide em três subgrupos (Figura 3).

Tabela 3. Valores da soma do quadrado, do quadrado médio e de *F* entre populações, entre indivíduos em uma população e entre indivíduos em todas as populações. Legendas: GL = graus de liberdade; SQ = soma dos quadrados; CV = componente de variância; VT = variância total; EF = estatística *F*; Fst = índice de fixação ou divergência genética; Fis = coeficiente de endogamia; Fit = índice de fixação; Nm = fluxo gênico; V = valor; P = probabilidade de haver um componente de variância maior do que os valores observados ao acaso. As probabilidades foram calculadas por 1.000 permutações ao acaso.

Fonte de variação	GL	SQ	CV	VT (%)	EF	V	P
Entre populações	1	103904,59	1175,66	3	Fst	0,025	0,001
Dentro de populações	45	2190316,25	48673,69	6	Fis	0,065	0,001
Entre indivíduos	47	2008062,06	42724724	91	Fit	0,089	0,001
Total	93	4302282,89	46874,87	100	Nm	9,718

Figura 2. Representação do número de grupos *K* para os 47 indivíduos de *Mauritia flexuosa* nas duas populações estudadas, segundo dados moleculares SSR, utilizando o programa *Structure* (dois grupos, $K = 2$).

Figura 3. Distribuição dos 47 indivíduos de *Mauritia flexuosa*, com base em 16 locos SSR obtidos pelo método de agrupamento UPGMA, através da distância genética de Nei (1973), assumindo K = 2 grupos.

Figura 4. Análise das coordenadas principais baseada em 16 marcadores SSR.

Clement (1999), Rull & Montoya (2014), Thomas *et al.* (2015) e Levis *et al.* (2017) têm demonstrado que, desde as populações pré-colombianas, o homem vem alterando a paisagem e transportando espécies de plantas por longas distâncias, modificando, assim, a paisagem local na Amazônia. Se o mesmo padrão aconteceu no passado, nos biomas Cerrado e Pantanal, explica-se, assim, o compartilhamento de algumas informações genéticas pelos dois grupos formados nas análises de *Structure*, UPGMA e PCoA.

CONCLUSÃO

A divisão do *Structure* em dois grupos principais revelou o compartilhamento de informações genéticas e as consequentes inserções de indivíduos da população do Cerrado (XAP) no grupo do Pantanal (MIM) e, por meio das análises de UPGMA e de PCoA, nos direciona à conexão evolutiva destas áreas. Esta conexão (Cerrado-Pantanal) pode ter sido oriunda de algum transporte de frutos e de sementes feito por animais silvestres ou por populações locais há milhares de anos. Todavia, sugere-se que houve uma quebra nisto e um processo mais intenso de endogamia nas populações de Mimoso, tendo em vista que toda a extensão desta área é ocupada por uma mesma população, não tendo sido encontradas outras mais próximas.

Processo contrário ocorre com a população da Chapada dos Guimarães, que, mesmo estando isolada geograficamente de outras, apresenta, em toda a extensão do Parque e seu entorno, pequenas populações de *M. flexuosa*, a qual mantém troca de informação genética entre os indivíduos, devido à polinização e à dispersão. A mudança na matriz da paisagem, nas regiões onde as populações estudadas ocorrem, está dificultando as trocas gênicas e favorecendo o isolamento genético entre as populações do Pantanal e do Cerrado.

AGRADECIMENTOS

À equipe do projeto “Conhecimento, uso sustentável e bioprospecção da biodiversidade da Amazônia

Meridional” (MCTI/CNPq/FAPEMAT 554330/2010-5; 205983/2011), que forneceu suporte financeiro a este trabalho; à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de doutorado e pelo Programa de Doutorado-Sanduiche no Exterior (PDSE) (99999.006908/2015-02) para Nilo Leal Sander; ao Instituto Nacional de Pesquisas do Pantanal – *campus* avançado Museu Paraense Emílio Goeldi.

REFERÊNCIAS

- BARFORD, A. S., M. HAGEN & F. BROCHENIUS, 2011. Twenty-five years of progress in understanding pollination mechanisms in palms (Arecaceae). **Annals of Botany** 108(8): 1503-1516. DOI: <<https://doi.org/10.1093/aob/mcr192>>.
- BARROS, F. B. & D. SILVA, 2013. Os mingauleiros de miriti: trabalho, sociabilidade e consumo na beira de Abaetetuba, Pará. **Revista FSA** 10(4): 44-66.
- BOTSTEIN, D., R. L. WHITE, M. SKOLNICK & R. W. DAVIS, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics** 32(3): 314-331.
- BASIL/IBAMA, 1994. **Plano de ação emergencial**: documento de informações básicas do Parque Nacional da Chapada dos Guimarães, Cuiabá. Departamento de Unidades de Conservação, Cuiabá.
- CARVALHO, P. G. S., 1991. As veredas e sua importância no domínio dos cerrados. **Informe Agropecuário** 15(168): 54-56.
- CARVALHO, J. O. & J. F. F. ORLANDA, 2017. Heat stability and effect of pH on enzyme activity of polyphenol oxidase in buri (*Mauritia flexuosa* Linnaeus f.) fruit extract. **Food Chemistry** 15(233): 159-163. DOI: <<https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.04.101>>.
- CLEMENT, C. R., 1999. 1492 and the loss of Amazonian crop genetic resources. I: the relation between domestication and human population decline. **Economic Botany** 53: 188-202. DOI: <<https://doi.org/10.1007/BF02866498>>.
- DA SILVA, C. J. & J. A. F. SILVA, 1995. **No ritmo das águas do Pantanal**: 1-194. Universidade de São Paulo, São Paulo.
- DE-CAMPOS, A. B., D. A. B. CEDRO, F. L. TEJERINA-GARRO, M. BAYER & G. T. CARNEIRO, 2013. Spatial distribution of tropical wetlands in Central Brazil as influenced by geological and geomorphological settings. **Journal of South American Earth Sciences** 46: 161-169. DOI: <<https://doi.org/10.1016/j.jsames.2011.12.001>>.

- DELGADO, C., G. COUTOURIER & K. MEJIA, 2007. *Mauritia flexuosa* (Arecaceae: Calamoideae), an Amazonian palm with cultivation purposes in Peru. **Fruits** 62(3): 157-169. DOI: <<https://doi.org/10.1051/fruits:2007011>>.
- EITEN, G., 1994. Vegetação. In: M. N. PINTO (Org.): **Cerrado: caracterização, ocupação e perspectivas**: 17-73. Editora da Universidade de Brasília, Brasília.
- EVANNO, G., S. REGNAUT & J. GOUDET, 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology** 14(8): 2611-2620. DOI: <<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>>.
- EXCOFFIER, L., P. E. SMOUSE & J. M. QUATTRO, 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics** 131(2): 479-491.
- FEDERMAN, S., C. HYSENI, W. CLEMENT & A. CACCONI, 2012. Isolation of 13 novel highly polymorphic microsatellite loci for the Amazonian Palm *Mauritia flexuosa* L. f. (Arecaceae). **Conservation Genetics Resources** 4(2): 355-357. DOI: <<https://doi.org/10.1007/s12686-011-9547-8>>.
- GILMORE, M. P., B. A. ENDRESS & C. M. HORN, 2013. The socio-cultural importance of *Mauritia flexuosa* palm swamps (aguajales) and implications for multiuse management in two Maijuna communities of the Peruvian Amazon. **Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine** 9(29): 1-20. DOI: <<https://doi.org/10.1186/1746-4269-9-29>>.
- GIUSTINA, L. D., L. N. LUZ, F. S. VIEIRA, F. S. ROSSI, C. R. A. SOARES-LOPES, T. N. S. PEREIRA & A. A. B. ROSSI, 2014. Population structure and genetic diversity in natural populations of *Theobroma speciosum* Willd. Ex Spreng (Malvaceae). **Genetics and Molecular Research** 13(2): 3510-3519. DOI: <<http://dx.doi.org/10.4238/2014.February.14.5>>.
- GOMES, L. R. P., M. T. G. LOPES, J. L. D. S. BENTES, W. S. BARROS, C. NETO, P. QUEIROZ & L. A. S. CONTIM, 2011. Genetic diversity in natural populations of Buriti (*Mauritia flexuosa* L. f.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 11(3): 216-223. DOI: <<http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332011000300003>>.
- HADA, A. R., B. W. NELSON, S. S. ALFAIA, L. L. HESS, R. C. PINHO, J. L. PEDREIRA, I. U. PEREZ & R. P. MILLER, 2013. Resource stock, traditional uses and economic potential of the buriti palm (*Mauritia flexuosa* L. f.) in wetlands of the Araça Indigenous Area, Roraima, Brazil. **Wetlands Ecology and Management** 1-22. Disponível em: <http://wazakaye.com.br/wp-content/uploads/2013/03/IW2013_Resource-stock-uses-and-potencial-of-buriti-Roraima-Wetlands-Ecology-and-Management.pdf>. Acesso em: 9 fevereiro 2016.
- KAGEYAMA, P. Y., A. M. SEBBENN, L. A. RIBAS, F. B. GANDARA, M. CASTELLEN, M. B. PERECIM & R. VENCOSKY, 2003. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis** (64): 93-107.
- KAHN, F., 1991. Palms as key swamp forest resources in Amazonia. **Forest Ecology and Management** 38(3-4): 133-142. DOI: <[https://doi.org/10.1016/0378-1127\(91\)90139-M](https://doi.org/10.1016/0378-1127(91)90139-M)>.
- KUMAR, S., K. TAMURA & M. NEI, 2004. MEGA3: integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. **Briefings in Bioinformatics** 5(2): 150-163.
- LEVIS, C., F. R. COSTA, F. BONGERS, M. PEÑA-CLAROS, C. R. CLEMENT, A. B. JUNQUEIRA, C. V. CASTILHO, W. E. MAGNUSSON, O. L. PHILLIPS, J. E. GUEVARA, D. SABATIER, J. F. MOLINO, D. C. LÓPEZ, A. M. MENDOZA, N. C. PITMAN, A. DUQUE, P. N. VARGAS, C. E. ZARTMAN, R. VÁSQUEZ, A. ANDRADE, J. L. CAMARGO, T. R. FELDPAUSCH, S. G. LAURANCE, W. F. LAURANCE, T. J. KILLEEN, H. E. NASCIMENTO, J. C. MONTERO, B. MOSTACEDO, I. L. AMARAL, I. C. G. VIEIRA, R. BRIENEN, H. CASTELLANOS, J. TERBORGH, M. J. CARIM, J. R. GUIMARÃES, L. S. COELHO, F. D. MATOS, F. WITTMANN, H. F. MOGOLLÓN, G. DAMASCO, N. DÁVILA, R. GARCÍA-VILLACORTA, E. N. CORONADO, T. EMILIO, D. A. FILHO, J. SCHIETTI, P. SOUZA, N. TARGHETTA, J. A. COMISKEY, B. S. MARIMON, B. H. MARIMON JR, D. NEILL, A. ALONSO, L. ARROYO, F. A. CARVALHO, F. C. DE SOUZA, F. DALLMEIER, M. P. PANSONATO, J. F. DUIVENVOORDEN, P. V. FINE, P. R. STEVENSON, A. ARAUJO-MURAKAMI, C. G. A. AYMARD, C. BARALOTO, D. D. AMARAL, J. ENGEL, T. W. HENKEL, P. MAAS, P. PETRONELLI, J. D. REVILLA, J. STROPP, D. DALY, R. GRIBEL, M. R. PAREDES, M. SILVEIRA, R. THOMAS-CAESAR, T. R. BAKER, N. F. SILVA, L. V. FERREIRA, C. A. PERES, M. R. SILMAN, C. CERÓN, F. C. VALVERDE, A. DI FIORE, E. M. JIMENEZ, M. C. MORA, M. TOLEDO, E. M. BARBOSA, L. C. BONATES, N. C. ARBOLEDA, E. S. FARIAS, A. FUENTES, J. L. GUILLAUMET, P. M. JØRGENSEN, Y. MALHI, I. P. ANDRADE MIRANDA, J. F. PHILLIPS, A. PRIETO, A. RUDAS, A. R. RUSCHEL, N. SILVA, P. VON HILDEBRAND, V. A. VOS, E. L. ZENT, S. ZENT, B. B. CINTRA, M. T. NASCIMENTO, A. A. OLIVEIRA, H. RAMÍREZ-ANGULO, J. F. RAMOS, G. RIVAS, J. SCHÖNGART, R. SIERRA, M. TIRADO, G. VAN DER HEIJDEN, E. V. TORRE, O. WANG, K. R. YOUNG, C. BAIDER, A. CANO, W. FARFAN-RIOS, C. FERREIRA, B. HOFFMAN, C. MENDOZA, I. MESONES, A. TORRES-LEZAMA, M. N. MEDINA, T. R. VAN ANDEL, D. VILLARROEL, R. ZAGT, M. N. ALEXIADES, H. BALSLEV, K. GARCIA-CABRERA, T. GONZALES, L. HERNANDEZ, I. HUAMANTUPACHUQUIMACO, A. G. MANZATTO, W. MILLIKEN, W. P. CUENCA, S. PANSINI, D. PAULETTO, F. R. AREVALO, N. F. REIS, A. F. SAMPAIO, L. E. GIRALDO, E. H. SANDOVAL, L. V. GAMARRA, C. I. VELA & H. TER STEEGE, 2017. Persistent effects of pre-Columbian plant domestication on Amazonian forest composition. **Science** 355(6328): 925-931. DOI: <<https://doi.org/10.1126/science.aal0157>>.
- LIMA, N. E., M. S. LIMA-RIBEIRO, C. F. TINOCO, L. C. TERRIBILE & R. G. COLLEVATTI, 2014. Phylogeography and ecological niche modelling, coupled with the fossil pollen record, unravel the demographic history of a Neotropical swamp palm through the Quaternary. **Journal of Biogeography** 41(4): 673-686. DOI: <<https://doi.org/10.1111/jbi.12269>>.
- LIU, K. & S. MUSE, 2005. PowerMarker: integrated analysis environment for genetic marker data. **Bioinformatics** 21(9): 2128-2129. DOI: <<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282>>.

- LORENZI, H., L. NOBLICK, F. KAHN & E. FERREIRA, 2010. **Flora brasileira**: Arecaceae (palmeiras). Instituto Plantarum, Nova Odessa.
- LOWE, A., D. BOSHIER & M. WARD, 2005. Genetic resource impacts of habitat loss and degradation: reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. **Heredity** 95(4): 255-273.
- MARÍN, G., L. BASTIDAS, J. MUNOZ, O. OLIVEROS, R. NAVARRO & B. MARCANO, 2007. Perfil ecológico de la avifauna de los Llanos Orientales de Venezuela en función de los impactos antropicos. **Interciencia** 32(6): 391-398.
- MENEZES, E. V., W. F. SOUTO, A. Y. CIAMPI, V. C. AZEVEDO, H. M. VALÉRIO & M. A. PIMENTA, 2012. Development and characterization of DNA microsatellite primers for buriti (*Mauritia flexuosa* L. f.). **Genetics and Molecular Research** 11(4): 4058-4062. DOI: <<https://doi.org/10.4238/2012.September.17.6>>.
- NEI, M., 1973. Analysis of genetic diversity in subdivided populations. **Proceedings of National Academy of Sciences of the United States of America** 70(12): 3321-3323.
- OLIVEIRA FILHO, A. T. & J. A. RATTER, 2000. Padrões florísticos das matas ciliares da região do Cerrado e a evolução das paisagens do Brasil Central durante o Quaternário Tardio. In: R. R. RODRIGUES & H. F. LEITÃO-FILHO (Ed.): **Matas ciliares**: bases multidisciplinares para estudo, conservação e restauração: 73-89. Universidade de São Paulo, São Paulo.
- PEAKALL, R. O. D. & P. E. SMOUSE, 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular Ecology Notes** 6(1): 288-295.
- PRITCHARD, J. K., M. STEPHENS & P. DONNELLY, 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics** 155(2): 945-959.
- PRITCHARD, J. K. & W. WEN, 2004. **Documentation for structure software**: version 2.1. Disponível em: <<http://pritch.bsd.uchicago.edu>>. Acesso em: 27 mar. 2017.
- RIVAS, L. H., L. D. GIUSTINA, L. N. LUZ, I. V. KARSBURG, T. N. S. PEREIRA & A. A. B. ROSSI, 2013. Genetic diversity in natural populations of *Theobroma subincanum* Mart. in the Brazilian Amazon. **Genetics and Molecular Research** 12(4): 4998-5006. DOI: <<https://doi.org/10.4238/2013.October.24.12>>.
- ROLLO, A., B. LOJKA, D. HONYS, B. MANDÁK, J. A. C. WONG, C. SANTOS & M. M. RIBEIRO, 2016. Genetic diversity and hybridization in the two species *Inga ingoides* and *Inga edulis*: potential applications for agroforestry in the Peruvian Amazon. **Annals of Forest Science** 73(2): 425-435. DOI: <<https://doi.org/10.1007/s13595-015-0535-0>>.
- ROSA, R. K. & S. KOPTUR, 2013. New findings on the pollination biology of *Mauritia flexuosa* (Arecaceae) in Roraima, Brazil: linking dioecy, wind, and habitat. **American Journal of Botany** 100(3): 613-621. DOI: <<https://doi.org/10.3732/ajb.1200446>>.
- ROSSI, F. S., A. A. B. ROSSI, J. D. F. E. DARDENGO, L. R. BRAUWERS, M. L. D. SILVA & A. M. SEBBENN, 2014. Diversidade genética em populações naturais de *Mauritia flexuosa* L. f. (Arecaceae) com uso de marcadores ISSR. **Scientia Forestalis** 42(104): 631-639.
- RULL, V., 1998. Biogeographical and evolutionary considerations on *Mauritia* (Arecaceae), based on palynological evidence. **Review of Palaeobotany and Palynology** 100(1-2): 109-122. DOI: <[https://doi.org/10.1016/S0034-6667\(97\)00060-2](https://doi.org/10.1016/S0034-6667(97)00060-2)>.
- RULL, V. & E. MONTOYA, 2014. *Mauritia flexuosa* palm swamp communities: natural or human-made? A palynological study of the Gran Sabana region (northern South America) within a neotropical context. **Quaternary Science Reviews** 99: 17-33. DOI: <<https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2014.06.007>>.
- SÁNCHEZ, C. F. B., 2008. **Diversidade entre e dentro de populações simuladas sob deriva genética**: 1-85. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- SANTOS, R. S. & M. COELHO-FERREIRA, 2011. Artefatos de miriti (*Mauritia flexuosa* L. f.) em Abaetetuba, Pará: da produção à comercialização. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas** 6(3): 559-571. DOI: <<http://dx.doi.org/10.1590/S1981-81222011000300006>>.
- SANTOS, A. S., E. CAZETTA, J. C. MORANTE FILHO, J. BAUMGARTEN, D. FARIA & F. A. GAIOTTO, 2015. Lessons from a palm: genetic diversity and structure in anthropogenic landscapes from Atlantic Forest, Brazil. **Conservation Genetics** 16(6): 1295-1302. DOI: <<https://doi.org/10.1007/s10592-015-0740-2>>.
- THOMAS, E., C. ALCÁZAR CAICEDO, C. H. MCMICHAEL, R. CORVERA & J. LOO, 2015. Uncovering spatial patterns in the natural and human history of Brazil nut (*Bertholletia excelsa*) across the Amazon Basin. **Journal of Biogeography** 42(8): 1367-1382. DOI: <<https://doi.org/10.1111/jbi.12540>>.
- VILLALOBOS, M. P. & M. A. BAGNO, 2012. Avian frugivores feeding on *Mauritia flexuosa* (Arecaceae) fruits in Central Brazil. **Revista Brasileira de Ornitologia** 20(1): 26-29.
- VIRAPONGSE, A., 2017. Social mechanisms and mobility: Buriti Palm (*Mauritia flexuosa*) extractivism in Brazil. **Human Ecology** 45(1): 119-129. DOI: <<https://doi.org/10.1007/s10745-016-9887-9>>.
- VIRAPONGSE, A., B. A. ENDRESS, M. P. GILMORE, C. HORN & C. ROMULO, 2017. Ecology, livelihoods, and management of the *Mauritia flexuosa* palm in South America. **Global Ecology and Conservation** 10: 70-92. DOI: <<https://doi.org/10.1016/j.gecco.2016.12.005>>.
- WEIR, B. S. & C. C. COCKERHAM, 1996. **Genetic data analysis II: methods for discrete population genetic data**. Sinauer Assoc. Inc., Sunderland.
- YOUNG, A., T. BOYLE & T. BROWN, 1996. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in Ecology and Evolution** 11(10): 413-418.