

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ

BRUNA VALÉRIA GIL

**DIVERSIDADE GENÉTICA E SISTEMA DE REPRODUÇÃO DE
JABOTICABEIRAS NATIVAS E PLANTADAS**

PATO BRANCO

2023

BRUNA VALÉRIA GIL

**DIVERSIDADE GENÉTICA E SISTEMA DE REPRODUÇÃO DE
JABOTICABEIRAS NATIVAS E PLANTADAS**

Genetic diversity and mating system of native and cultivated jaboticaba trees

Tese apresentada como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia – Área de Concentração: Produção Vegetal da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).
Orientador: Moeses Andriago Danner
Coorientador: Luciano Medina Macedo

PATO BRANCO

2023



[4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/)

Esta licença permite download e compartilhamento do trabalho desde que sejam atribuídos créditos ao(s) autor(es), sem a possibilidade de alterá-lo ou utilizá-lo para fins comerciais. Conteúdos elaborados por terceiros, citados e referenciados nesta obra não são cobertos pela licença.



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Campus Pato Branco



BRUNA VALERIA GIL

DIVERSIDADE GENÉTICA E SISTEMA DE REPRODUÇÃO DE JABOTICABEIRAS NATIVAS E PLANTADAS

Trabalho de pesquisa de doutorado apresentado como requisito para obtenção do título de Doutora Em Agronomia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).
Área de concentração: Produção Vegetal.

Data de aprovação: 24 de Abril de 2023

Dr. Moeses Andriago Danner, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Americo Wagner Junior, - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dra. Ananda Virginia De Aguiar, Doutorado - Embrapa Florestas

Dr. Idemir Citadin, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dr. Valdir Marcos Stefenon, Doutorado - Universidade Federal de Santa Catarina (Ufsc)

Documento gerado pelo Sistema Acadêmico da UTFPR a partir dos dados da Ata de Defesa em 26/04/2023.

Dedico este trabalho à minha família, o pilar da
minha formação como ser humano. Sem vocês nada
seria possível.

AGRADECIMENTOS

Gostaria de expressar minha sincera gratidão a todos que me acompanharam durante esta jornada de anos de pesquisa e trabalho árduo.

Em primeiro lugar, gostaria de agradecer a Deus por seu amor incondicional e infinito, sua misericórdia e graça. Ele me deu força em todos os momentos desafiadores desde o início da minha vida acadêmica até conclusão desta tese. Sua benevolência me tornou bem-sucedida em todas as minhas atividades acadêmicas, e por isso, serei eternamente grata. Agradeço também a Nossa Senhora Aparecida, por todo seu amor materno e intercessão de minhas súplicas.

Expresso meu profundo sentimento de gratidão a minha maravilhosa família, (pais, irmãos, sobrinhas, parceira de vida e cunhados), pelo amor, compreensão e apoio incondicional durante esta jornada. Devo a vocês não só esta tese, mas tudo que me tornei como pessoa e tudo que tenho conquistado em minha vida.

Também sou extremamente grata ao meu orientador Prof. Dr. Moeses Andriago Danner, por sua gentileza, paciência e contribuições no desenvolvimento desta tese. Seus conselhos, orientações e apoio foram fundamentais durante esta jornada. E ao co-orientador Prof. Dr. Luciano Macedo Medina pelo auxílio com as análises dos dados.

Meus agradecimentos ao Programa de Pós-graduação em Agronomia da UTFPR. Ao apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, por meio da Chamada CNPq/MCTIC/CBAB Nº 13/2018 Cooperação Internacional em Biotecnologia Centro Brasileiro-Argentino de Biotecnologia.

Não posso deixar de agradecer aos responsáveis pelos locais de coleta: Moacyr, Nelsi e Chanaisa Tedesco, de Seara-SC; Daniel Grasel, de Iporã do Oeste-SC; Orço Oliano, de Quilombo-SC; Leonardo Wiamoviski, de Chapecó-SC; professor Alexandre Nienow, de Passo Fundo-RS; guarda-parque Rudinei, do Parque Estadual de Espigão Alto, de Barracão-RS; Rafael, responsável pelo parque do Turvo, e guarda-parque Vilmar, em Derrubadas-RS; Dionisio, Patricia e Jaqueline, de Jaboticaba-RS; Marcio de Ávila, de Imbituva-PR; Luiz Zini, de Pato Branco-PR; Jaime Klein, de Clevelândia-PR; José Silva, de Vitorino-PR; Célio, de Chopinzinho-PR; ‘Camping da Dora’, ao lado do Parque do Guartelá, em Tibagi-PR; Gener Penso, pelas

coletas no BAG da Universidade Federal de Viçosa; e professor Américo Wagner Júnior, responsável pelo BAG da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos-PR.

Esta tese só foi concluída graças ao apoio que recebi de muitas pessoas. A todos vocês, meus sinceros agradecimentos.

Não fui eu que ordenei a você? Seja forte e corajoso! Não se apavore, nem desanime, pois, o Senhor, o seu Deus, estará com você por onde você andar.
(JOSUÉ 1:9)

RESUMO

Conhecer o *status* da diversidade genética é o primeiro passo para determinar estratégias de conservação, domesticação e uso de recursos genéticos de espécies frutíferas perenes. Por este motivo, caracterizar o sistema reprodutivo é importante para auxiliar no delineamento de estratégias de uso e conservação de espécies com relevante importância regional. A jaboticabeira (*Plinia spp.*) é espécie nativa do Brasil e está sujeita à fragmentação do habitat, principalmente devido à atividade humana, e, portanto, requer estratégias de conservação. O objetivo do trabalho foi estimar a diversidade genética em populações de jaboticabeira em áreas naturais e plantadas, investigando também o sistema de reprodução da espécie. Para isso, foram realizados dois experimentos: (a) análise da estrutura e diversidade genética de 20 populações de jaboticabeiras de quatro Estados brasileiros (RS, SC, PR e MG), sendo 14 populações naturais e seis plantadas; (b) detecção do sistema de reprodução da espécie, com base em progênies oriundas de sementes de 13 jaboticabeiras matrizes. Destas foram coletadas amostras de folhas para serem genotipadas com 13 marcadores moleculares microssatélites. Os resultados indicam que as populações de jaboticabeiras apresentam alelos exclusivos em poucas populações, alelos com alta frequência na maioria das populações e baixa divergência genética entre as populações. As 20 populações analisadas podem ser divididas em apenas dois grupos principais pelas análises de agrupamento por similaridade, o primeiro composto pelas populações naturais, exceto a população de Imbituva, e o segundo com coleções plantadas. As coleções plantadas apresentaram diversidade genética maior que as naturais e, portanto, são fontes importantes de variabilidade genética para conservação e uso. A estrutura genética das populações não apresentou relação com a distribuição ou com a distância geográfica entre si. A jaboticabeira possui sistema de reprodução misto, com predomínio de autofecundação nas progênies oriundas de sementes. A maior parte dos cruzamentos ocorre entre indivíduos não aparentados, sendo predominantemente as plântulas oriundas desses frutos que atingem a fase adulta. Para formação de novas coleções ativas de germoplasma sugere-se a seleção de genótipos com características de interesse, podendo ser oriundos de poucas populações, mas preferencialmente aquelas com maior diversidade genética e portadoras de alelos exclusivos.

Palavras-chave: Genética vegetal; recursos do germoplasma; microssatélites; variabilidade genética.

ABSTRACT

Knowing the status of genetic diversity is the first step to determining strategies for conservation, domestication, and use of genetic resources of perennial fruit species. For this reason, characterizing the reproductive system is important to assist in designing strategies for using and conserving species with relevant regional importance. The jaboticabeira (*Plinia* spp.) is a native species of Brazil and is subject to habitat fragmentation, mainly due to human activity, and therefore requires conservation strategies. This work aimed to estimate the genetic diversity in jaboticaba tree populations in natural and planted areas and investigate the species reproduction system. For this, two experiments were carried out: (a) analysis of the genetic structure and diversity of 20 populations of jaboticaba trees from four Brazilian states (RS, SC, PR, and MG), 14 natural and six planted populations; (b) detection of the reproduction system of the species, based on progenies derived from seeds of 13 mother jaboticaba trees. These leaf samples were collected to be genotyped with 13 microsatellite molecular markers. The results indicate that the jaboticaba populations present exclusive alleles in a few populations, alleles with high frequency in most populations, and low genetic divergence among populations. The 20 populations analyzed can be divided into only two main groups by the similarity cluster analyses, the first composed of natural populations, except the population of Imituva, and the second with planted collections. The planted collections showed higher genetic diversity than the natural ones and are important sources of genetic variability for conservation and use. The population genetic structure was unrelated to their distribution or geographical distance. The jaboticaba tree has a mixed reproduction system, with a predominance of selfing in progenies from seeds. Most crosses occur between unrelated individuals, and seedlings from these fruits predominantly reach the adult stage. For the formation of new active germplasm collections, it is suggested to select genotypes with characteristics of interest, which may come from a few populations, but preferably those with greater genetic diversity and carriers of unique alleles.

Keywords: Plant genetics; germplasm resources; microsatellites; genetic variability.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Distribuição geográfica das populações de jaboticabeiras onde foram coletadas amostras para análise de estrutura e diversidade genética (MG: Minas Gerais, PR: Paraná, SC: Santa Catarina; RS: Rio Grande do Sul)	27
Figura 2 - Troncos fundidos de jaboticabeira (A) e conformação de tronco fundido a campo com visão frontal (B)	29
Figura 3 - Tipos de jaboticabeiras coletadas em pomares. <i>Plinia trunciflora</i> (A), <i>Plinia peruviana</i> (B), Jaboticabeira denominada híbrida (C), <i>Plinia jaboticaba</i> (D)	31
Figura 4 - Programa de PCR utilizado	34
Figura 5 - Análise de coordenadas principais de vinte populações de jaboticabeira, utilizando a Distância de Nei (1978) como medida de similaridade	42
Figura 6 - Números de grupos apropriados (k) produzidos de acordo com o método proposto por Evanno; Regnaut; Goudet, (2005) utilizando o programa Structure Harvester para vinte populações de jaboticabeiras	43
Figura 7 - Estrutura genética de populações de jaboticabeira segundo análise Bayesiana de agrupamento implementada pelo software Structure para K = 244	
Figura 8 - Distribuição geográfica das populações de jaboticabeiras e distribuição de acordo com PcoA e análise Bayesiana de agrupamento	45

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estudos de diversidade genética de jaboticabeiras	22
Tabela 2 - Índices de diversidade genética de estudos utilizando marcadores moleculares microssatélites em jaboticabeiras	23
Tabela 3 - Populações de jaboticabeiras adultas coletadas amostras para análise de estrutura e diversidade genética	26
Tabela 4 - Amostras de matrizes e plântulas de jaboticabeiras coletadas em fragmento florestal em Clevelândia, PR para análise do sistema de reprodução da espécie	28
Tabela 5 - Locos microssatélites usados para genotipagem de jaboticabeiras	33
Tabela 6 - Caracterização dos 13 locos microssatélites utilizados	37
Tabela 7 - Presença de alelos nulos utilizando programa Microchecker e identificação dos alelos nulos pelo programa ML-Null	38
Tabela 8 - Frequência de alelos nulos estimada pelo programa ML-NUL de acordo com o tipo de amostra	38
Tabela 9 - Índices de diversidade genética de indivíduos de vinte populações de jaboticabeiras nativas e plantadas no Brasil, para treze Locos (SSR).....	39
Tabela 10 - Porcentagem de frequências de alelos exclusivos em populações de jaboticabeiras nativas e plantadas	40
Tabela 11 - Resumo da análise da variância molecular (AMOVA), mostrando a variação genética para vinte populações de jaboticabeiras, com uso de treze locos microssatélites	41
Tabela 12 - Presença de mismatch nos genótipos com dois troncos fundidos	45
Tabela 13- Estimativas dos parâmetros associados ao sistema de reprodução de 144 progênies de jaboticabeiras	46
Tabela 14 - Estimativas de diversidade independentes para os testes de paternidade para todo o conjunto de genótipos testados (n=144)	48
Tabela 15 - Frequências alélicas nos óvulos e pólen	49

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

A	Número de alelos
A_e	Número efetivo de alelos por Locos
AMOVA	Análise da variância molecular
BAG	Banco Ativo de Germoplasma
Cm	Centímetro
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
EHW	Equilíbrio de Hardy-Weinberg
f	coeficiente de endogamia
GPS	Sistema de posicionamento global
H_o	Heterozigosidade observada
H_e	Heterozigosidade esperada
HDL	High Density Lipoproteins
Kg	Quilograma
MG	Minas Gerais
N	Tamanho da amostra
PCR	Reação em cadeia da polimerase
PR	Paraná
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
RS	Rio Grande do Sul
SC	Santa Catarina
UC	Unidade de Conservação
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal do Paraná

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
2	OBJETIVOS	17
2.1	Geral	17
2.2	Específicos	17
3	REFERENCIAL TEÓRICO	18
3.1	As jaboticabeiras.....	18
3.2	Caracterização da diversidade genética em plantas	20
3.3	Sistema de reprodução em espécies arbóreas.....	23
4	METODOLOGIA	26
4.1	Amostragem.....	26
4.1.1	Descrição dos tipos de jaboticabeiras	29
4.2	Genotipagem por microssatélites	32
4.3	Análise da diversidade genética	33
4.4	Análise do sistema de reprodução por marcadores moleculares ...	35
5	RESULTADOS	37
5.1	Caracterização dos locos microssatélites	37
5.2	Análise da diversidade genética e estrutura populacional de jaboticabeiras	39
5.3	Análise do sistema de reprodução de jaboticabeiras	46
6	DISCUSSÃO	50
6.1	Diversidade genética e estrutura populacional de jaboticabeiras nativas e plantadas	50
6.2	Sistema de reprodução de jaboticabeira.....	53
6.3	Implicações para conservação e melhoramento genético da espécie	55
7	CONCLUSÃO	58
8	CONSIDERAÇÕES FINAIS	59
	REFERÊNCIAS	60
	APÊNDICE A - Índices de diversidade genética de indivíduos de vinte populações de jaboticabeiras nativas e plantadas no Brasil, para treze Locos microssatélite. UTFPR, Pato Branco – PR, 2023.....	68
	APÊNDICE B - Frequências alélicas e alelos exclusivos nos treze locos microssatélites nos indivíduos de vinte e uma populações de jaboticabeiras nativas e plantadas no Brasil. UTFPR, Pato Branco-PR, 2023.....	73

APÊNDICE C - Porcentagem de frequências alélicas, alelos fixados em cada loco e total de alelos de treze locos microssatélites em vinte populações de jaboticabeiras nativas e plantadas no Brasil. UTFPR, Pato Branco – PR, 2023.	78
--	-----------

1 INTRODUÇÃO

A conservação dos recursos genéticos tem se tornado cada vez mais importante, devido à perda de populações naturais e de sua diversidade genética, especialmente, pela forte pressão antrópica, que vem ocasionando a fragmentação dos ecossistemas florestais. Porém, o sucesso de qualquer estratégia de conservação depende da manutenção da variabilidade genética e, para tanto, inicialmente é necessário quantificar os níveis de diversidade nas populações existentes.

A jaboticabeira (*Plinia sp.*) pertence à família Myrtaceae e possui ampla distribuição no Brasil, com pequenas áreas na Argentina e Paraguai. Mattos (1983) descreveu nove espécies de jaboticabeiras. No entanto, a Flora do Brasil (2020), descreve seis espécies, sendo algumas espécies agrupadas. As diferenças entre as espécies descritas são pequenas e principalmente associadas às características das flores e dos frutos, tais como, coloração, tamanho do fruto e do pedúnculo e, associação ou não das flores em racemos (FLORA DO BRASIL, 2020).

A jaboticaba, fruto da jaboticabeira, possui potencial de uso comercial, sendo apreciada para consumo in natura ou para a fabricação de produtos derivados deste fruto ou de suas cascas. As cascas vêm sendo aproveitadas pelas indústrias farmacêutica, de cosméticos e alimentícia, pois apresentam elevado conteúdo de flavonoides e antocianinas (TEIXEIRA; STRINGHETA; OLIVEIRA, 2008).

No Brasil são encontradas a modalidade de extrativismo vegetal e a modalidade de plantio, em fundos de quintais ou poucos comerciais. Nos dois sistemas de produção, verifica-se o potencial de recursos genéticos da cultura, no entanto, existem aspectos distintos inerentes aos dois sistemas de produção. No sistema extrativista, geralmente os jaboticabais estão presentes em áreas de reserva legal, comum no Sudoeste do Paraná, sendo a principal forma de comercialização dos frutos in natura às margens de rodovias, por famílias carentes que coletam de plantas nativas, proporcionando renda adicional durante o período de colheita, concentrada principalmente nos meses de outubro e novembro. A modalidade de plantio geralmente é a principal fonte geradora de renda da propriedade, tendo o Estado de São Paulo como principal fornecedor das jaboticabas comercializadas pelas Ceasas do país. O turismo rural também é um canal de comercialização em propriedades com plantios de jaboticabeiras, sendo prática encontrada no Estado de Goiás (GIL *et al.*, 2022).

O potencial extrativista da espécie justifica a necessidade de estratégias de conservação das populações onde ela ocorre. Isso porque tanto a exploração insustentável quanto a perda de habitat alteram a estrutura populacional e, conseqüentemente, podem causar redução na diversidade genética, conforme verificado em outras espécies florestais brasileiras (LÔBO *et al.*, 2011). Tais efeitos prejudiciais devem ser contrapostos com a manutenção *in situ* de populações de jaboticabeiras em vários locais de ocorrência natural, além da criação e manutenção de bancos de germoplasma *ex situ*. Além disso, deve-se medir os parâmetros genéticos populacionais para viabilizar o estabelecimento de programas de conservação e atividades planejadas de exploração nas populações naturais e bancos de germoplasma.

Na América do Sul, o Bioma Mata Atlântica (bioma em que a jaboticabeira ocorre predominantemente) está limitado em apenas 12,6% do total da cobertura florestal original (RIBEIRO *et al.*, 2011). No Estado do Paraná a área com Remanescentes Florestais da Mata Atlântica é de 13,1%, enquanto que, em Santa Catarina é 28,8% e no Rio Grande do Sul de apenas 13,6% em comparação ao que existia originalmente (FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA, 2019). Esse bioma está altamente fragmentado, com 80% dos fragmentos do Brasil menores que 50 hectares (RIBEIRO *et al.*, 2009). Portanto, a jaboticabeira está vulnerável a perdas de diversidade genética devido ao decréscimo no tamanho populacional que reduz a riqueza alélica (efeito *bottleneck*) e ao aumento da endogamia gerada por cruzamentos entre indivíduos aparentados (DAWSON *et al.*, 2011).

Além da diversidade e estrutura genética populacional ainda pouco conhecida, também há suposições contraditórias sobre o mecanismo de reprodução da jaboticabeira. A espécie possui flores hermafroditas, com as abelhas sendo os principais visitantes florais, especialmente *Apis mellifera* (MALERBO-SOUZA *et al.*, 2004). Além disso, a autoincompatibilidade não foi detectada nos estudos já realizados com quatro espécies de jaboticabeira (MALERBO-SOUZA *et al.*, 2004, DANNER *et al.*, 2011a; VILELA *et al.*, 2012). Isto pode favorecer a ocorrência de mistura de autofecundação, geitonogamia (cruzamento entre flores da mesma planta) e cruzamentos, para formação dos embriões e das plântulas descendentes.

Adicionalmente, é provável também a ocorrência de embriões apomíticos (que geram plântulas clones da planta matriz), porque há ocorrência de poliembrião em altas taxas (até 75%) nas sementes das jaboticabeiras. Ainda não há definição exata

da origem destes múltiplos embriões (TRAUB 1939; GURGEL; SOUBIHE SOBRINHO 1951; DANNER *et al.*, 2011b). Assim, pode ocorrer, na mesma semente, a formação de embriões zigóticos (sexuados) e embriões somáticos (assexuados). A definição do sistema de reprodução será crucial para a conservação, melhoramento e uso da espécie, pois determina como as progênes recebem a informação genética dos parentais e, conseqüentemente, como será a estrutura genética da geração descendente.

Dentro desse contexto, este trabalho busca responder às seguintes perguntas: (a) Quais os níveis de diversidade genética nas populações naturais de jaboticabeira? (b) A distribuição da diversidade genética da espécie está associada com distâncias geográficas? (c) As coleções de jaboticabeiras (áreas plantadas) apresentam maior diversidade genética que populações naturais? (d) As jaboticabeiras possuem sistema de reprodução misto, ou tem predomínio de autofecundações ou de cruzamentos para geração das sementes?

2 OBJETIVOS

2.1 Geral

Comparar a diversidade genética em populações naturais *in situ* e em coleções *ex situ* de jaboticabeira e determinar o sistema reprodutivo da espécie para definir estratégias de conservação e melhoramento genético.

2.2 Específicos

- Identificar populações naturais de jaboticabeiras que tenham alta e/ou particular diversidade genética, para definir áreas prioritárias para conservação *in situ*;
- Estimar a diversidade genética em coleções ativas de germoplasma de jaboticabeiras;
- Compreender o sistema de reprodução, detectando-se a taxa de cruzamentos e autofecundações em progênies de jaboticabeiras.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Jaboticabeiras

A jaboticabeira é nativa e muito cultivada em regiões subtropicais e tropicais do Brasil, com exceção para região Norte. A existência da sua presença em florestas naturais das regiões Sul, Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste do Brasil, assim como de algumas variedades tradicionais cultivadas, suportam a hipótese de que estas áreas serem seu centro de origem (MATTOS 1983; DANNER *et al.*, 2010; SOBRAL *et al.*, 2015; STADNIK; OLIVEIRA; ROQUE, 2018).

Além disso, a jaboticabeira tem populações naturais em Santa Cruz - Bolívia, Assunção – Paraguai e Misiones - Argentina (LIM, 2012; FLORA ARGENTINA, 2018; FLORA DEL PARAGUAY, 2018). Também há jaboticabeiras introduzidas em cultivos em outros países das Américas do Sul, Central e do Norte (TRAUB 1939; DUARTE *et al.*, 1997; BALERDI; RAFIE; CRANE, 2006; APARICIO-HUERTA *et al.*, 2016) e na China (ZHANG *et al.*, 2018). Nos Estados Unidos há vários pomares e plantios em quintais urbanos, especialmente no Sul da Flórida e na Califórnia, onde muitos brasileiros vivem (BALERDI; RAFIE; CRANE, 2006).

Na região sudoeste do Paraná há ocorrência natural da jaboticabeira, não existindo relatos de outro local do Brasil com tantos jaboticabais nativos (DANNER *et al.*, 2010). Nesta região foram mapeados 14 fragmentos florestais com ocorrência de jaboticabeira, os quais estão localizados principalmente em propriedades particulares. Estes fragmentos totalizaram 201,9 hectares e continham 4.036 plantas adultas da espécie, com média de 15 metros de altura e 41 cm de diâmetro à altura do peito (DANNER *et al.*, 2010).

Originalmente, as jaboticabeiras foram descritas com diferentes gêneros, *Myrtus Tourn* ex. L. e *Guapurium Juss.* M. Mais tarde Berg (1857-1859) descreveu três espécies de jaboticabeiras: *Myrciaria cauliflora* (DC.) Berg, *M. jaboticaba* (Vell.) Berg e *M. trunciflora* Berg. Posteriormente, Kausel (1956) sugeriu modificar estas espécies para o gênero *Plinia* [*P. cauliflora* (Mart.) Kausel, *P. jaboticaba* (Vell.) Kausel e *P. trunciflora* (O. Berg) Kausel]. E, utilizando jaboticabeiras nativas e cultivadas de vários locais do Brasil, Mattos (1983) descreveu nove espécies, ainda usando o gênero *Myrciaria*: *M. peruviana* var. *trunciflora* (Berg) Mattos, *M. cauliflora* (DC.) Berg, *M. jaboticaba* (Vell.) Berg, *M. coronata* Mattos, *M. oblongata* Mattos, *M. spiritosantensis* Mattos, *M. aureana* Mattos, *M. phytrantha* (Kiaersk.) Mattos, e *M. grandifolia*

Mattos. As três primeiras espécies são mais comuns no Brasil, tanto em populações naturais quanto em pomares plantados, enquanto que, as outras seis espécies são raras e algumas presentes apenas em coleções de instituições de pesquisa (WAGNER JÚNIOR; DANNER; CITADIN, 2022).

Em função desta complexidade de nomenclatura botânica, Wiltbank; Chalfun; Andersen (1983) sugeriram que as jaboticabeiras fossem consideradas um complexo de espécies relacionadas, sem definir ou sugerir nova classificação botânica. Atualmente, a Flora do Brasil (2020) listou seis espécies de jaboticabeiras, sendo elas: *Plinia peruviana* (onde foram agrupadas *P. cauliflora*, *P. jaboticaba* e *P. trunciflora*), *Plinia coronata*, *Plinia oblongata*, *Plinia phitrantha* (agrupa também *P. aureana*), *Plinia grandifolia* e *Plinia spirito-santensis*.

Outro complicador é agrupar as variedades cultivadas segundo as espécies. Comercialmente, têm-se a variedade 'Sabará' (*P. jaboticaba*), 'Paulista' (*P. cauliflora*) e 'Pingo de mel' (*P. jaboticaba*), além da denominada 'Híbrida', que alguns insistem em chamá-la de enxertada devido a sua precocidade, mesmo sendo de pé-franco (espécie e origem desconhecida). A jaboticabeira híbrida é muito difundida nos viveiros de mudas a qual produz frutos mais precocemente (três a cinco anos após plantio da semente) e com mais frequência (três a cinco vezes no ano) em relação às outras variedades (LORENZI *et al.*, 2006).

As jaboticabeiras nativas são árvores que crescem lentamente, mas podem atingir de quatro a 15 metros de altura, demorando de cinco a 15 anos para iniciar a produção de frutos, com única colheita principal (normalmente na primavera). O fruto se desenvolve rapidamente em 30 a 45 dias da floração à maturação, alcançando de 2,0 - 3,5cm de diâmetro e 3,0 - 15,0 g de massa fresca, cujo formato é globoso a redondo, tem uma fina película geralmente preta (atropurpúrea), que envolve polpa branca, gelatinosa e doce (>13,0 °Brix), contendo uma a quatro sementes pequenas. Nas árvores adultas estima-se produção de 20-100 kg de frutos (MATTOS, 1983). A folhagem nova é de cor avermelhada e, a beleza das flores brancas e frutos pretos brilhosos cobrindo inteiramente os ramos, característica da cauloflora destacam a espécie também para uso ornamental (DEMATTÊ, 1997).

A jaboticaba possui potencial de comercialização para consumo in natura ou indústria. Ela apresenta várias possibilidades de uso e transformação como na elaboração de geleias, sucos, licor e vinagre (SILVEIRA, 1943). Apresenta características nutricionais atrativas, sendo rica em fibras, minerais (ferro, cálcio, potássio

e fósforo) e vitamina C. Mas, o grande destaque da jaboticaba é a elevada capacidade antioxidante, devido alto conteúdo de compostos fenólicos e polifenóis presentes em sua casca, principalmente as antocianinas e incluindo-se um polifenol específico, na qual foi denominado 'jaboticabin', os quais tem ação anti-inflamatória, anti-diabetes e anti-AVC (ALEZANDRO *et al.*, 2013; WU; LONG; KENNELLY, 2013). A casca seca e moída da jaboticaba aumenta os níveis do colesterol HDL (“bom”) e a resistência à insulina (LENQUISTE *et al.*, 2012) e teve efeito antiproliferativo de células cancerígenas de próstata e leucemia (LEITE-LEGATTI *et al.*, 2012). Por isso, a jaboticaba pode ser chamada de “super fruta” e usada na indústria alimentícia como ingrediente e corante funcional devido ao sabor e aos compostos antioxidantes naturais da casca (WU; LONG; KENNELLY, 2013; SILVA *et al.*, 2014b).

Devido as características sensoriais dos seus frutos, a jaboticabeira apresenta potencial de uso visando geração de renda com implantação de pomares comerciais nas regiões de clima subtropical e tropical, inclusive nos Estados Unidos (BALERDI; RAFIE; CRANE, 2006). Todavia, ainda é uma fruteira subutilizada se comparada com outras fruteiras nativas tropicais e exóticas no Brasil. A insuficiência de pomares comerciais, provavelmente, deve-se à falta de material genético selecionado e lançado como cultivar comercial, longo período juvenil quando oriundo de sementes e, principalmente pela falta de informações técnicas sobre manejo de cultivo (KINUPP; LISBÔA; BARROS, 2011).

A espécie ainda se encontra em estágio inicial de domesticação e com ecologia e diversidade genética pouco conhecidas. Há apenas alguns estudos baseados em caracterização fenotípica de germoplasma (PEREIRA *et al.*, 2000; OLIVEIRA *et al.*, 2003; JESUS *et al.*, 2004; DANNER *et al.*, 2011a, b; PALADINI, 2016), baseadas em marcadores moleculares RAPD (PEREIRA *et al.*, 2005) e microsatélites (MARTINS, 2013; SALLA, 2016, 2019).

3.2 Caracterização da diversidade genética em plantas

A diversidade genética corresponde em qualquer medida que quantifica a magnitude da variação genética dentro de uma população de uma espécie (HUGHES *et al.*, 2008). Ela é importante medida da capacidade da população em se adaptar às mudanças ambientais (REED; FRANKHAM, 2003). Diante do cenário atual de mudanças climáticas globais e modificações nos ecossistemas naturais devido às

atividades humanas, mensurar a diversidade genética das populações é essencial para fornecer informações para conservação e gestão dos recursos naturais, principalmente em hotspots de biodiversidade¹, como é o caso do Bioma Mata Atlântica (SCHIERENBECK, 2017).

Como a diversidade genética está diretamente ligada à sobrevivência das espécies por meio da capacidade de se adaptar às mudanças ambientais (BINKS; MILLA; BYRNE, 2015), a análise do pool de genes de uma espécie é fundamental para identificar populações que apresentam níveis altos e representativos de polimorfismo genético. Tal conhecimento pode orientar estratégias sobre como a população deve ser gerenciada e como esse manejo deve ser implementado (CASACCI; BARBERO; BALLETO, 2014; CIÉSLAK *et al.*, 2015).

Portanto, é justificável que haja preocupação sobre as consequências da fragmentação dos habitats. A fragmentação quase sempre levará redução no tamanho da população e conseqüente aumento na taxa de variabilidade perdida por meio da deriva genética. Em casos extremos, a população pode ser temporariamente reduzida para números muito baixos e sofrer perdas exageradas, evento que muitas vezes é referido como gargalo genético (AMOS; HARWOOD, 1998).

A perda de diversidade ocorre passivamente por meio da deriva genética ou ativamente por meio da seleção natural, por exemplo, quando se manifesta como depressão por endogamia. Em contrapartida, a diversidade pode ser obtida por meio de mutação, contudo a frequência de mutações é extremamente baixa, ou por meio do fluxo de genes de populações vizinhas (AMOS; HARWOOD, 1998).

Do ponto de vista teórico, a diversidade genética pode ser pensada como reflexo do equilíbrio entre o aparecimento e o desaparecimento de variantes genéticas (alelos). Novos alelos aparecem a cada geração por mutação espontânea devido a erros de replicação do DNA ou danos ao DNA induzidos por agentes mutagênicos físicos (radiações ionizantes, radiações ultravioletas, efeitos biológicos das radiações) e/ou químicos (ELLEGREN; GALTIER, 2016).

Informações sobre a diversidade genética em plantas podem ser obtidas por meio de marcadores moleculares, especialmente os microssatélites. O marcador

¹Hotspots de biodiversidade são áreas geográficas que apresentam grande riqueza natural e elevada biodiversidade. Em contrapartida apresentam alto grau de ameaça à sua conservação (SOUZA; BARBOSA, 2018).

microsatélite é mais vantajoso do que outros marcadores moleculares porque é altamente polimórfico, codominante, amplamente distribuído no genoma e pode ser transferido para outras espécies (ZEINALZADEH-TABRIZI *et al.*, 2018).

O desenvolvimento de marcadores moleculares mais eficientes e menos onerosos tem possibilitado o avanço do conhecimento sobre a diversidade genética de populações naturais de plantas (BUZATTI *et al.*, 2012; SILVA *et al.*, 2014a). No entanto, as informações sobre a diversidade genética populacional de populações naturais de jaboticabeiras ainda são escassas na literatura (SALLA, 2016; 2019).

O maior número de estudos de diversidade genética de jaboticabeiras são baseados em diferenças morfológicas e fisiológicas (Tabela 1). O primeiro estudo baseado em diferenças moleculares foi realizado com marcadores moleculares RAPD (PEREIRA *et al.*, 2005). E os trabalhos a utilizarem marcadores microsatélites foram relatados por Martins (2013) e Salla (2016; 2019). No entanto, os trabalhos que avaliaram a diversidade genética utilizando marcadores microsatélites, avaliaram apenas indivíduos de jaboticabeiras nativas presentes na região Sudoeste do Paraná e em coleção ativa de germoplasma da espécie. Portanto, o diferencial do presente trabalho será expandir os locais de coleta para outras regiões que apresentem jaboticabais nativos e plantados, bem como aumentar o número de marcadores microsatélites utilizados.

Tabela 1 - Estudos de diversidade genética de jaboticabeiras

Autor	Tipo de marcador
Oliveira <i>et al.</i> , 2003	Marcadores morfológicos (frutos)
Radaelli <i>et al.</i> , 2018	Marcadores morfológicos (caule e brotações primárias)
Rufini <i>et al.</i> , 2020	Marcadores morfológicos (frutos)
Pereira <i>et al.</i> , 2005	Marcadores RAPD (11 marcadores – identificar diferenças moleculares entre espécies de jaboticabeiras)
Vilela <i>et al.</i> , 2012	Marcadores RAPD (12 marcadores - relacionar a distância genética de quatro espécies de jaboticabeiras)
Martins, 2013	Marcadores microsatélites (09 marcadores - caracterizar a diversidade de 110 jaboticabeiras da coleção ativa de germoplasma da UTFPR – Dois Vizinhos)
Salla, 2016	Marcadores microsatélites (07 marcadores - caracterizar a diversidade e a estrutura genética espacial de uma população de jaboticabeira)
Salla, 2019	Marcadores microsatélites (10 marcadores - Verificar a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de seis populações de jaboticabeiras)

Fonte: Autoria própria (2023)

Os estudos que avaliaram a diversidade genética em jaboticabeiras utilizando marcadores microsatélites encontraram valores de heterozigidade observada

variando de 0,461 a 0,639, e heterozigosidade esperada entre 0,509 e 0,643 (Tabela 2).

Tabela 2 - Índices de diversidade genética de estudos utilizando marcadores moleculares microssatélites em jaboticabeiras

Referência	Nº de alelos total	Nº de indivíduos analisados	H_o	H_e
Martins, 2013	74	110	0,461	0,643
Salla, 2016	27	317	0,639	0,509
Salla, 2019	295	190	0,633	0,591

H_o : heterozigosidade observada; H_e : heterozigosidade esperada. Fonte: Autoria própria (2023)

3.3 Sistema de reprodução em espécies arbóreas

O sistema de reprodução se refere à forma de ocorrência da troca de informações genéticas entre indivíduos, ou seja, como ocorre a recombinação dos genes para formação das populações descendentes (SEBBENN, 2002). Por isto, a determinação do sistema de reprodução de espécies arbóreas é fundamental para definir estratégias de melhoramento e de conservação *in situ* e *ex situ*, uma vez que permite definir com maior precisão os tamanhos amostrais de populações para coleta de sementes visando gerar novos povoamentos e adotar técnicas eficientes de seleção de indivíduos (SOBIERAJSKI; KAGEYAMA; SEBBENN, 2006; MORAES; KAGEYAMA; SEBBENN, 2007; MORI *et al.*, 2013).

Além disso, em conjunto com o fluxo gênico e taxa de migração de pólen e sementes, o sistema de reprodução determina a estrutura genética espacial dos indivíduos de uma espécie dentro das populações, ou seja, a organização dos genótipos da espécie no espaço, verificando o nível de parentesco genético em classes de distâncias geográficas entre as árvores (SEBBENN *et al.*, 1998; SEBBENN, 2006).

Existem dois tipos de sistema de reprodução principais: 1) autogamia, em que há polinização entre órgãos masculinos e femininos na mesma flor; 2) alogamia, quando ocorrem cruzamentos entre diferentes flores masculinas e femininas. Este é subdividido em: 2.1) xenogamia: cruzamento entre flores de diferentes plantas; e 2.2) geitonogamia: cruzamento entre diferentes flores da mesma planta, neste caso, com mesmo efeito genético da autogamia nas progênes. De forma geral, espécies arbóreas podem apresentar sistema de reprodução por autogamia (mais de 95% de taxa de autofecundação), por alogamia (mais de 95% de taxa de cruzamentos) ou ainda o sistema misto de reprodução (uma combinação entre os outros dois tipos, com

taxa entre 5 a 95% de autofecundação ou cruzamentos). Em espécies arbóreas tropicais o cruzamento é o principal tipo de reprodução e as taxas de cruzamentos apresentam média de 80% (SEBBEN, 2002).

Para determinar as taxas de cruzamentos e autofecundações e outros índices associados ao sistema de reprodução podem ser empregados os marcadores moleculares, principalmente aqueles com herança codominante, destacando-se os marcadores microssatélites. Deve-se aplicar esta técnica e comparar os alelos multilocus das progênies em relação aos genitores (árvore materna apenas ou árvore materna e paterna). Os modelos ou algoritmos de cruzamentos mistos (RITLAND; JAIN, 1981), e de cruzamentos correlacionados (RITLAND, 1989) são os principais estimadores dos índices de sistema de reprodução de espécies arbóreas.

Em jaboticabeiras, ramos e flores ensacados apresentaram frutificação, demonstrando que são autocompatíveis e podem ser autógamas (MALERBO-SOUZA *et al.*, 2004; VILELA *et al.*, 2012). Para *P. trunciflora* (*P. peruviana*) e *P. jaboticaba* ramos não ensacados tiveram frutificação bem superior aos ramos ensacados, destacando que são necessários agentes polinizadores (as abelhas africanizadas), para uma efetiva polinização (DANNER *et al.*, 2011a). A espécie *P. cauliflora* não apresentou frutificação em ramos ensacados, sendo necessário agentes polinizadores para frutificar. Isso pode ter ocorrido devido sua morfologia floral impedir a autofecundação passiva, uma vez que as flores dessa espécie apresentam maior distância estigma-antenas que as outras duas espécies descritas (DANNER *et al.*, 2011a).

Os agentes polinizadores permitem que ocorra tanto autogamia (transferência do pólen da antera para o estigma da mesma flor), geitonogamia (transferência do pólen da antera para o estigma de outra flor situada na mesma planta) e xenogamia (transferência do pólen da antera para o estigma de uma flor situada em outra planta da mesma espécie). Sendo assim, as progênies de jaboticabeira oriundas de sementes, podem ter mistura de irmãos de autofecundação, meio-irmãos, irmãos-completos e irmãos de autofecundação e cruzamentos (SEBBEN, 2006).

Atrelado a isso, as jaboticabeiras possuem sementes poliembriônicas, podendo esta ser resultado da apomixia do tipo embrionia adventícia, gerando sementes que contém simultaneamente um embrião zigótico e um ou mais embriões somáticos (apomíticos). Estas evidências levam a hipótese de que sistema de reprodução da jaboticabeira é do tipo misto, onde as plântulas de uma progênie são

geradas por mistura de embriões de autofecundação ou de cruzamentos e, da apomixia.

Para elucidar essa questão, é necessário a genotipagem por marcadores moleculares, principalmente os microssatélites (RUIZ; BRETO; ASINS, 2000), comparando a segregação genética das progênies em relação às plantas matrizes, o que torna possível definir a taxa de plântulas geradas de cada tipo de fecundação.

Os resultados do sistema de reprodução da espécie determinando se é alógama, autógama ou misto, podem auxiliar no planejamento de hibridações, estabelecimento de programas de melhoramento genético da jaboticabeira e, principalmente para a coleta e produção de sementes de material genético melhorado (SEBBENN, 2006).

4 METODOLOGIA

4.1 Amostragem

Para o estudo de diversidade genética foram coletados e analisados aproximadamente 510 indivíduos de jaboticabeiras coletados em 14 populações naturais (*in situ*) do Sul do Brasil e de seis coleções de germoplasma (áreas plantadas). Os locais de coleta foram selecionados de acordo com informações prévias e também de informações da literatura (Tabela 3). Uma árvore em cada população foi georreferenciada com aparelho de GPS de alta precisão.

Tabela 3 - Populações de jaboticabeiras adultas coletadas amostras para análise de estrutura e diversidade genética

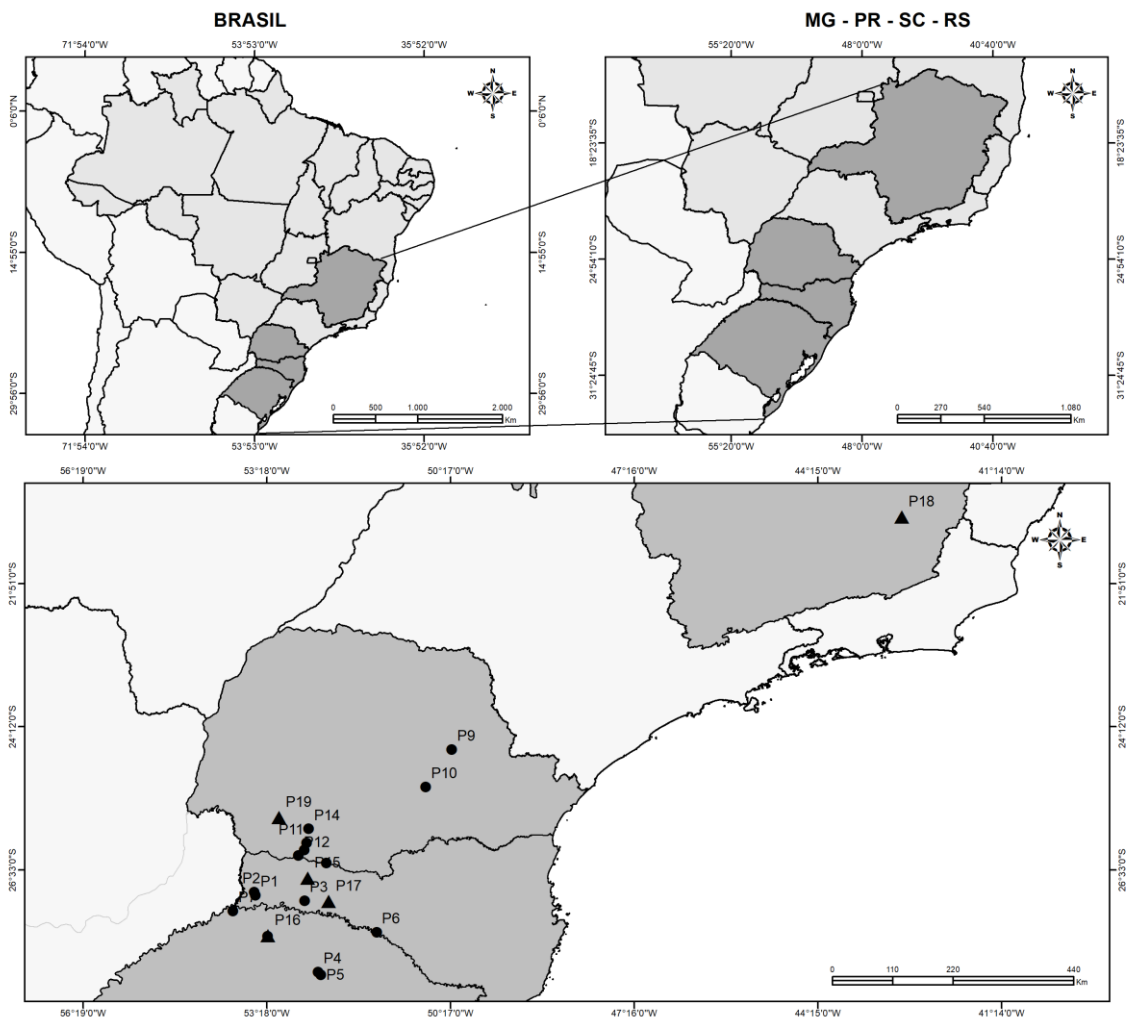
Pop	Tipo de Pop	Localização	Número de indivíduos
População 1	População natural	Iporã do Oeste/ Santa Catarina	21
População 2	População natural	Descanso/ Santa Catarina	19
População 3	População natural	Chapecó/ Santa Catarina	26
População 4	População natural	Passo Fundo/Rio Grande do Sul	25
População 5	População natural	Passo Fundo/ Rio Grande do Sul	20
População 6	População natural	Barracão/ Rio Grande do Sul	25
População 7	População natural	Derrubadas/ Rio Grande do Sul	26
População 8	População natural	Jaboticaba/ Rio Grande do Sul	25
População 9	População natural	Tibagi/Paraná	25
População 10	População natural	Imbituva/Paraná	25
População 11	População natural	Pato Branco/Paraná	20
População 12	População natural	Vitorino/Paraná	20
População 13	População natural	Clevelândia/Paraná	20
População 14	População natural	Chopinzinho/Paraná	50*
População 15	População plantada	Quilombo/Santa Catarina	28
População 16	População plantada	Jaboticaba/Rio Grande do Sul	30
População 17	População plantada	Seara/Santa Catarina	46
População 18	População plantada	Viçosa/Minas Gerais	20
População 19	População plantada	Dois Vizinhos/ Paraná	50
População 20	População plantada	Pato Branco Quintais/Paraná	9

* Foram coletadas 50 amostras de 25 plantas que apresentavam indicativo de dois troncos fundidos. Fonte: Autoria própria (2023)

As amostras de folhas de jaboticabeiras das populações naturais foram coletadas nos Estados do Rio Grande do Sul (Passo Fundo, Barracão, Derrubadas, Jaboticaba), Santa Catarina (Iporã do Oeste, Descanso, Chapecó) e Paraná (Tibagi,

Imbituva, Pato Branco, Vitorino, Clevelândia, Chopinzinho). As coletas das coleções de germoplasma foram realizadas na Universidade Federal de Viçosa (Viçosa-MG) e Universidade Tecnológica Federal do Paraná (Dois Vizinhos-PR), e em propriedades particulares nos municípios de Seara-SC e Quilombro-SC, em área pública no município de Jaboticaba - RS e em quintais urbanos no município de Pato Branco-PR (Figura 1).

Figura 1 - Distribuição geográfica das populações de jaboticabeiras onde foram coletadas amostras para análise de estrutura e diversidade genética (MG: Minas Gerais, PR: Paraná, SC: Santa Catarina; RS: Rio Grande do Sul)



Círculos representam populações naturais e triângulos representam coleções plantadas. Fonte: Autoria própria (2023)

Para análise do sistema de reprodução foram coletados frutos de 13 jaboticabeiras matrizes presentes em fragmento florestal localizado no município de Clevelândia-PR em outubro de 2017. Foram extraídas e selecionadas 30 sementes de cada matriz, as quais foram colocadas em pasta de cal virgem e água, durante 20

minutos. Após foi realizada lavagem em água corrente e fricção em peneira de malha fina. A semeadura foi realizada em sacos plásticos de polietileno contendo substrato comercial, sendo as plântulas originadas cultivadas em viveiro, identificadas hierarquicamente por matriz, fruto e semente.

Foi realizada a coleta de folhas das matrizes e das plântulas obtidas (esse número foi variável para cada matriz, dependendo do número de plântulas sobreviventes), totalizando 148 amostras (Tabela 4), as quais foram posteriormente enviadas para genotipagem.

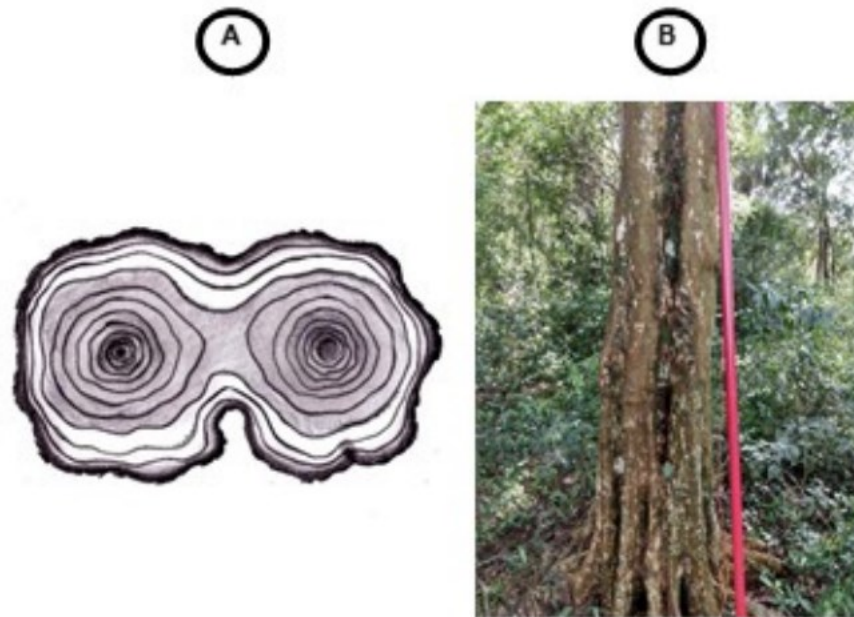
Tabela 4 - Amostras de matrizes e plântulas de jaboticabeiras coletadas em fragmento florestal em Clevelândia, PR para análise do sistema de reprodução da espécie

Matriz	Número de plântulas originadas
1	10
2	12
3	9
4	10
5	13
6	10
7	15
8	10
9	10
10	11
11	12
12	12
13	10

Fonte: Autoria própria (2023)

Na população de Chopinzinho foram coletadas 50 amostras de 25 plantas que apresentavam indicativo de dois troncos fundidos (Figura 2), a fim de verificar se eram o mesmo genótipo. Para isso foram coletadas folhas de lados opostos da planta para genotipagem.

Figura 2 - Troncos fundidos de jaboticabeira (A) e conformação de tronco fundido a campo com visão frontal (B)



Fonte: Moura (2020).

4.1.1 Descrição dos tipos de jaboticabeiras

Para demonstrar as diferenças entre as populações analisadas no presente trabalho, realizou-se a descrição de algumas características de cada população. As populações naturais, em sua maioria, se encontravam em fragmento florestal (Quadro 1).

Quadro 1 - Características das populações de jaboticabeiras naturais avaliadas no estudo

População	Localização	Características
1	Iporã do Oeste, SC	População natural bem conservada, mantida como área de Reserva Legal da propriedade agrícola, também em função das jaboticabeiras servirem para consumo e comercialização dos frutos
2	Descanso, SC	Idem População 1
3	Chapecó, SC	Idem População 1
4	Passo Fundo, RS	Floresta bem conservada e mantida pelo Seminário da Igreja Católica
5	Passo Fundo, RS	Idem População 1
6	Barracão, RS	Floresta bem conservada e mantida como Unidade de Conservação (UC) Estadual
7	Derrubadas, RS	Idem População 6
8	Jaboticaba, RS	Idem População 1
9	Tibagi, PR	Única população natural em solo arenoso, ao invés de argiloso. Fica próxima do cânion do Guartelá (UC Estadual) em uma área de camping e possui três tipos de jaboticabeiras

		aparentemente pertencentes às espécies <i>P. cauliflora</i> , <i>P. jaboticaba</i> e <i>P. peruviana</i> (MATTOS, 1983)
10	Imbituva, PR	População natural exposta em área de pastagem e erval na parte debaixo do dossel. Única população que claramente pertence a outra espécie em relação às demais populações nativas, devido ao tronco tortuoso e frutos com pedúnculo comprido
11	Pato Branco, PR	População natural composta por indivíduos adultos e juvenis que ocorrem agrupadas em fragmento florestal no qual ocorre pastejo de gado. Há colheita anual dos frutos de forma extrativista.
12	Vitorino, PR	População natural composta por indivíduos adultos e juvenis que ocorrem agrupadas em fragmento florestal circundado por lavoura, onde ocorre roçadas no sub-bosque para colheita. Há colheita anual de frutos de forma extrativista.
13	Clevelândia, PR	População natural composta por indivíduos adultos e juvenis que ocorrem agrupadas em fragmento florestal mantido como reserva legal, circundado por lavoura. Há colheita anual de frutos de forma extrativista.
14	Chopininho, PR	População natural composta por indivíduos adultos e juvenis que ocorrem agrupadas em fragmento florestal circundado por lavoura, sem conexão com outros fragmentos.

Fonte: Autoria própria (2023)

As coleções plantadas amostradas no presente trabalho possuíam o intuito de agrupar diferentes tipos de jaboticabeiras, e não objetivo comercial, apesar de algumas ocorrer a comercialização de seus frutos (Quadro 2).

Quadro 2 – Características das populações de jaboticabeiras plantadas avaliadas no estudo

População	Localização	Características
15	Quilombo/Santa Catarina	Pomar plantado com três tipos de jaboticabas, denominadas pelo agricultor de 'com cabinho', 'azedá' e 'do mato'
16	Jaboticaba/Rio Grande do Sul	Pomar plantado ao lado da Prefeitura da cidade, com três tipos de jaboticabas, aparentemente pertencentes às espécies <i>P. cauliflora</i> , <i>P. jaboticaba</i> e <i>P. peruviana</i> (MATTOS, 1983)
17	Seara/Santa Catarina	Pomar comercial criado para reposição arbórea na propriedade. No entanto, o agricultor passou a se interessar pela cultura, ampliando sua área de plantio, com aproximadamente três mil plantas em pomar, seguindo alinhamento, porém com pouca orientação técnica para o manejo das plantas. As jaboticabeiras são em sua maioria da espécie <i>Plinia cauliflora</i> (jaboticabeira paulista ou açu), mas existem algumas de <i>P. jaboticaba</i> (jaboticabeira sabará). Todas as plantas utilizadas foram oriundas de plantio pelo uso da semente (GIL <i>et al.</i> , 2022)

18	Viçosa/Minas Gerais	Banco de Germoplasma com exemplares das espécies <i>Plinia cauliflora</i> cv. Açú; <i>Plinia jaboticaba</i> cv. sabará e <i>Plinia trunciflora</i> cv. Cabinho (MENDONÇA, 2000)
19	Dois Vizinhos/ Paraná	Banco de germoplasma oriundo de frutos de jaboticabeiras coletados em fragmentos florestais do Sudoeste do Paraná e de indivíduos obtidos no BAG da Universidade Federal de Viçosa
20	Pato Branco Quintais/Paraná	Jaboticabeiras de diferentes tipos cultivadas em quintais urbanos

Fonte: Autoria própria (2023)

Devido as variações morfológicas observadas nas características dos frutos, folhas e plantas, a taxonomia das espécies de *Plinia* é bastante divergente na literatura. Dentre as jaboticabeiras coletadas em quintais urbanos de Pato Branco, PR, haviam cinco tipos distintos. Em quatro deles foi possível fotografar frutos (Figura 3), no entanto em uma planta não houve frutificação.

Figura 3 - Tipos de jaboticabeiras coletadas em pomares. *Plinia trunciflora* (A), *Plinia peruviana* (B), jaboticabeira denominada híbrida (C), *Plinia jaboticaba* (D)





Fonte: Autoria própria (2023)

4.2 Genotipagem por microssatélites

Folhas de cada indivíduo foram coletadas, desidratadas em saco plástico Zip Lock (10x14cm) contendo sílica gel, e armazenadas até envio para as análises de genotipagem em maio de 2021. O processo de extração de DNA, de reação em cadeia da polimerase (PCR) e genotipagem por microssatélites foram realizados no laboratório Heréditas, especializado em análises de DNA.

Foram utilizados 13 primers microssatélites na genotipagem dos indivíduos (Tabela 5). Sete destes 13 locos eram específicos para *Plinia sp.*, selecionados dos 10 locos utilizados por Salla *et al.* (2019). Três marcadores não apresentaram amplificação adequada nas condições testadas e foram substituídos e acrescidos por seis marcadores transferidos de *Eucalyptus sp.* (JONES *et al.*, 2001; FARIA *et al.*, 2010; BRONDANI *et al.*, 2006; GRATTAPAGLIA *et al.*, 2015). Para isso foram avaliados 40 marcadores da série EMBRA, selecionados os seis marcadores que apresentaram amplificação robusta e bom nível de polimorfismo.

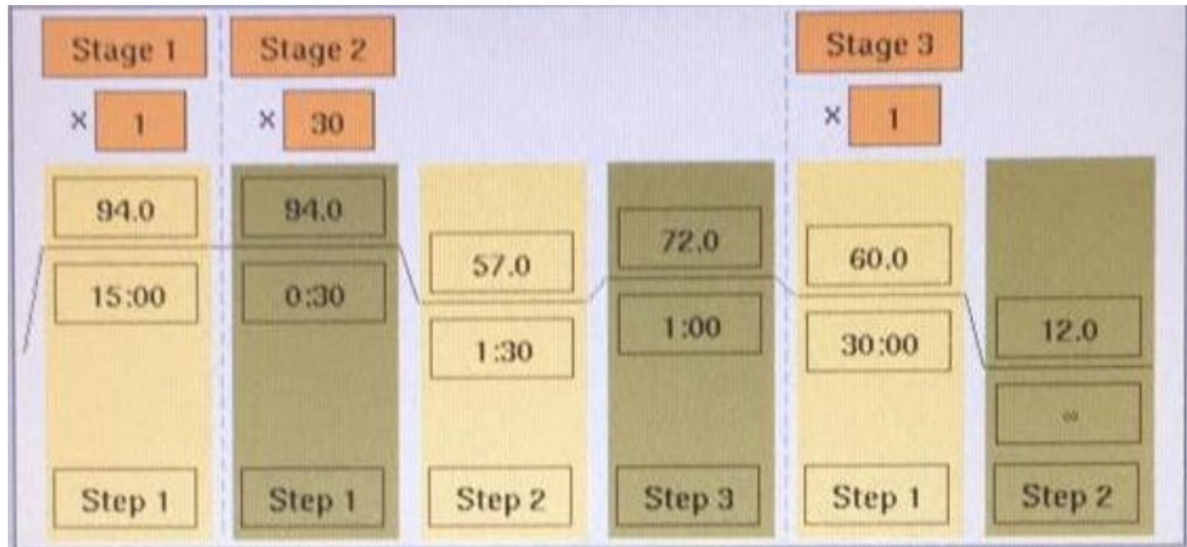
Tabela 5 - Locos microssatélites usados para genotipagem de jaboticabeiras

Locos	Marcação	Faixa de tamanho dos alelos (pb)*	Sequência 5' – 3'	Referência
Pli02	6-FAM	152-186	F: CATCGGCTTACGCTTCTTTC R:CTCGCTCGCTCTCTCAATCT	Salla, 2019
Pli12	6-FAM	177-183	F: CAACCTGCCACGTAGTTCAA R:TGGGAGAGGACTGTGAAACC	Salla, 2019
EMBRA2002	6-FAM	221-225	F: CGTGATACCCGTGATGTACG R: ATCAAACCCTGAAGCACCAC	Faria <i>et al.</i> , 2010
Pli01	VIC	150-156	F:GAGAGCCGCGAAATTAACAG R: ATGCGTTCAGCGACCATAG	Salla, 2019
EMCRC35	VIC	169-199	F: AACTGGCACTTGTGAGGA R: AAGAACACAAATCAGGAGGTACAA	Jones <i>et al.</i> , 2001
EMBRA72	NED	124-130	F:CTGGTCAACGTCCGAAAG R:ATGCTGCAGAGGGCATAA	Brondani <i>et al.</i> , 2006
Pli16	6-FAM	152-204	F: TCGATTATTTGAAGCCAGA R:TTCCTCGCCCTTAACTCTGT	Salla, 2019
Pli10	6-FAM	232-250	F: TGGCTGAGGTTTACTCGTGA R: AACGAAAGATGAGGCACTGA	Salla, 2019
EMBRA1071	6-FAM	272-276	F:CAACTGTTATTGAGAATGTATCGAA R:AACCTTACCTGCACCCCTCCT	Grattapaglia <i>et al.</i> , 2015
EMBRA1310	6-FAM	372-392	F:TCTCGCCTCTTGAGCCTCTTC R:CACATCCAAGCCTCACTCAA	Grattapaglia <i>et al.</i> , 2015
EMBRA1102	VIC	118-154	F:GCCTTGGCTTTCTTCTCCTTC R:C metaAAGGGTCTTGTGGGTA	Grattapaglia <i>et al.</i> , 2015
Pli15	VIC	145-187	F: GCCGTCTCCTACACCAGATT R:CTGTATGTTGATGTCGGTGCT	Salla, 2019
Pli18	NED	187-223	F: CTCCTCATCGCTCACTCTCC R:CACCCTCAAGCAACCTACCA	Salla, 2019

Fonte: Autoria própria (2023)

Foram utilizadas três fluorescências para a marcação: 6-FAM (azul), VIC (verde) e NED (amarelo). O protocolo utilizado para PCR, eletroforese em sequenciador automático ABI3100XL, e análise de dados seguiu o protocolo descrito em Faria *et al.* (2010) com a diferença que a temperatura de anelamento foi de 57 °C (Figura 4).

Figura 4 - Programa de PCR utilizado



Fonte: Autoria própria (2023)

4.3 Análise da diversidade genética

O teste para detectar possíveis desvios no Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) foi realizado usando o software GeneAlex versão 6.5.2 (PEAKALL; SMOUSE, 2006). Os parâmetros de diversidade genética incluindo número de alelos por locos (N_a), alelos exclusivos (alelos detectados em apenas uma população), alelos raros ($p < 0,05$), alelos de baixa frequência ($0,05 > p < 0,25$), alelos de alta frequência ($p > 0,25$), heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e) (NEI; ROYCHOUDHURY, 1974) e índice de fixação (f) foram calculados para cada população amostrada com o software GeneAlex (PEAKALL; SMOUSE, 2006). O intervalo de confiança a 95% para as variáveis foi obtido por 1000 re-amostragens "boots-trap" sobre os locos.

Para estimar a heterozigosidade esperada utilizou-se a equação $H_e = 1 - \sum p_i^2$, onde, p_j é a estimativa da frequência do i -ésimo alelo.

A equação para estimar a heterozigosidade observada foi: $H_o = \frac{n_{ij}}{l}$, em que n_{ij} é o número de indivíduos heterozigotos e l é o número total de indivíduos.

O índice de fixação foi estimado por: $f = 1 - \frac{H_o}{H_e}$.

A presença de alelos nulos e a interferência nas frequências alélicas foi verificada usando os programas Micro-Checker (VAN OOSTERHOUT *et al.*, 2004) e

ML-NullFreq (KALINOWSKI; TAPER, 2006). Como cada programa implementou algoritmos diferentes para detectar alelos nulos nos dados, onde considerou-se os locos com frequências estimadas de alelos nulos $> 5\%$ ou valor de $p < 5\%$ como contendo alelos nulos.

Para a diferenciação das populações (divergência genética) foi aplicada a análise de variância molecular (AMOVA) para quantificar a proporção de variação genética em níveis hierárquicos, devido a diferenças entre regiões/Estados, coleções plantadas, populações nativas, progênies, e dentro das populações, usando o software Genalex versão 6.5.2 (PEAKALL; SMOUSE, 2006).

Para entender a estrutura populacional dos indivíduos de jaboticabeira em um gráfico bidimensional, a análise de coordenadas principais (PCoA) foi realizada usando GeneAlex versão 6.5.2 (PEAKALL; SMOUSE, 2006). A existência de estrutura genética populacional foi definida pela abordagem Bayesiana de agrupamento para os 512 indivíduos foi realizada usando o software Structure 3.4.3 (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000) com 10.000 burn-in e 100.000 iterações de Monte Carlo da Cadeia de Markov. Para identificar o número de agrupamentos (K) que melhor explica os dados genéticos, foi utilizada a taxa de mudança (ΔK) de $L(K)$ entre sucessivos valores de K (2 a 10) de acordo com Evanno; Regnaut; Goudet, (2005) usando Structure Harvester (EARL; VON HOLDT, 2012).

A estrutura genética foi analisada usando a abordagem de análise de Coordenadas Principais (PCoA). Para apoiar a análise de PcoA foi realizada outra análise de agrupamento baseada em modelo bayesiano, usando o software Structure.

4.4 Análise do sistema de reprodução por marcadores moleculares

Para definir o sistema de reprodução, os dados de frequência alélica foram analisados de forma hierárquica por jaboticabeira matriz, fruto e semente, utilizando o programa MLTR v.3.4 (RITLAND, 2002), para estimar: taxa de cruzamento multilocus (t_m) e unilocus (t_s), e taxa de cruzamentos entre indivíduos parentes ($t_m - t_s$). O intervalo de confiança dos parâmetros a 95% foi calculado baseado com 1.000 re-amostragens *bootstraps* entre indivíduos dentro de 13 progênies.

O software Cervus v.3.0.7 foi usado para obter informações sobre os locos e sua adequação para análise de parentesco, sendo calculado os parâmetros, número de alelos por locos (N_a), a heterozigosidade observada e esperada (H_o e H_e), a

frequência de alelos nulos (F-null), o valor do conteúdo de informação polimórfica (PIC), e desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE). Também foram realizados testes de inclusão/exclusão de paternidade, considerando todas progênies (n=144) e os genitores candidatos (n=4). O programa também forneceu estimativas das frequências alélicas de pólen e óvulo.

A determinação do genótipo materno foi realizada a partir da segregação de suas progênies, com base no genótipo parental mais provável, segundo o método de Brown e Allard (1970), utilizando o programa MLTR (RITLAND, 1997).

5 RESULTADOS

5.1 Caracterização dos locos microssatélites

Os 13 locos polimórficos apresentaram total de 108 alelos, variando de dois para EM0072 a 17 para EM1310, com média de 8,3 alelos por loco. A heterozigosidade observada (H_o) variou entre 0,039 para EM0072 e 0,980 para EM1102 com média de 0,481, sendo maior que a heterozigosidade esperada ($H_e = 0,363$). H_o e H_e tiveram menores valores para os locos com baixo número de alelos e maiores valores para os locos com alto número de alelos. O índice de fixação negativo ($f = -0,269$) sugere heterozigosidade dos indivíduos analisados. Apenas os marcadores EM2002 e EM0072 não apresentaram desvio significativo ($P < 0,05$) para o equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) (Tabela 6).

Tabela 6 - Caracterização dos 13 locos microssatélites utilizados

Locos	n	A	H_o	H_e	EHW	f
EM2002	512	3	0,164 (0,05)	0,118 (0,04)	NS	-0,256* (0,05)
EM0072	512	2	0,039 (0,02)	0,031 (0,02)	NS	-0,125* (0,03)
EMC035	510	12	0,971 (0,01)	0,575 (0,02)	***	-0,756* (0,08)
Pli001	511	6	0,861 (0,05)	0,548 (0,01)	***	-0,614* (0,11)
Pli002	496	6	0,171 (0,06)	0,180 (0,05)	***	0,098 (0,14)
Pli012	489	6	0,219 (0,06)	0,293 (0,07)	***	0,302 (0,11)
EM1071	456	5	0,533 (0,05)	0,500 (0,02)	***	-0,077* (0,10)
EM1102	512	15	0,980 (0,00)	0,597 (0,03)	***	-0,719* (0,08)
EM1310	473	17	0,947 (0,02)	0,633 (0,03)	***	-0,579* (0,09)
Pli010	508	5	0,784 (0,06)	0,512 (0,02)	***	-0,545* (0,13)
Pli015	509	6	0,140 (0,05)	0,124 (0,04)	***	-0,075* (0,06)
Pli016	491	13	0,174 (0,05)	0,237 (0,07)	***	0,290 (0,05)
Pli018	483	12	0,274 (0,08)	0,293 (0,07)	***	0,099 (0,14)
Média	497	8,3	0,481 (0,02)	0,363 (0,01)		-0,348 (0,03)

N: amostragem; **A:** número de alelos por loco; **H_o :** heterozigosidade observada; **H_e :** heterozigosidade esperada; **EHW=**Equilíbrio de Hardy-Weinberg; **NS=**Não Significativo; * **f:** Índice de fixação. Significativo*** $p < 0,05$. . Valores apresentados em média e desvio padrão.
Fonte: Autoria própria (2023)

A análise de alelos nulos pelo Microchecker e ML-Null mostrou evidências de alelos nulos para os marcadores Pli02, Pli12 e Pli16 (Tabela 7). Foram identificados dois alelos nulos para o Pli02 (158 e 180), um alelo nulo em Pli12 (177) e cinco alelos nulos em Pli16 (141; 150; 158; 174; 178).

Tabela 7 - Presença de alelos nulos utilizando programa Microchecker e identificação dos alelos nulos pelo programa ML-Null

Locos	Presença de alelos nulos	Alelos nulos
EMBRA2002	Não	
EMBRA72	Não	
EMCRC35	Não	
Pli01	Não	
Pli02	Sim	158; 180
Pli12	Sim	177
EMBRA1071	Não	
EMBRA1102	Não	
EMBRA1310	Não	
Pli10	Não	
Pli15	Não	
Pli16	Sim	141; 150; 158; 174; 178
Pli18	Não	

Fonte: Autoria própria (2023)

A taxa de alelos nulos estimada pelo programa ML-Null foi de 15,0%, 6,70% e 0,46% para as populações nativas nos marcadores Pli02, Pli12 e Pli16, respectivamente. Para as coleções plantadas, as taxas foram 10,6%, 20,5% e 21,7% nos marcadores Pli02, Pli12 e Pli16, respectivamente. E para as progênies os marcadores Pli02, Pli12 e Pli16 apresentaram taxas de 23,1%, 25,8% e 0,09%, respectivamente (Tabela 8).

Tabela 8 - Frequência de alelos nulos estimada pelo programa ML-NUL de acordo com o tipo de amostra

Locos	Tipo de amostra					
	Naturais		Plantadas		Progênies	
	K	% Alelos Nulos	K	% Alelos Nulos	K	% Alelos Nulos
EMBRA2002	3	-	2	-	2	-
EMBRA72	1	-	2	-	1	-
EMCRC35	5	-	10	-	7	-
Pli01	6	-	5	-	5	-
Pli02	4	15,0	5	10,6	3	23,1
Pli12	6	6,70	6	20,5	5	25,8
EMBRA1071	5	-	4	-	4	-
EMBRA1102	7	-	16	-	9	-
EMBRA1310	9	-	16	-	5	-
Pli10	4	-	4	-	3	-
Pli15	1	-	6	-	2	-
Pli16	4	0,46	14	21,7	6	0,09
Pli18	5	-	12	-	6	-

Fonte: Autoria própria (2023)

5.2 Análise da diversidade genética e estrutura populacional de jaboticabeiras

A análise da diversidade genética utilizando 13 locos microssatélites revelou 108 alelos em 512 indivíduos de 20 populações de jaboticabeiras. A população plantada de Dois Vizinhos, PR apresentou o maior número de alelos (83) e as populações naturais de Pato Branco, PR e Clevelândia, PR o menor número de alelos, com 20 cada. O número efetivo de alelos por loco variou de 1,42 (Pato Branco, PR) a 3,56 (Seara, SC), com média geral de 1,98 alelos por loco (Tabela 9).

Os valores de heterozigosidade observada (H_o) foram maiores que 0,398 em todas as populações (Tabela 9). Nas populações naturais os valores de H_o foram maiores do que os valores de heterozigosidade esperada (H_e) (Tabela 9). Esses resultados sugerem excesso de heterozigotos em relação às expectativas de equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Os índices de fixação (f) foram negativos em todas as populações naturais, indicando excesso de heterozigotos. Enquanto que as coleções plantadas de Seara, SC, Dois Vizinhos, PR e Pato Branco, PR quintais apresentaram coeficientes positivos, indicando deficiência de heterozigotos (Tabela 9).

Tabela 9 - Índices de diversidade genética de indivíduos de vinte populações de jaboticabeiras nativas e plantadas no Brasil, para treze Locos (SSR)

População	n	A	exc	A_e	H_o	H_e	f
Iporã do Oeste, SC	21	22	0	1,62 (0,14)	0,575 (0,13)	0,308 (0,07)	-0,867* (0,06)
Descanso, SC	19	22	0	1,64 (0,15)	0,595 (0,13)	0,313 (0,07)	-0,905* (0,05)
Chapecó, SC	26	35	0	1,68 (0,18)	0,423 (0,12)	0,309 (0,07)	-0,128* (0,17)
Passo Fundo, RS	25	22	0	1,52 (0,17)	0,431 (0,13)	0,242 (0,07)	-0,814* (0,11)
Passo Fundo, RS 2	20	21	0	1,53 (0,17)	0,415 (0,13)	0,244 (0,07)	-0,722* (0,14)
Barracão, PR	25	21	0	1,44 (0,14)	0,398 (0,13)	0,226 (0,07)	-0,736* (0,16)
Derrubadas, RS	26	22	0	1,51 (0,16)	0,451 (0,14)	0,241 (0,07)	-0,880* (0,05)
Jaboticaba, RS	25	23	0	1,50 (0,15)	0,449 (0,14)	0,240 (0,07)	-0,876* (0,04)
Tibagi, PR	25	29	2	1,56 (0,16)	0,417(0,13)	0,270 (0,07)	-0,204*(0,20)
Imbituva, PR	25	42	4	2,31 (0,30)	0,530 (0,12)	0,456 (0,07)	-0,187* (0,19)
Pato Branco, PR	20	20	0	1,42 (0,13)	0,408 (0,13)	0,219 (0,06)	-0,814* (0,12)
Vitorino, PR	20	22	0	1,47 (0,15)	0,422 (0,13)	0,232 (0,07)	-0,800* (0,07)
Clevelândia, PR	20	20	1	1,46 (0,14)	0,412 (0,13)	0,231(0,07)	-0,770* (0,13)
Chopinzinho, PR	32	23	0	1,50 (0,16)	0,448 (0,14)	0,240 (0,07)	-0,874* (0,04)
Quilombo, SC	28	43	2	2,49 (0,28)	0,659 (0,06)	0,547 (0,04)	-0,214* (0,07)
Jaboticaba, RS	30	53	0	2,57 (0,30)	0,564 (0,08)	0,544 (0,05)	-0,044* (0,11)
Seara, SC	46	72	4	3,56 (0,62)	0,530 (0,06)	0,607 (0,06)	0,098 (0,06)
Viçosa, MG	20	57	1	2,71 (0,38)	0,600 (0,09)	0,540 (0,06)	-0,102* (0,10)
Dois Vizinhos, PR	50	83	8	3,17 (0,50)	0,410 (0,08)	0,554 (0,07)	0,242 (0,08)
Pato Branco, PR Quintais	9	51	0	2,97 (0,41)	0,480 (0,09)	0,564 (0,06)	0,154 (0,10)

Média	25,6	35,15	1,1	1,98 (0,07)	0,480 (0,02)	0,356 (0,01)	-0,472 (0,10)
Total	512	108	22				

Tamanho da amostra (n), Número de alelos (A), alelos exclusivos (exc) número efetivo de alelos por Locos (A_e), heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e) e Índice de fixação (f). Significativo* p <0,05; ns: não significativo. Valores apresentados em média e desvio padrão. Fonte: Autoria própria (2023)

Dentre os 108 alelos detectados, 22 eram exclusivos a uma das populações, sendo que 15 alelos foram encontrados em coleções plantadas e sete alelos exclusivos em populações naturais. Dentre as coleções plantadas, a de Dois Vizinhos, PR e de Seara, SC apresentaram maior número de indivíduos portadores de alelos exclusivos (oito e quatro, respectivamente). Dentre as populações naturais o maior número foi observado em Imbituva, PR e Tibagi, PR (quatro e dois, respectivamente) (Tabela 10). De forma geral, as populações naturais apresentaram maiores proporções de alelos de alta frequência e alelos fixados, possivelmente devido ao baixo número de alelos. Enquanto nas coleções plantadas foi observado maior proporção de alelos de média frequência (Apêndice C).

Nas populações de Tibagi e Viçosa os alelos exclusivos tinham baixa frequência (variando de 0,020 a 0,025), sugerindo serem alelos novos na população ou que estão sendo eliminados. Enquanto nas demais populações havia, no mínimo um alelo com frequência média ou alta (>0,03), indicando seleção favorável a eles (Tabela 10).

Tabela 10 - Porcentagem de frequências de alelos exclusivos em populações de jaboticabeiras nativas e plantadas

Locos	Alelos	Populações naturais				Coleções plantadas		
		Tib	Imb	Clev	DV	Sea	Quil	VIC
EM2002	227	0,020	0	0	0	0	0	0
	179	0	0	0	0	0	0	0,025
	185	0,021	0	0	0	0	0	0
EMC035	187	0	0	0	0,010	0	0	0
	199	0	0	0	0	0,011	0	0
	201	0	0,021	0	0	0	0	0
Pli001	168	0	0	0,050	0	0	0	0
Pli002	158	0	0	0	0,010	0	0	0
	167	0	0	0	0	0,1	0	0
	180	0	0,045	0	0	0	0	0
EM1102	156	0	0	0	0	0	0,018	0
	162	0	0	0	0,020	0	0	0
EM1310	364	0	0	0	0,265	0	0	0
	366	0	0,045	0	0	0	0	0
	368	0	0	0	0,010	0	0	0
	382	0	0	0	0,010	0	0	0
Pli010	250	0	0,021	0	0	0	0	0
Pli016	150	0	0	0	0,010	0	0	0
	158	0	0	0	0	0	0,071	0

	211	0	0	0	0	0,033	0	0
Pli 18	222	0	0	0	0,056	0	0	0
	227	0	0	0	0	0,011	0	0
Total		2	4	1	8	4	2	1

O resultado da análise de variância molecular (AMOVA) mostrou que independente da forma de contraste entre as populações a maior variância genética total originou-se de indivíduos (Tabela 11). O índice de variação entre as coleções plantadas x nativas apresentou 17% de variância genética. Porém, ao analisar individualmente as populações, as de origem nativa apresentaram 2,0% de variação e as plantadas 10%, sugerindo que estas últimas apresentam maior diferenciação genética e as populações naturais apresentam baixa variabilidade genética entre si (Tabela 11).

Tabela 11 - Resumo da análise da variância molecular (AMOVA), mostrando a variação genética para vinte populações de jaboticabeiras, com uso de treze locos microssatélites

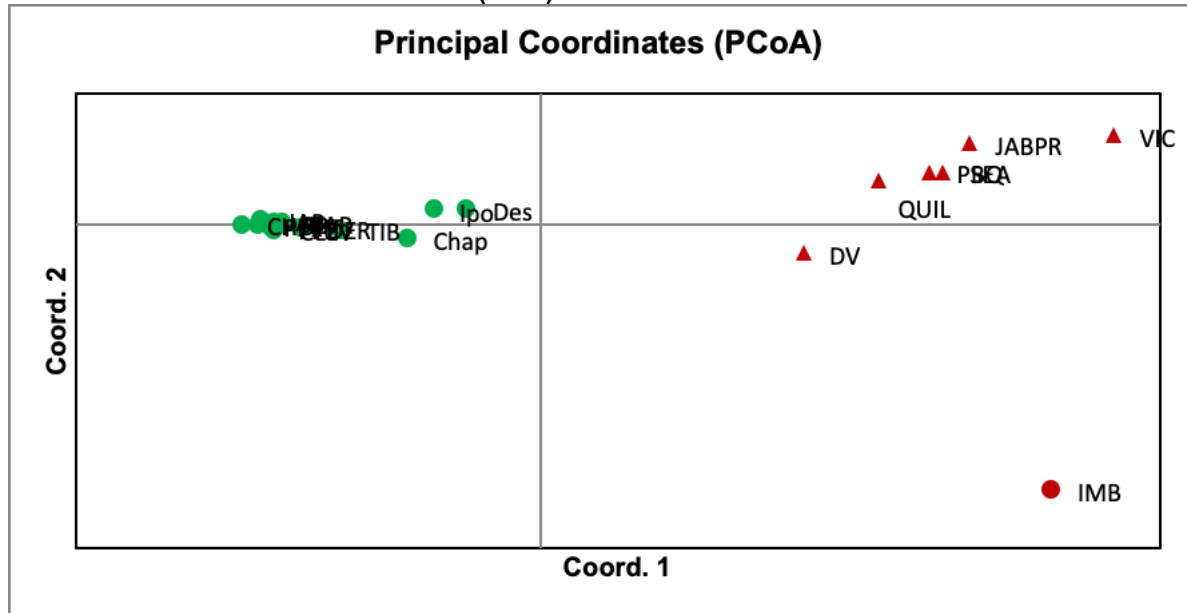
Fonte de Variação	GL	Var. C^a	Variação
Entre Estados	3	0,353	9,0%
Entre as populações dentro dos Estados	16	0,368	10,0%
Entre indivíduos dentro das populações	492	0,000	0,0%
Dentro dos indivíduos	512	3,020	81,0%
Total	1023	3,741	100%
Entre as populações nativas x plantadas	1	0,617	17,0%
Entre indivíduos dentro das populações	410	0,000	0,0%
Dentro dos indivíduos	512	3,020	83,0%
Total	1023	3,637	100%
Entre as gerações adultas x progênies	1	0,170	5,0%
Entre indivíduos dentro das populações	654	0,000	0,0%
Dentro dos indivíduos	656	2,982	95,0%
Total	1311	3,153	100%
Entre as populações nativas	2	0,072	2,0%
Entre indivíduos dentro das populações	326	0,000	0,0%
Dentro dos indivíduos	329	2,809	98,0%
Total	657	2,880	100%
Entre as coleções plantadas	5	0,404	10,0%
Entre indivíduos dentro das populações	177	0,379	9,0%
Dentro dos indivíduos	183	3,399	81,0%
Total	365	4,182	100%

Graus de Liberdade (GL), Variância dos Componentes (Var.C^a). Fonte: Autoria própria (2023)

Os 512 indivíduos das 20 populações foram agrupados em apenas dois grupos (Figura 5). No primeiro grupo estão agrupadas as populações naturais, exceto

a de Imbituva. O outro grupo menor estão as coleções plantadas e a população natural de Imbituva, está localizado no lado direito do gráfico.

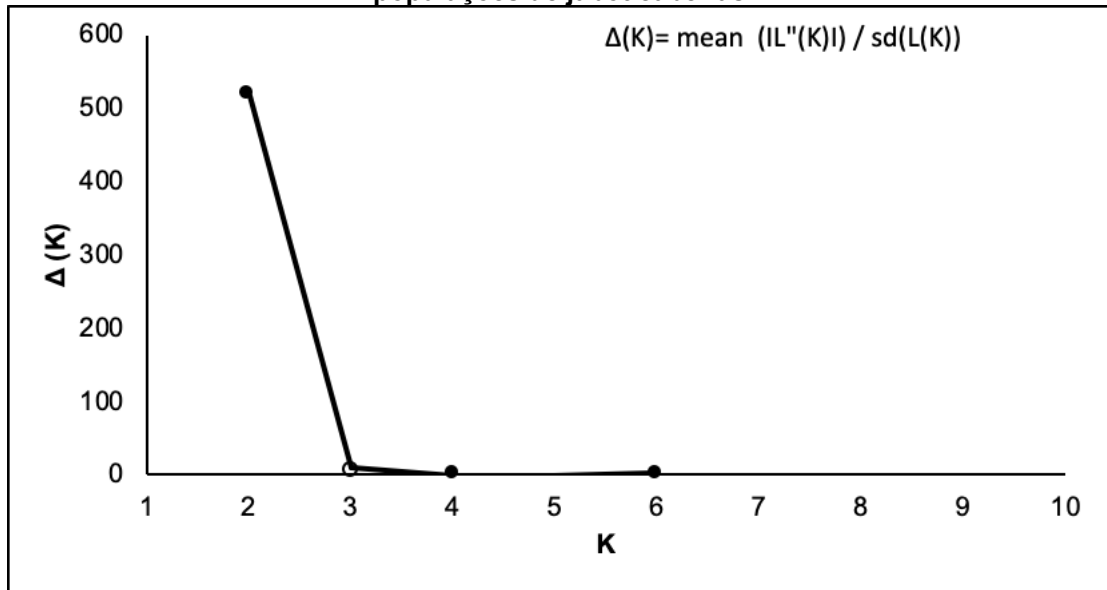
Figura 5 - Análise de coordenadas principais de vinte populações de jaboticabeira, utilizando a Distância de Nei (1978) como medida de similaridade



Círculos representam populações naturais e triângulos representam coleções plantadas. Cores vermelha e verde representam agrupamentos gerados pelo software Structure. O eixo um respondeu por 56,6% da variação dos dados, e o eixo dois 15,1% da variação. Fonte: Autoria própria (2023).

A análise de agrupamento baseada em modelo bayesiano produziu grupos semelhantes, corroborando e confirmando os resultados da PcoA, em que agrupou as 20 populações em dois grupos principais ($K = 2$) de acordo com o maior valor de ΔK (517) (Figura 6).

Figura 6 - Números de grupos apropriados (k) produzidos de acordo com o método proposto por Evanno; Regnaut; Goudet, (2005) utilizando o programa Structure Harvester para vinte populações de jaboticabeiras



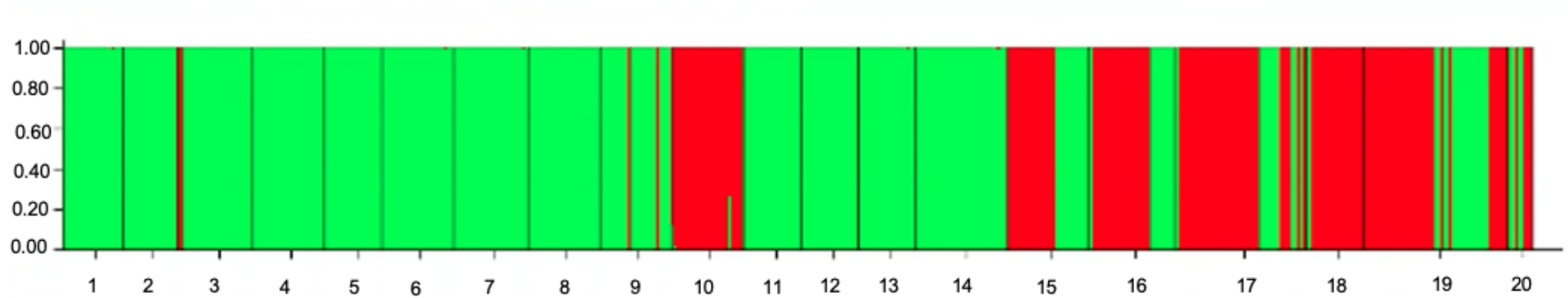
O maior valor de ΔK corresponde ao K ótimo como proposto por Evanno; Regnaut; Goudet, (2005). Fonte: Autoria própria (2023)

O padrão de agrupamento produzido pela análise mostrou que a maioria das populações (naturais) está agrupada no cluster I (verde), e menor número de populações (plantadas) estão agrupados no cluster II (vermelho) (Figura 7).

Este padrão de agrupamento está de acordo com os resultados do PcoA, uma vez que os mesmos genótipos foram agrupados nos mesmos clusters com agrupamento baseado em modelo Bayesiano e com PcoA (Figuras 5 e 7). As populações do grupo I (verde) foram localizadas no canto esquerdo do PcoA, enquanto os indivíduos do grupo II (vermelho) no lado direito do PcoA (Figura 5). Com isso, os dois métodos de agrupamento produziram padrões de agrupamento semelhantes neste estudo.

Mesmo que o número adequado de clusters definidos com base neste método foi $k=2$, algumas populações apresentaram alguns indivíduos com composição genética de mistura dos dois grupos, principalmente as plantadas de Dois Vizinhos, PR, Quilombo, SC e Jaboticaba, RS (Figura 7).

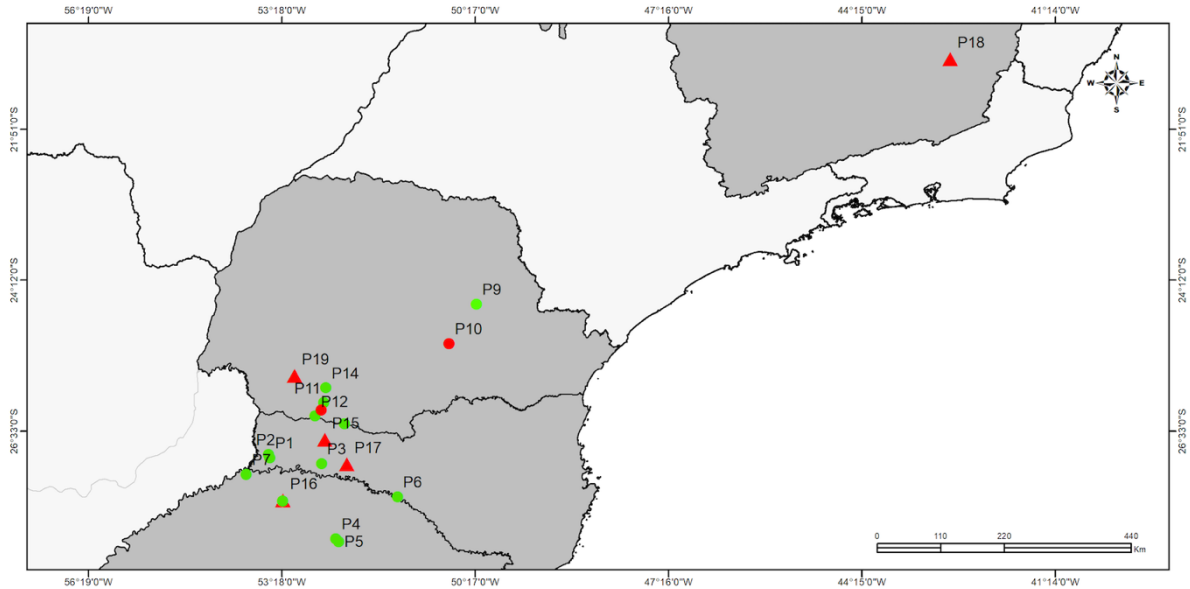
Figura 7 - Estrutura genética de populações de jaboticabeira segundo análise Bayesiana de agrupamento implementada pelo software Structure para K = 2



Amostras classificadas por população: 1= Iporã do Oeste/SC, 2= Descanso/SC, 3= Chapecó/SC, 4= Passo Fundo/RS, 5 = Passo Fundo/RS2, 6= Barracão/PR, 7= Derrubadas/RS, 8=Jaboticaba/RS, 9=Tibagi/PR; 10=Imbituva/PR, 11= Pato Branco/PR, 12=Vitorino/PR, 13=Clevelândia/PR, 14=Chopinzinho/PR, 15=Quilombo/SC, 16=Jaboticaba/RS, 17=Seara/SC, 18=Viçosa/MG, 19=Dois Vizinhos/PR, 20= Quintais Pato Branco/PR. Cada grupo é representado por uma cor e cada indivíduo por uma barra vertical. Fonte: Autoria própria (2023)

É possível observar que a distância geográfica não se relacionou com a distância genética entre os genótipos, sendo que populações distantes geograficamente ficaram agrupadas geneticamente no mesmo cluster (Figura 8).

Figura 8 - Distribuição geográfica das populações de jaboticabeiras e distribuição de acordo com PcoA e análise Bayesiana de agrupamento



Círculos representam populações naturais e triângulos representam coleções plantadas. Cores vermelha e verde representam agrupamentos gerados pelo software Structure. Fonte: Autoria própria (2023)

Dentre os 25 genótipos com troncos fundidos provenientes da população de Chopinzinho, 18 (72%) apresentaram compatibilidade entre as duas plantas em todos os locos analisados. Em contrapartida, cinco genótipos apresentaram um mismatch e dois genótipos apresentaram dois mismatches. Os mismatches ocorreram nos locos EMBRA1310, EMBRA1102 e EMBRA1071 (Tabela 12). Vale destacar que dentre os mismatches detectados, três apresentaram dois pares de bases de diferença e três apresentaram quatro pares de bases de diferença entre os alelos, o que pode ser decorrente da interpretação da genotipagem.

Tabela 12 - Presença de mismatch nos genótipos com dois troncos fundidos

Genótipos	Mismatch	Locos	Alelo 1	Alelo 2	Bases de diferença
1	1	EMBRA1310	374398	374396	2
2	1	EMBRA1102	125131	127131	2000
3	0				
4	0				
5	0				
6	0				
7	0				
8	0				
9	0				

10	1	EMBRA1310	374396	376396	2000
11	0				
12	0				
13	0				
14	0				
15	0				
16	0				
17	0				
18	2	EMBRA1071	272276	272276	4
		EMBRA1310	374396	374396	2
19	1	EMBRA1071	270272	272272	2000
20	0				
21	0				
22	2	EMBRA1071;	272272	272276	4
		EMBRA1310	374398	374396	2
23	0				
24	0				
25	1	EMBRA1071	272272	272276	4

Fonte: Autoria própria (2023)

5.3 Análise do sistema de reprodução de jaboticabeiras

A estimativa para identificação dos genótipos maternos foi eficiente, com 95% das progênies não apresentando mismatch, fato ocorrido em apenas 5%. Os resultados sugerem que a jaboticabeira é espécie de reprodução mista, uma vez que na amostra analisada, 65,7% das plantas foram originadas por autofecundação e 34,3% por cruzamentos, destes 80,4% entre indivíduos não aparentados. O valor da taxa de cruzamento entre parentes negativo sugere ausência de cruzamentos endogâmicos (Tabela 13).

Tabela 13- Estimativas dos parâmetros associados ao sistema de reprodução de 144 progênies de jaboticabeiras

Parâmetro	Estimativas
Taxa de cruzamento multiloco: t_m	0,343
Taxa de cruzamento uniloco: t_s	0,804
Taxa de cruzamento entre parentes: $t_m - t_s$	-0,461
Taxa de autofecundação ($s = 1 - t_m$)	0,657

Fonte: Autoria própria (2023)

Nas 144 jaboticabeiras de 13 progênies avaliadas, detectou-se média de 5,7 alelos, variando de um (microsatélite EMBRA72) a 10 (EMBRA1310). A heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) e o valor do conteúdo de informação polimórfica (PIC) apresentaram valores médios de 0,293; 0,283 e 0,234, respectivamente (Tabela 14). As análises de parentesco mostraram que a probabilidade de não exclusão para identificação de um dos genitores de 0,36, para identificar o segundo progenitor conhecendo o primeiro foi de 0,145, para identificar

os dois genitores foi 0,039, para diferenciar indivíduos foi de 0,0003 e para identificar irmãos completos foi de 0,019.

Tabela 14 - Estimativas de diversidade independentes para os testes de paternidade para todo o conjunto de genótipos testados (n=144)

Locos	\hat{A}	H_o	H_e	PIC	Probabilidade de não-exclusão					EWH	F(Null)
					Primeiro progenitor	Segundo progenitor	Par de progenitores	Identidade individual	Identidade de irmão completo		
EMBRA2002	3	0,017	0,016	0,016	1,000	0,992	0,984	0,967	0,984	NS	-0,0006
EMBRA72	1	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	NS	-
EMCRC35	8	0,998	0,536	0,427	0,856	0,766	0,649	0,324	0,563	NS	-0,3121
Pli01	6	0,983	0,545	0,441	0,850	0,754	0,630	0,311	0,556	NS	-0,3025
Pli02	4	0,024	0,053	0,052	0,999	0,973	0,948	0,898	0,948	NS	0,2977
Pli12	6	0,083	0,111	0,11	0,994	0,942	0,888	0,791	0,892	NS	0,1793
EMBRA1071	5	0,667	0,561	0,466	0,841	0,731	0,597	0,288	0,542	***	-0,1001
EMBRA1102	9	0,998	0,548	0,445	0,848	0,749	0,623	0,307	0,553	NS	-0,3037
EMBRA1310	10	0,984	0,577	0,486	0,828	0,710	0,567	0,269	0,529	NS	-0,2827
Pli10	5	0,969	0,514	0,395	0,868	0,795	0,692	0,355	0,582	NS	-0,3146
Pli15	4	0,004	0,006	0,006	1,000	0,997	0,994	0,988	0,994	NS	0,1328
Pli16	7	0,024	0,110	0,106	0,994	0,945	0,895	0,796	0,894	NS	0,5884
Pli18	6	0,083	0,098	0,095	0,995	0,952	0,909	0,817	0,905	NS	0,1093
Média	5,7	0,449	0,283	0,234	0,365	0,145	0,039	0,0003	0,019		-0,015

Número de alelos (\hat{A}); heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e); PIC= conteúdo de informação polimórfica; EWH= significância para o desvio no equilíbrio de Hardy-Weinberg: * significativo ao nível de 0.001%; F(null)= probabilidade de ocorrência de alelos nulos. Fonte: Autoria própria (2023)**

As frequências alélicas do pólen e do óvulo foram homogêneas em todos os locos, indicando que as jaboticabeiras floridas contribuíram igualmente para a reprodução através do pólen e dos óvulos, reforçando a ocorrência do modelo de reprodução misto (Tabela 15).

Tabela 15 - Frequências alélicas nos óvulos e pólen

Locos	Alelos	Pólen	Óvulo
EMBRA2002	221	0,987 (0,003)	0,987 (0,003)
EMBRA72	125	1,000 (0,000)	1,000 (0,000)
EMCRC35	169	0,944 (0,004)	0,944 (0,004)
	177	0,037 (0,000)	0,037 (0,000)
Pli 01	150	0,096 (0,000)	0,096 (0,000)
	154	0,857 (0,000)	0,857 (0,000)
Pli02	156	0,961 (0,002)	0,961 (0,002)
Pli12	179	0,914 (0,000)	0,914 (0,000)
EMBRA1071	270	0,239 (0,001)	0,239 (0,001)
	272	0,640 (0,000)	0,640 (0,000)
	276	0,101 (0,000)	0,101 (0,000)
EMBRA1102	125	0,005 (0,000)	0,005 (0,000)
	127	0,047 (0,000)	0,047 (0,000)
	131	0,905 (0,000)	0,905 (0,000)
EMBRA1310	366	0,026 (0,000)	0,026 (0,000)
	374	0,831 (0,002)	0,831 (0,002)
	396	0,090 (0,000)	0,090 (0,000)
Pli10	239	0,059 (0,000)	0,059 (0,000)
	247	0,910 (0,005)	0,910 (0,005)
Pli15	147	0,993 (0,002)	0,993 (0,002)
Pli16	156	0,914 (0,000)	0,914 (0,000)
Pli18	188	0,972 (0,004)	0,972 (0,004)

Fonte: Autoria própria (2023)

6 DISCUSSÃO

6.1 Diversidade genética e estrutura populacional de jaboticabeiras nativas e plantadas

As populações de jaboticabeiras amostradas no presente trabalho englobaram diferentes tipos, o que se apresenta como uma limitação, pois isso pode influenciar nos índices da variabilidade genética. Embora durante a amostragem tenha sido priorizadas populações naturais e plantadas localizadas em diferentes regiões de ocorrência natural e plantio da espécie (Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná), com os marcadores utilizados não foi possível verificar diferenças genéticas significativas entre as populações naturais (exceto a de Imbutiva, PR). Uma justificativa para isso é que os marcadores utilizados não foram suficientes para explorar toda variabilidade existentes entre essas populações.

A partir dos agrupamentos genéticos formados, notou-se que todas populações naturais (exceto a de Imbutiva, PR) eram geneticamente semelhantes e compartilham alelos em comum. A população de Imbituva apresentou maior diferenciação das demais, sugerindo maior distinção de seus genótipos. Essa população apresentava características únicas e diferente das demais nativas, com tronco tortuoso e frutos com pedúnculo comprido, sendo possivelmente exemplares da espécie *Plinia trunciflora*.

Levando-se em consideração que as populações naturais se encontram geograficamente distantes, um fluxo gênico natural a tal distância não poderia ser possível. Assim, uma justificativa para a semelhança genética é que as populações naturais foram estabelecidas a partir de indivíduos de origem geneticamente semelhantes, ou seja, a partir de poucas populações originais, ou ainda a partir de pequeno número de genótipos fundadores. Uma hipótese para isso é que a distribuição da jaboticabeira tenha sido influenciada por ações antropogênicas, por meio de plantios realizados por populações indígenas e/ou caboclos locais. Os fatores que apoiam essa hipótese são: (1) registros da influência de populações indígenas na dispersão e distribuição de outras espécies, *Araucaria angustifolia* no Sul do Brasil, por exemplo (WENDLING; ZANETTE, 2017). Logo, se a exemplo da araucária, essas populações indígenas consumiam frutos de jaboticabeiras, poderiam levá-los consigo de seus locais de origem para novas localizações, formando novos jaboticabais; (2) registros da presença de populações indígenas em locais onde foram coletadas as

amostras (WACHOWICZ, 1983). Em estudo recente sobre a diversidade e estrutura genética populacional da espécie no sudoeste do Paraná foi sugerido que os jaboticabais nativos possam ter sido formados por árvores remanescentes de roças indígenas devido à alta densidade populacional nas áreas amostradas (SALLA, 2019), reforçando a hipótese apresentada no presente trabalho. Sendo assim, os resultados sugerem que as atividades humanas, por meio da dispersão de sementes, provavelmente tiveram uma influência mais positiva na distribuição da jaboticabeira, do que a dispersão natural de pólen e sementes.

Mesmo que o número adequado de clusters definidos para agrupamentos das populações tenha sido dois, algumas populações plantadas apresentaram indivíduos com composição genética de mistura dos dois grupos. Esse resultado sugere que, para o estabelecimento dessas populações, as sementes foram coletadas em povoamentos naturais, mantendo-se um nível de parentesco entre elas. De fato, a população de Dois Vizinhos, PR, contém indivíduos dos dois grupos, pois para a formação desse banco de germoplasma foram coletados indivíduos de cinco fragmentos naturais localizadas no sudoeste do Paraná, incluindo-se Clevelândia, Vitorino e Pato Branco. Além disso, esta coleção ativa de germoplasma contém também mudas oriundas de sementes da coleção de germoplasma de Viçosa-MG. Portanto, era esperado que houvesse semelhança genética com essas populações. Esse resultado indica que a coleta de amostras para formação da coleção ativa de germoplasma de jaboticabeira de Dois Vizinhos, PR, compreendeu germoplasma de populações pertencentes aos diferentes grupos genéticos.

De forma geral, verificou-se que as populações naturais têm uma quantidade menor de alelos do que as plantadas. Uma hipótese para explicar tal resultado é que as coleções plantadas foram originadas por mudas de sementes de várias matrizes oriundas de diferentes populações naturais e plantadas, inclusive com intercâmbio de vários locais do Brasil, resultando numa base maior de diversidade alélica. Resultados semelhantes foram obtidos para *Araucaria angustifolia*, onde as florestas plantadas apresentaram diversidade genética abundante para a conservação da espécie ao comparar com populações naturais, usando marcadores SSR e AFLP (STEFENON; GAILING; FINKELDEY, 2008). Os autores sugeriram que a mistura de sementes de araucária coletadas de diferentes populações pode ter resultado no aumento da diversidade. Este mesmo efeito, possivelmente, também tenha ocorrido com as populações plantadas de jaboticabeiras analisadas neste trabalho. Vale destacar que

nenhuma destas populações tinham objetivo comercial, mas sim o intuito de conservar acessos de diferentes populações de jaboticabeiras. Possivelmente, isto mudaria se fossem amostrados pomares comerciais, uma vez que nesse tipo de plantio busca-se homogeneidade das plantas com a formação de mudas a partir de poucas matrizes.

Além disso, a presença de alelos exclusivos em populações plantadas sugere a eficácia das estratégias de conservação *ex situ* na conservação da diversidade genética da jaboticabeira, bem como fonte para coleta de sementes, pólen e propágulos para programas de conservação e melhoramento genético e uso. Outro dado que reforça a importância das populações plantadas para a manutenção da diversidade genética da espécie é o resultado da AMOVA, onde grande parte da variabilidade genética se encontra entre as populações plantadas (10%).

No entanto, destaca-se que os dados sugerem que variabilidade genética preservada nas populações plantadas não representa necessariamente a das populações naturais. Portanto, medidas de manutenção das populações naturais remanescentes devem ser tomadas para garantir a manutenção da variabilidade genética da jaboticabeira, uma vez que devido à atividade humana, há pressão econômica sobre as áreas naturais, o que pode comprometer a conservação *in situ* da espécie (JIMENEZ *et al.*, 2015).

A variação genética de jaboticabeira aqui observada coincide, em geral, com os padrões gerais encontrados em outros estudos onde foi realizada uma amostragem de indivíduos dentro de população menor que o atual. Salla (2019) e Martins (2013), também usando marcadores microssatélites, encontraram valor médio de H_e de 0,591 e 0,643, respectivamente, superior ao valor aqui observado de 0,480. A análise da variância molecular (AMOVA) mostrou que a maioria das variações genéticas foram atribuídas as diferenças dentro dos indivíduos e não entre diferentes populações, o que é esperado em espécies que se reproduzem predominantemente por cruzamentos ou na qual as plântulas oriundas de cruzamentos que predominam na fase adulta.

Como características da diversidade populacional da jaboticabeira, citam-se alelos exclusivos em poucas populações, alelos com alta frequência na maioria das populações e baixa divergência genética entre as populações, sendo que a maior variação genética ocorre dentro dos indivíduos. O nível de diversidade alélica nas populações naturais foi baixo, porém a heterozigosidade média foi alta, o que pode ser justificado por se tratar de populações que se encontram em ambientes altamente

fragmentados. A fragmentação provoca redução significativa da riqueza alélica, mas não acarreta em diminuição na heterozigosidade. Uma justificativa para isso é que a heterozigosidade é mais influenciada por alelos de média frequência do que alelos de baixa frequência, e são estes últimos os mais propensos a serem perdidos em populações pequenas e isoladas (WHITE; BOSHIER; POWELL, 1999).

A análise das plantas com troncos fundidos revelou se tratar da mesma planta, com 72% das plantas não apresentando mismatch para os 13 locos analisados. Nessas plantas foi verificada a presença de medulas duplas (MOURA, 2020), sugerindo a hipótese que poderiam ser plantas diferentes originadas da mesma semente, devido a ocorrência de poliembrionia na espécie. O mecanismo de fusão entre caules é relatado na literatura para a espécie lenhosa *Pinus flexilis*, devido a dispersão das sementes ocorrer de forma agrupada (SCHUSTER; MITTON, 1991). No entanto, os resultados das jaboticabeiras sugerem que são árvores únicas com uma forma de crescimento de troncos duplos, ou são plantas clones.

6.2 Sistema de reprodução de jaboticabeiras

Os resultados da análise do sistema de reprodução das plântulas de jaboticabeiras amostradas no presente trabalho, sugerem sistema de reprodução do tipo misto, com predomínio de autofecundação (65,7%). Além disso, a maior parte (80,4%) dos cruzamentos ocorre entre indivíduos não aparentados.

Algumas hipóteses justificam a elevada taxa de autofecundação encontrada, dentre elas, a espécie não apresenta autocompatibilidade, possui flores hermafroditas com potencial de autopolinização e a polinização por abelhas com floração do tipo big-bang (MALERBO-SOUZA *et al.*, 2004; DANNER *et al.*, 2011a). Por outro lado, a taxa de cruzamentos detectada (34,3%) nas jaboticabeiras, mesmo considerando as características citadas, pode ser devida à fatores como o comportamento dos polinizadores trocando o pólen entre as árvores, o qual é influenciado pela densidade de florescimento das árvores na população e/ou o aborto seletivo de sementes ou embriões de autofecundação (MURAWSKI; HAMRICK 1991).

No entanto, apesar do predomínio de autofecundação, há indícios de seleção a benefício de heterozigosidade. Essa hipótese é suportada pelo alto valor da diferença entre as taxas de cruzamento multilocus e unilocus, indicando endogamia nas progênes. Em contrapartida, este efeito não foi observado nas populações

adultas naturais, que apresentaram índices de fixação negativos e alto nível de heterozigosidade, incluindo a população adulta de Clevelândia, PR, da qual as 13 progênies para análise do sistema de reprodução foram originadas. Assim, os resultados possibilitam inferir que o sistema de reprodução da espécie gera frutos com elevada taxa de autofecundação. Porém, na fase adulta, foram encontrados mais indivíduos oriundos de frutos originados por fecundação cruzada.

Tais características sugerem uma pressão seletiva significativa contra os homozigotos, especialmente, devido ao excesso de heterozigosidade observados nos indivíduos adultos. Uma hipótese para esse resultado é de que ocorre uma possível seleção natural contra os indivíduos oriundos de frutos de autofecundação e de cruzamento entre indivíduos aparentados, entre as fases de plântula e adulto. Isso evidencia a importância do cruzamento como estratégia da espécie para gerar diversidade genética e conferir aptidão para sobrevivência e crescimento. Essa estratégia de seleção contra homozigotos reduz a endogamia e mantém a variabilidade genética das populações e já foi relatada para *Eucalyptus*, espécie da família das mirtáceas (HEDRICK; HELLSTEN; GRATTAPAGLIA, 2016), além de outras espécies (MORAES *et al.*, 2018; VASCONCELOS MELO *et al.*, 2021).

Outro dado que reforça a hipótese do sistema de reprodução misto em jaboticabeira é a homogeneidade das frequências alélicas de pólen e óvulos observada no presente trabalho, a qual é um dos pressupostos básicos do modelo de reprodução mista (RITLAND; JAIN, 1981). Plantas com sistema de reprodução misto têm vantagens evolutivas sobre espécies estritamente de autofecundação ou de cruzamentos, devido às possibilidades de recombinação de genes por meio de ambos os mecanismos de produção de sementes (MORAES *et al.*, 2018).

Verificou-se que as progênies oriundas de sementes coletadas em matrizes na população de Clevelândia-PR apresentaram maior número de alelos e menor heterozigosidade, em relação aos adultos da mesma população. Essa diferença nas frequências alélicas entre plantas adultas e progênies pode ser resultado de deriva genética, decorrente da fragmentação e isolamento populacional, a qual resulta, ao longo das gerações em fixação e perda de alelos (SEBBENN, 2002).

6.3 Implicações para conservação e melhoramento genético da jaboticabeira

A conservação dos recursos genéticos deve ser realizada a partir do conhecimento da diversidade e estrutura genética de suas populações. A diversidade genética ainda pode ser utilizada para selecionar indivíduos mais divergentes (NUNES *et al.*, 2021) e também é a base para o melhoramento genético (FAJARDO *et al.*, 2018).

A coleta de germoplasma *ex situ* representa importante fonte para conservação e melhoramento de espécies florestais devido ao desmatamento (ODONG *et al.*, 2013). Para espécies com sementes recalcitrantes, que perdem viabilidade quando dessecadas (ACUÑA *et al.*, 2019), como é o caso da jaboticabeira (DANNER *et al.*, 2011a), não é possível efetuar a conservação *ex situ* das sementes em câmaras frias. Para essa espécie recomenda-se a conservação genética em bancos ativos de germoplasma, como já vem sendo realizado por instituições e produtores rurais, conforme demonstrado nas coletas deste trabalho.

No entanto, a manutenção e gestão de grandes coleções de germoplasma são caras e podem ser ineficientes, devido a possíveis redundâncias e/ou duplicações de genótipos, e pela dificuldade de realizar uma avaliação detalhada de todos os indivíduos (GRENIER *et al.*, 2000). Portanto, para melhorar a eficiência da manutenção das coleções e estabelecer fontes representativas da diversidade genética, é necessário que a coleção represente a diversidade máxima de todas as populações selecionadas com o menor número de indivíduos e redundância (EGBADZOR *et al.*, 2014).

Sendo assim, a principal estratégia de conservação da jaboticabeira poderia ser pelo uso, a partir do incentivo de plantios comerciais com maior diversidade genética possível. Este trabalho deve servir para direcionar as coletas de germoplasma, com base nas populações nativas e plantadas com maior distância genética (BILLOT *et al.*, 2013). Os resultados deste estudo indicam que as coleções plantadas de Dois Vizinhos-PR, e Seara-SC, e, as populações naturais localizadas em Imbituva-PR e Tibagi-PR, são mais importantes e devem receber prioridade de conservação da espécie, por apresentaram maior diversidade genética em termos de alelos exclusivos e elevada heterozigosidade.

A maior riqueza de alelos exclusivos nas coleções plantadas indica que apesar de existir poucas coleções de germoplasma da espécie, elas são de extrema

importância para garantir a conservação da variabilidade genética, e também podem ser utilizadas como coleção de trabalho para o melhoramento genético da jaboticabeira. Destaque especial para a população de Seara-SC ser priorizada para conservação, devido ao fato de ter apresentado maior diversidade dentre todas populações ($H_e = 0,607$), e, conseqüentemente, maior probabilidade de encontrar genótipos com características diferentes. Nessa população há diferentes tipos de jaboticabeiras de sementes que foram oriundas de vários locais do Brasil por meio do detentor da propriedade agrícola, que atua no sentido de ser um colecionador da espécie.

Outra informação importante para conservação da espécie foram os resultados que sugerem seleção contra indivíduos endogâmicos entre os estágios de plântulas e adultos. Essa hipótese foi baseada a partir dos dados de que a endogamia foi detectada apenas nas progênies e não para os adultos da mesma população em que as sementes foram amostradas para obtenção das progênies, de Clevelândia-PR. Quando indivíduos endogâmicos que se desenvolveram em viveiros são transferidos para condições de campo, por exemplo, para uso em reflorestamento de restauração, eles sofrem aumento da pressão seletiva e podem apresentar alta taxa de mortalidade e baixos níveis de crescimento (LANDE; SCHEMSKE; SCHULTZ, 1994). No entanto, alguns indivíduos endogâmicos oriundos de autofecundação e cruzamentos entre indivíduos aparentados podem sobreviver, conforme relatado em estudo com outra espécie Myrtaceae, o *Eucalyptus grandis* (MIRANDA *et al.*, 2019). O índice de fixação positivo em coleções plantadas sugere que para jaboticabeiras isso também pode ocorrer nas condições de manejo e cuidados com as mudas, as quais poderiam não sobreviver sob condições naturais florestais.

Para fins de melhoramento genético, a baixa diversidade genética detectada entre as populações naturais, indica que para a formação da coleção de trabalho devem ser selecionados indivíduos com características de interesse, oriundos de poucas populações, mas, preferencialmente, aquelas com maior diversidade genética e portadoras de alelos exclusivos. Contudo, a recomendação sobre a forma de coleta é que sejam de sementes de matrizes com distância de mais de 50 metros entre elas, a fim de evitar grau de parentesco entre os genótipos (SALLA, 2019). Por outro lado, as coleções plantadas avaliadas no presente trabalho possuem potencial de utilização como coleção de trabalho para o melhoramento genético da espécie, especialmente as populações de Seara-SC e Dois Vizinhos-PR.

As informações do sistema de reprodução da espécie, com altos níveis de autofecundação nas sementes, mas com provável seleção contra indivíduos endogâmicos entre os estágios de plântulas e adultos, sugere a necessidade de identificação das plântulas endogâmicas. Esta detecção também pode ser feita por meio de marcadores moleculares microssatélites. Isto serviria para eliminar indivíduos endogâmicos indesejáveis antes do plantio definitivo, ampliando a eficácia de programas de melhoramento genético e programas de uso e conservação da espécie.

7 CONCLUSÃO

As características da diversidade populacional da jaboticabeira foram de alelos exclusivos em poucas populações, alelos com alta frequência na maioria das populações e baixa divergência genética entre as populações.

Dois grupos de diversidade genética foram formados, um agrupou as populações naturais, exceto a população de Imbituva, e o segundo grupo foi formado pelas coleções de jaboticabeiras plantadas e a população natural de Imbituva.

As coleções plantadas apresentam diversidade genética maior para a conservação da espécie ao comparar com as populações naturais. Portanto, as estratégias de conservação *ex situ* e *in situ* são indicadas conservar a variabilidade genética da jaboticabeira.

A estrutura genética das populações não apresentou relação com a distribuição geográfica.

A jaboticabeira apresenta sistema de reprodução misto, com predomínio de autofecundação. A maior parte dos cruzamentos ocorre entre indivíduos não aparentados, sendo predominantemente, as plântulas oriundas desses frutos que atingem a fase adulta.

As populações plantadas, especialmente, as de Seara-SC e Dois Vizinhos-PR, possuem potencial de utilização como coleção de trabalho para melhoramento genético da espécie.

8 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados poderão nortear estratégias de conservação da jaboticabeira. Dentre as populações analisadas, as plantadas de Dois Vizinhos-PR e Seara-SC e as naturais localizadas em Imbituva-PR e Tibagi-PR são as mais importantes para a manutenção da diversidade genética da espécie, visto que são portadoras de alelos exclusivos e elevada heterozigosidade.

Grande parte das populações naturais estão localizadas em áreas privadas que sofreram diferentes graus de intervenção humana. Futuramente, essas populações poderão sofrer alterações devido ao aumento do uso da terra, por isso amostras desses materiais devem coletadas e conservadas em bancos ou coleções ativos de germoplasma.

Para a conservação *ex situ*, os resultados indicam que como não há grandes diferenças genéticas entre as populações, as sementes podem ser coletadas de poucas populações. Aquelas com maior diversidade genética e portadoras de alelos exclusivos devem ser priorizadas, daquelas já citadas acima.

Por fim, a espécie apresenta um sistema reprodutivo misto, com altos níveis de autofecundação, mas com provável seleção contra indivíduos endogâmicos entre os estágios de plântula e adulto. Portanto, recomenda-se a identificação dessas plântulas por meio de marcadores moleculares, buscando maximizar as taxas de sobrevivência em campo.

Como limitação do trabalho cita-se a amostragem das populações de jaboticabeiras que englobaram diferentes tipos. Sugere que estudos futuros também amostram populações de jaboticabeiras plantadas com intuito comercial, distribuídas em outros estados do Brasil, incluindo São Paulo, Minas Gerais e Goiás.

REFERÊNCIAS

- ACUÑA, Carlos A. *et al.* Reproductive systems in *Paspalum*: Relevance for germplasm collection and conservation, breeding techniques, and adoption of released cultivars. **Frontiers in plant science**, v. 10, p. 1377, 2019.
- ALEZANDRO, Marcela Roquim *et al.* Comparative study of chemical and phenolic compositions of two species of jaboticaba: *Myrciaria jaboticaba* (Vell.) Berg and *Myrciaria cauliflora* (Mart.) O. Berg. **Food Research International**, v. 54, n. 1, p. 468- 477, 2013.
- AMOS, William; HARWOOD, John. Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences**, v. 353, n. 1366, p. 177-186, 1998.
- APARICIO-HUERTA, Melina *et al.* Propiedades fisicoquímicas y actividad antioxidante en frutos de jaboticaba (*Plinia cauliflora* (Mart.) Kausel) en diferentes etapas de maduración. **Acta Agrícola y Pecuaria**, v.2, n.3, p.78-85, 2016.
- BALERDI, Carlos; RAFIE, Ray; CRANE, Jonathan. Jaboticaba (*Myrciaria cauliflora*, Berg.) a delicious fruit with an excellent market potential. In: **Proceedings of the Florida State Horticultural Society, Gainesville**. 2006. p. 66-68.
- BERG, O.K. Myrtaceae. In: Martius, C.F.P. **Flora Brasiliensis**, v.14, part. 1, p.1-655, 1857-1859.
- BILLOT, Claire *et al.* Massive sorghum collection genotyped with SSR markers to enhance use of global genetic resources. **PloS one**, v. 8, n. 4, p. e59714, 2013.
- BINKS, Rachel M.; MILLAR, Melissa A.; BYRNE, Margaret. Not all rare species are the same: contrasting patterns of genetic diversity and population structure in two narrow-range endemic sedges. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 114, n. 4, p. 873-886, 2015.
- BRONDANI, Rosana *et al.* A microsatellite-based consensus linkage map for species of *Eucalyptus* and a novel set of 230 microsatellite markers for the genus. **BMC plant biology**, v. 6, n. 1, p. 1-16, 2006.
- BROWN, Anthony HD; ALLARD, Robert W. Estimation of the mating system in open-pollinated maize populations using isozyme polymorphisms. **Genetics**, v. 66, n. 1, p. 133, 1970.
- BUZATTI, Renata Santiago de Oliveira *et al.* Fine-scale spatial genetic structure of *Dalbergia nigra* (Fabaceae), a threatened and endemic tree of the Brazilian Atlantic Forest. **Genetics and Molecular Biology**, v. 35, p. 838-846, 2012.
- CASACCI, Luca Pietro; BARBERO, Francesca; BALLETTTO, Emilio. The “Evolutionarily Significant Unit” concept and its applicability in biological conservation. **Italian Journal of Zoology**, v. 81, n. 2, p. 182-193, 2014.

CIÉSLAK, Elżbieta *et al.* Genetic structure of *Galium cracoviense* (Rubiaceae): a naturally rare species with an extremely small distribution range. **Conservation Genetics**, v. 16, n. 4, p. 929-938, 2015.

DANNER, Moeses Andriago *et al.* Diagnóstico ecogeográfico da ocorrência de jaboticabeiras nativas no Sudoeste do Paraná. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 2010.

DANNER, Moeses Andriago *et al.* Modo de reprodução e viabilidade de pólen de três espécies de jaboticabeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 2, p. 345-352, 2011a.

DANNER, Moeses Andriago *et al.* Germplasm characterization of three jaboticaba tree species. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 3, p. 839-847, 2011b.

DAWSON, Ian K. *et al.* Climate change and tree genetic resource management: maintaining and enhancing the productivity and value of smallholder tropical agroforestry landscapes. A review. **Agroforestry systems**, v. 81, n. 1, p. 67-78, 2011.

DEMATTE, M.E.S.P. Ornamental use of Brazilian Myrtaceae. **Acta Horticulturae**, n.452, p.143-179, 1997.

DUARTE, Odilo *et al.* Extending storage life of jaboticaba (*Myrciaria cauliflora* (Mart.) Berg) fruits. **Acta Horticulturae**, n.452, p.131-136, 1997.

EARL, Dent A.; VON HOLDT, Bridgett M. Structure Harvester: a website and program for visualizing structure output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetic Resources**, v.4, p.359-361, 2012.

EGBADZOR, Kenneth F. *et al.* Diversity in 113 cowpea [*Vigna unguiculata* (L) Walp] accessions assessed with 458 SNP markers. **SpringerPlus**, v. 3, p. 1-15, 2014.

ELLEGREN, Hans; GALTIER, Nicolas. Determinants of genetic diversity. **Nature Reviews Genetics**, v. 17, n. 7, p. 422-433, 2016.

EVANNO, Guillaume; REGNAUT, Sebastien; GOUDET, Jérôme. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005.

FAJARDO, Cristiane Gouvêa *et al.* Genetic diversity in natural populations of *Hancornia speciosa* Gomes: Implications for conservation of genetic resources. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 42, p. 623-630, 2018.

FARIA, Danielle A. *et al.* A selected set of EST-derived microsatellites, polymorphic and transferable across 6 species of Eucalyptus. **Journal of Heredity**, v. 101, n. 4, p. 512-520, 2010.

FLORA ARGENTINA. ***Plinia trunciflora***. Disponível em: <http://www.floraargentina.edu.ar/>. Acesso em: 23 jul. 2021.

FLORA DE PARAGUAY. ***Plinia trunciflora* (O. Berg) Kausel**. Disponível em <<http://www.tropicos.org/Name/22102563?projectid=44&langid=66>> Acesso em: 23 jul. 2021.

FLORA DO BRASIL. **Jardim Botânico do Rio de Janeiro**. 2020. Disponível em: http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/ConsultaPublicaUC/BemVindoConsultaPublicaConsultar.do?invalidatePageControlCounter=2&idsFilhosAlgas=%5B2%5D&idsFilhosFungos=%5B1%2C10%2C11%5D&lingua=&grupo=5&familia=null&genero=Plinia&especie=&autor=&nomeVernaculo=&nomeCompleto=&formaVida=3&substrato=null&ocorreBrasil=QUALQUER&ocorrencia=OCORRE&endemismo= TODOS&origem= TODOS®iao=QUALQUER&estado=QUALQUER&ilhaOceanica=32767&domFitogeograficos=QUALQUER&bacia=QUALQUER&vegetacao= TODOS&mostrarAte=SUBESP_VAR&opcoesBusca= TODOS_OS_NOMES&loginUsuario=Visitante&senhaUsuario=&contexto=consulta-publica. Acesso em: 23 jul. 2021.

FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA. **Atlas dos remanescentes florestais da Mata Atlântica**, Relatório 2017-2018. 2019.

GIL, Bruna Valéria *et al.* Jabuticaba no Brasil. *In: Jabuticabeiras* [recurso eletrônico]/organização: Américo Wagner Júnior, Moeses Andriago Danner, Idemir Citadin. -- 1. ed -- Curitiba, PR:EDUTFPR, p.15-40. 2022.

GRATTAPAGLIA, Dario *et al.* A novel genome-wide microsatellite resource for species of *Eucalyptus* with linkage-to-physical correspondence on the reference genome sequence. **Molecular ecology resources**, v. 15, n. 2, p. 437-448, 2015.

GRENIER, Cécile *et al.* Assessment of genetic diversity in three subsets constituted from the ICRISAT sorghum collection using random vs non-random sampling procedures A. Using morpho-agronomical and passport data: A. Using morpho-agronomical and passport data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, p. 190-196, 2000.

GURGEL, J.T.A. SOUBIHE SOBRINHO, J. Poliembrionia em mirtáceas frutíferas. **Bragantina, Campinas**, v.11, n. 4-6, p.141-163, 1951.

HEDRICK, Philip W.; HELLSTEN, Uffe; GRATTAPAGLIA, Dario. Examining the cause of high inbreeding depression: analysis of whole-genome sequence data in 28 selfed progeny of *Eucalyptus grandis*. **New Phytologist**, v. 209, n. 2, p. 600-611, 2016.

HUGHES, Randall *et al.* Ecological consequences of genetic diversity. **Ecology letters**, v. 11, n. 6, p. 609-623, 2008.

JESUS, Natanael de *et al.* Caracterização de quatro grupos de jabuticabeira, nas condições de Jaboticabal-SP. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.26, n.3, p.482-485, 2004.

JIMENEZ, H. J. *et al.* Genetic diversity of the neotropical tree *Hancornia speciosa* Gomes in natural populations in northeastern Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.4, p.17749-17757, 2015.

JONES, Megan E. *et al.* Isolation of microsatellite loci from spotted gum (*Corymbia variegata*), and cross-species amplification in *Corymbia* and *Eucalyptus*. **Molecular ecology notes**, v. 1, n. 4, p. 276-278, 2001.

KALINOWSKI, Steven T.; TAPER, Mark L. Maximum likelihood estimation of the frequency of null alleles at microsatellite loci. **Conservation Genetics**, v. 7, n. 6, p. 991, 2006.

KINUPP, Valdely; LISBÔA, Gustavo; BARROS, Ingrid. Espécies Nativas da Flora Brasileira de Valor Econômico Atual ou Potencial-Plantas para o Futuro-Região Sul. **Brasilia-DF, cap**, v. 5, p. 243, 2011.

LANDE, Russell; SCHEMSKE, Douglas W.; SCHULTZ, Stewart T. High inbreeding depression, selective interference among loci, and the threshold selfing rate for purging recessive lethal mutations. **Evolution**, v. 48, n. 4, p. 965-978, 1994.

LEITE-LEGATTI, Alice Vieira *et al.* Jaboticaba peel: Antioxidant compounds, antiproliferative and antimutagenic activities. **Food Research International**, v. 49, n. 1, p. 596-603, 2012.

LENQUISTE, Sabrina Alves *et al.* Freeze-dried jaboticaba peel added to high-fat diet increases HDL-cholesterol and improves insulin resistance in obese rats. **Food Research International**, v. 49, n. 1, p. 153-160, 2012.

LIM, Tong Kwee. *Plinia cauliflora*. In: **Edible Medicinal and Non Medicinal Plants**. vol 3, p.665-70, 2012.

LÔBO, Diele *et al.* Forest fragmentation drives Atlantic forest of northeastern Brazil to biotic homogenization. **Diversity and Distributions**, v. 17, n. 2, p. 287-296, 2011.

LORENZI, Harri *et al.* **Frutas brasileiras e exóticas cultivadas: de consumo in natura**. Nova Odessa: Instituto Plantarum. 640p. 2006.

MALERBO-SOUZA, Darclet Terezinha *et al.* Abelhas visitantes nas flores da jaboticabeira (*Myrciaria cauliflora* Berg.) e produção de frutos. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 26, n. 1, p. 1-4, 2004.

MARTINS, Diego Albino. **Caracterização molecular de acessos de jaboticabeiras do banco ativo de germoplasma da UTFPR com marcadores microssatélites**. 2013. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 2013.

MATTOS, João Rodrigues. **Fruteiras nativas do Brasil-Jaboticabeiras**. 1983.

MENDONÇA, Rejane Maria Nunes. **Maturação, secagem e armazenamento de sementes e propagação vegetativa de jaboticabeiras (*Myrciaria* sp)**. 2000. 136 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

MIRANDA, Aline *et al.* Investigating the origin and genetic diversity of improved *Eucalyptus grandis* populations in Brazil. **Forest Ecology and Management**, v. 448, p. 130-138, 2019.

MORAES, Marcela *et al.* Long-distance pollen and seed dispersal and inbreeding depression in *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae: Caesalpinioideae) in the Brazilian savannah. **Ecology and Evolution**, v. 8, n. 16, p. 7800-7816, 2018.

MORAES, Mario Luiz Teixeira; KAGEYAMA, Paulo Yoshio; SEBBENN, Alexandre Magno. Sistema de reprodução em pequenas populações fragmentadas e em árvores isoladas de *Hymenaea stigonocarpa*. **Scientia Forestalis**, p. 75-86, 2007.

MORI, Edson Seizo *et al.* Sistema de reprodução em populações naturais de *Peltophorum dubium*. **Scientia Forestalis**, p. 307-317, 2013.

MOURA, Amanda Pacheco Cardoso *et al.* **Ecologia populacional em jaboticabais no sudoeste do Paraná**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Pato Branco. 115f. 2020.

MURAWSKI, D. A.; HAMRICK, J. L. The effect of the density of flowering individuals on the mating systems of nine tropical tree species. **Heredity**, v. 67, n. 2, p. 167-174, 1991.

NEI, Masatoshi. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1978.

NEI, Masatoshi; ROYCHOUDHURY, Anda K. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. **Genetics**, v. 76, n. 2, p. 379-390, 1974.

NUNES, Valdinete Vieira *et al.* Geno-phenotypic diversity in a natural population of *Hancornia speciosa* Gomes: implications for conservation and improvement. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 68, n. 7, p. 2869-2882, 2021.

ODONG, T. L. *et al.* Quality of core collections for effective utilisation of genetic resources review, discussion and interpretation. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, p. 289-305, 2013.

OLIVEIRA, Antônio Luís de *et al.* Caracterização tecnológica de jaboticabas' Sabará' provenientes de diferentes regiões de cultivo. **Revista brasileira de fruticultura**, p. 397-400, 2003.

PALADINI, Marcos Vily. **Caracterização de frutos, divergência genética e estrutura espacial de jaboticabeiras nativas de fragmento florestal em Clevelândia-PR**. Tese (Doutorado) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Programa de Pós-graduação em Agronomia, Pato Branco, 2016. 100p.

PEAKALL, Rod; SMOUSE, Peter. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular ecology notes**, v. 6, n. 1, p. 288-295, 2006.

PEREIRA, Márcio *et al.* Morphologic and molecular characterization of *Myrciaria* spp species. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27, n. 3, p. 507-510, 2005.

PEREIRA, Marlon Cristian Toledo *et al.* Atributos físicos e químicos de frutos de oito clones de jaboticabeiras. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.22, n. especial, p.16-21. 2000.

PRITCHARD, Jonathan; STEPHENS, Matthew; DONNELLY, Peter. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, 2000.

RADAELLI, Juliana Cristina *et al.* Adaptability and stability of jaboticaba tree genotypes based on plant growth. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2018.

REED, David; FRANKHAM, Richard. Correlation between fitness and genetic diversity. **Conservation biology**, v. 17, n. 1, p. 230-237, 2003.

RIBEIRO, Milton Cezar *et al.* The Brazilian Atlantic Forest: a shrinking biodiversity hotspot. In: **Biodiversity hotspots**. Springer, Berlin, Heidelberg, p. 405-434. 2011.

RIBEIRO, Milton Cezar *et al.* The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biological conservation**, v. 142, n. 6, p. 1141-1153, 2009.

RITLAND, Kermit; JAIN, Subodh. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using n independent loci. **Heredity**, v. 47, n. 1, p. 35, 1981.

RITLAND, Kermit. Correlated matings in the partial selfer *Mimulus guttatus*. **Evolution**, v. 43, n. 4, p. 848-859, 1989.

RITLAND, Kermit. Extensions of models for the estimation of mating systems using n independent loci. **Heredity**, v.88, n.4, p.221-228, 2002.

RITLAND, Kermit. **Multilocus mating system program MLTR Version 1.1**. Toronto: University of Toronto, 1997.

RUFINI, José Carlos Moraes *et al.* Estimation of the genetic diversity of jaboticaba trees and association among fruit characters. **Comunicata Scientiae**, v. 11, p. e3337-e3337, 2020.

RUIZ, Carlos; BRETO, Paz; ASINS, M. J. A quick methodology to identify sexual seedlings in citrus breeding programs using SSR markers. **Euphytica**, v. 112, n. 1, p. 89-94, 2000.

SALLA, Vanessa Padilha. **Apomixia determinando a estrutura genética de uma população de *Plinia cauliflora* no Sudoeste do Paraná**. 2016. Dissertação de Mestrado. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. 67f. 2016.

SALLA, Vanessa Padilha. **Diversidade e estrutura genética populacional em jaboticabais nativos no Sudoeste do Paraná**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Pato Branco. 98f. 2019.

SCHIERENBECK, Kristina. Population-level genetic variation and climate change in a biodiversity hotspot. **Annals of Botany**, v. 119, n. 2, p. 215-228, 2017.

SCHUSTER, William SF; MITTON, Jeffry B. Relatedness within clusters of a bird-dispersed pine and the potential for kin interactions. **Heredity**, v. 67, n. 1, p. 41-48, 1991.

SEBBENN, Alexandre Magno *et al.* Variabilidade genética, sistema reprodutivo e estrutura genética espacial em *Genipa americana* L. através de marcadores isoenzimáticos. **Scientia Forestalis**, n.53, p.15-30, 1998.

SEBBENN, Alexandre Magno. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002.

SEBBENN, Alexandre Magno. Sistema de Reprodução em Espécies Tropicais e suas Implicações para a Seleção de Árvores Matrizes para Reflorestamentos Ambientais. In: HIGA, A. R. e SILVA, L. D. (Coord). **Pomar de Sementes de Espécies Florestais Nativas**. Curitiba: FUPEF, p.93-127. 2006.

SILVA, Celice *et al.* Reproductive success and genetic diversity of *Psychotria hastisepala* (Rubiaceae), in fragmented Atlantic forest, Southeastern Brazil. **Revista de Biología Tropical**, v. 62, n. 1, p. 369-380, 2014a.

SILVA, Mariana Casagrande *et al.* Use of the jaboticaba (*Myrciaria cauliflora*) depulping residue to produce a natural pigment powder with functional properties. **LWT-Food Science and Technology**, v. 55, n. 1, p. 203-209, 2014b.

SILVEIRA, A.H. Pequena indústria da jaboticaba. **Ceres**, v.5, n.26, p.136-140, 1943.

SOBIERAJSKI, Graciela da Rocha; KAGEYAMA, Paulo Yoshio; SEBBENN, Alexandre Magno. Sistema de reprodução em nove populações de *Mimosa scabrella* Benth (Leguminosaceae). **Scientia Forestalis**, n.71, p. 37-49, 2006.

SOBRAL, M. *et al.* Myrtaceae. In: **Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. 2015. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB10828>.

SOUZA, Tatiana Santana de; BARBOSA, Marx Prestes. Conservação e Governança em Áreas Protegidas de Pernambuco/Brasil (Conservation and Governance in Protected Areas of Pernambuco/Brazil). **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 11, n. 2, p. 713-727, 2018.

STADNIK, Aline; OLIVEIRA, Marla Ibrahim Uehbe de; ROQUE, Nádia. Myrtaceae na Serra Geral de Licínio de Almeida, Bahia, Brasil. **Rodriguésia**, v. 69, p. 515-552, 2018.

STEFENON, Valdir Marcos; GAILING, Oliver; FINKELDEY, Reiner. Genetic structure of plantations and the conservation of genetic resources of Brazilian pine (*Araucaria angustifolia*). **Forest Ecology and Management**, v. 255, n. 7, p. 2718-2725, 2008.

TEIXEIRA, Luciana Nascimento; STRINGHETA, Paulo César; OLIVEIRA, Fabiano Alves de. Comparação de métodos para quantificação de antocianinas. **Ceres**, v. 55, n. 4, 2008.

TRAUB, Hamilton. Polyembryony in *Myrciaria cauliflora*. **Botanical Gazette**, v. 101, n. 1, p. 233-234, 1939.

VAN OOSTERHOUT, Cock *et al.* Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Molecular Ecology Notes**, v. 4, n. 3, p. 535-538, 2004.

VASCONCELOS MELO, Marília Freitas *et al.* Estimating genetic diversity, mating system and pollen dispersal to inform *ex situ* conservation of the tree *Genipa americana* L. **Plant Genetic Resources**, v. 19, n. 1, p. 9-19, 2021.

VILELA, Regina Célia Freitas *et al.* Sistema reprodutivo e diversidade genética de quatro espécies de *Myrciaria* (Myrtaceae, jaboticabeiras). **Acta Botanica Brasilica**, v. 26, p. 727-734, 2012.

WACHOWICZ, Ruy. O papel dos índios a ocupação do Sudoeste do Paraná. In: Boletim do Instituto Histórico, Geográfico E Etnográfico Paranaense. **Editora Literotécnica: Curitiba**, p. 53-71. 1983.

WAGNER JÚNIOR, Américo; DANNER, Moeses Andrigo; CITADIN, Idemir. **Jaboticabeiras** [recurso eletrônico]. 1. ed -- Curitiba, PR:EDUTFPR, 452p. 2022.

WENDLING, Ivar; ZANETTE, Flávio. **Araucária: particularidades, propagação e manejo de plantios**. Brasília, DF:Embrapa, 159 p. 2017.

WHITE, G. M.; BOSHIER, D. H.; POWELL, W. Genetic variation within a fragmented population of *Swietenia humilis* Zucc. **Molecular Ecology**, v. 8, n. 11, p. 1899-1909, 1999.

WILTBANK, W.J.; CHALFUN, N.N.J.; ANDERSEN, O. The Jaboticaba in Brazil. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, Tropical Region 27 (Part A), p.57-69, 1983.

WU, Shi-Biao; LONG, Chunlin; KENNELLY, Edward. Phytochemistry and health benefits of jaboticaba, an emerging fruit crop from Brazil. **Food Research International**, v. 54, n. 1, p. 148-159, 2013.

ZEINALZADEH-TABRIZI, Hossein *et al.* Assessment of genetic diversity among sunflower genotypes using microsatellite markers. **Molecular Biology Research Communications**, v. 7, n. 3, p. 143, 2018.

ZHANG, Ya Ling *et al.* Identification of candidate genes involved in anthocyanin accumulation in the peel of jaboticaba (*Myrciaria cauliflora*) fruits by transcriptomic analysis. **Gene**, 2018.

APÊNDICE A - Índices de diversidade genética de indivíduos de vinte populações de jaboticabeiras nativas e plantadas para treze Locos microssatélite

Populações	EMBRA2002					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>A_e</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	1	1,00	0,000	0,000	-
Descanso/SC	19	1	1,00	0,000	0,000	-
Chapecó/SC	26	2	1,08	0,077	0,074	-0,040
Passo Fundo/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	25	2	1,04	0,040	0,039	-0,020
Imbituva/PR	25	2	1,04	0,040	0,039	-0,020
Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Clevelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	2	1,64	0,536	0,392	-0,366
Jaboticaba/RS	30	2	1,76	0,633	0,433	-0,463
Seara/SC	46	2	1,60	0,500	0,375	-0,333
Viçosa/MG	20	2	1,92	0,800	0,480	-0,667
Dois Vizinhos/PR	50	2	1,22	0,200	0,180	-0,111
Pato Branco/PR Quintais	9	2	1,52	0,444	0,346	-0,286
Populações	EM0072					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>A_e</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	1	1,00	0,000	0,000	-
Descanso/SC	19	1	1,00	0,000	0,000	-
Chapecó/SC	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Imbituva/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Clevelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	2	1,64	0,536	0,392	-0,366
Jaboticaba/RS	30	2	1,03	0,033	0,033	-0,017
Seara/SC	46	2	1,18	0,174	0,159	-0,095
Viçosa/MG	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Dois Vizinhos/PR	50	2	1,04	0,040	0,039	-0,020
Pato Branco/PR Quintais	9	1	1,00	0,000	0,000	-
Populações	EMC035					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>A_e</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Descanso/SC	19	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chapecó/SC	26	3	2,15	1,000	0,536	-0,867
Passo Fundo/RS	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Passo Fundo/RS	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Barracão/PR	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Derrubadas/RS	26	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Jaboticaba/RS	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Tibagi/PR	24	4	2,17	1,000	0,540	-0,852

Imbituva/PR	24	3	2,08	0,958	0,520	-0,843
Pato Branco/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Vitorino/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Clevelândia/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chopinzinho/PR	32	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Quilombo/SC	28	4	2,92	1,000	0,658	-0,521
Jaboticaba/RS	30	5	2,71	1,000	0,632	-0,583
Seara/SC	46	8	4,79	0,804	0,792	-0,016
Viçosa/MG	20	7	4,52	0,950	0,779	-0,220
Dois Vizinhos/PR	50	8	4,96	0,700	0,798	0,123
Pato Branco/PR Quintais	9	6	3,85	1,000	0,741	-0,350
Populações	Pli001					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Descanso/SC	19	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chapecó/SC	26	3	2,29	0,846	0,565	-0,497
Passo Fundo/RS	25	3	2,08	1,000	0,519	-0,926
Passo Fundo/RS	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Barracão/PR	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Derrubadas/RS	26	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Jaboticaba/RS	25	3	2,08	1,000	0,519	-0,926
Tibagi/PR	25	4	2,34	1,000	0,574	-0,743
Imbituva/PR	24	4	2,17	1,000	0,540	-0,852
Pato Branco/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Vitorino/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Clevelândia/PR	20	3	2,19	1,000	0,545	-0,835
Chopinzinho/PR	32	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Quilombo/SC	28	4	2,38	0,750	0,581	-0,291
Jaboticaba/RS	30	4	2,49	0,367	0,598	0,387
Seara/SC	46	4	2,73	0,370	0,634	0,417
Viçosa/MG	20	3	1,93	0,500	0,484	-0,034
Dois Vizinhos/PR	50	5	4,49	0,840	0,778	-0,080
Pato Branco/PR Quintais	9	3	2,65	0,556	0,623	0,109
Populações	Pli002					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	1	1,00	0,000	0,000	-
Descanso/SC	19	1	1,00	0,000	0,000	-
Chapecó/SC	26	2	1,16	0,000	0,142	1,000
Passo Fundo/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	24	2	1,04	0,042	0,041	-0,021
Imbituva/PR	11	3	2,14	0,909	0,533	-0,705
Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Clevelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	2	1,64	0,536	0,392	-0,366
Jaboticaba/RS	30	2	1,83	0,633	0,455	-0,392
Seara/SC	45	3	2,39	0,400	0,582	0,313
Viçosa/MG	20	2	1,98	0,700	0,495	-0,414
Dois Vizinhos/PR	50	4	1,59	0,200	0,374	0,465
Pato Branco/PR Quintais	9	3	2,45	0,000	0,593	1,000
Populações	Pli012					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	3	2,17	0,762	0,540	-0,412
Descanso/SC	19	3	2,44	0,895	0,591	-0,513

Chapecó/SC	26	3	1,17	0,077	0,145	0,469
Passo Fundo/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	24	2	1,08	0,000	0,080	1,000
Imbituva/PR	3	3	3,00	0,000	0,667	1,000
Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Civelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	4	2,62	0,464	0,619	0,250
Jaboticaba/RS	30	3	2,99	0,500	0,666	0,249
Seara/SC	46	4	2,57	0,457	0,611	0,253
Viçosa/MG	20	3	2,41	0,750	0,585	-0,282
Dois Vizinhos/PR	50	5	2,97	0,140	0,664	0,789
Pato Branco/PR Quintais	9	4	3,17	0,333	0,685	0,514
Populações				EM1071		
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Descanso/SC	19	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chapecó/SC	19	5	2,64	0,526	0,622	0,154
Passo Fundo/RS	23	4	2,73	0,609	0,634	0,040
Passo Fundo/RS	15	3	2,26	0,400	0,558	0,283
Barracão/PR	23	4	1,79	0,217	0,443	0,510
Derrubadas/RS	24	3	2,24	0,875	0,555	-0,577
Jaboticaba/RS	25	4	2,32	0,880	0,570	-0,545
Tibagi/PR	22	3	2,20	0,500	0,546	0,085
Imbituva/PR	18	5	3,68	0,222	0,728	0,695
Pato Branco/PR	16	3	1,54	0,313	0,354	0,116
Vitorino/PR	13	3	1,73	0,538	0,423	-0,273
Civelândia/PR	11	2	1,86	0,364	0,463	0,214
Chopinzinho/PR	29	3	1,99	0,828	0,499	-0,659
Quilombo/SC	28	2	1,69	0,429	0,408	-0,050
Jaboticaba/RS	28	4	1,84	0,536	0,457	-0,172
Seara/SC	46	2	1,40	0,304	0,287	-0,059
Viçosa/MG	19	3	1,98	0,368	0,497	0,259
Dois Vizinhos/PR	49	4	2,12	0,367	0,530	0,307
Pato Branco/PR Quintais	8	2	1,75	0,375	0,430	0,127
Populações				EM1102		
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	1,99	0,952	0,499	-0,909
Descanso/SC	19	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chapecó/SC	26	4	2,33	1,000	0,571	-0,751
Passo Fundo/RS	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Passo Fundo/RS	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Barracão/PR	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Derrubadas/RS	26	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Jaboticaba/RS	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Tibagi/PR	25	3	2,24	1,000	0,554	-0,804
Imbituva/PR	25	4	2,25	1,000	0,556	-0,799
Pato Branco/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Vitorino/PR	20	3	2,10	1,000	0,524	-0,909
Civelândia/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chopinzinho/PR	32	3	2,06	1,000	0,515	-0,941
Quilombo/SC	28	6	4,61	0,929	0,783	-0,186
Jaboticaba/RS	30	6	4,51	0,967	0,778	-0,242
Seara/SC	46	10	8,74	0,913	0,886	-0,031

Viçosa/MG	20	5	2,63	0,900	0,620	-0,452
Dois Vizinhos/PR	50	13	6,12	0,940	0,837	-0,123
Pato Branco/PR Quintais	9	6	5,22	1,000	0,809	-0,237
Populações	EM1310					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Descanso/SC	19	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chapecó/SC	18	4	2,48	0,944	0,597	-0,581
Passo Fundo/RS	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Passo Fundo/RS	20	3	2,63	1,000	0,620	-0,613
Barracão/PR	22	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Derrubadas/RS	24	4	2,42	1,000	0,588	-0,702
Jaboticaba/RS	25	3	2,15	1,000	0,537	-0,863
Tibagi/PR	21	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Imbituva/PR	11	6	4,10	0,636	0,756	0,158
Pato Branco/PR	18	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Vitorino/PR	19	3	2,39	1,000	0,583	-0,715
Clevelândia/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chopinzinho/PR	32	4	2,55	1,000	0,619	-0,642
Quilombo/SC	28	5	4,42	0,929	0,774	-0,199
Jaboticaba/RS	29	7	4,73	0,966	0,789	-0,224
Seara/SC	46	10	6,33	0,935	0,842	-0,110
Viçosa/MG	18	9	4,90	1,000	0,796	-0,256
Dois Vizinhos/PR	49	14	6,05	0,653	0,835	0,218
Pato Branco/PR Quintais	8	7	5,81	0,875	0,828	-0,057
Populações	Pli010					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Descanso/SC	19	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chapecó/SC	26	3	2,31	0,923	0,568	-0,625
Passo Fundo/RS	25	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Passo Fundo/RS	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Barracão/PR	25	2	1,99	0,960	0,499	-0,923
Derrubadas/RS	26	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Jaboticaba/RS	25	2	1,99	0,960	0,499	-0,923
Tibagi/PR	25	2	2,00	0,840	0,500	-0,680
Imbituva/PR	24	3	2,07	0,958	0,518	-0,849
Pato Branco/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Vitorino/PR	20	2	1,99	0,950	0,499	-0,905
Clevelândia/PR	20	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Chopinzinho/PR	31	2	2,00	1,000	0,500	-1,000
Quilombo/SC	28	3	2,51	0,393	0,603	0,348
Jaboticaba/RS	30	3	1,85	0,333	0,460	0,275
Seara/SC	46	4	2,78	0,413	0,641	0,355
Viçosa/MG	20	4	1,29	0,150	0,229	0,344
Dois Vizinhos/PR	48	3	2,01	0,354	0,502	0,295
Pato Branco/PR Quintais	9	4	3,52	0,444	0,716	0,379
Populações	Pli015					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	1	1,00	0,000	0,000	-
Descanso/SC	19	1	1,00	0,000	0,000	-
Chapecó/SC	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Imbituva/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-

Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Clevelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	2	1,64	0,536	0,392	-0,366
Jaboticaba/RS	30	4	1,95	0,667	0,488	-0,365
Seara/SC	46	4	1,97	0,478	0,495	0,033
Viçosa/MG	19	3	2,35	0,737	0,576	-0,279
Dois Vizinhos/PR	48	5	1,29	0,167	0,230	0,275
Pato Branco/PR Quintais	9	4	1,42	0,222	0,296	0,250
Populações	Pli016					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	1	1,00	0,000	0,000	-
Descanso/SC	19	1	1,00	0,000	0,000	-
Chapecó/SC	18	3	1,25	0,111	0,204	0,455
Passo Fundo/RS	24	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	22	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	24	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	21	1	1,00	0,000	0,000	-
Imbituva/PR	24	2	1,00	0,000	0,000	-
Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Clevelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	3	1,94	0,536	0,487	-0,101
Jaboticaba/RS	30	6	3,28	0,600	0,696	0,137
Seara/SC	46	8	4,43	0,587	0,774	0,242
Viçosa/MG	19	9	5,34	0,737	0,813	0,094
Dois Vizinhos/PR	49	10	3,07	0,184	0,675	0,728
Pato Branco/PR Quintais	9	6	4,15	0,556	0,759	0,268
Populações	Pli018					
	<i>n</i>	<i>A</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>f</i>
Iporã do Oeste/SC	21	2	1,89	0,762	0,472	-0,615
Descanso/SC	19	2	1,95	0,842	0,488	-0,727
Chapecó/SC	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Passo Fundo/RS	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Barracão/PR	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Derrubadas/RS	26	1	1,00	0,000	0,000	-
Jaboticaba/RS	25	1	1,00	0,000	0,000	-
Tibagi/PR	25	2	1,17	0,000	0,147	1,000
Imbituva/PR	2	4	4,00	1,000	0,750	-0,333
Pato Branco/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Vitorino/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Clevelândia/PR	20	1	1,00	0,000	0,000	-
Chopinzinho/PR	32	1	1,00	0,000	0,000	-
Quilombo/SC	28	4	2,76	1,000	0,638	-0,566
Jaboticaba/RS	30	5	2,49	0,100	0,598	0,833
Seara/SC	46	11	5,37	0,565	0,814	0,305
Viçosa/MG	19	6	3,03	0,211	0,670	0,686
Dois Vizinhos/PR	45	8	4,27	0,556	0,766	0,275
Pato Branco/PR Quintais	9	3	2,05	0,444	0,512	0,133

Fonte: Autoria própria (2023)

APÊNDICE B - Frequências alélicas e alelos exclusivos nos treze locos microssatélites nos indivíduos de vinte e uma populações de jaboticabeiras nativas e plantadas

Locos	Alelos	IPO	DES	CHA	PF1	PF2	BAR	DER	JAB	TIB	IMB	PB	VIT	CLE	CHO	QUI	JAB2	SEA	VIÇ	DV	PB2	
EM2002	221	1,000	1,000	0,962	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,980	0,980	1,000	1,000	1,000	1,000	0,732	0,683	0,750	0,600	0,900	0,778	
	224	0	0	0,038	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0,268	0,317	0,250	0,400	0,100	0,222	
	227	0	0	0	0	0	0	0	0	0,02	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Exclusivos		-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
EM0072	125	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,732	0,983	0,913	1,000	0,980	1,000	
	131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,268	0,017	0,087	0	0,0200	0	
Exclusivos		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
EMC035	169	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,479	0,479	0,500	0,500	0,500	0,500	0,464	0,500	0,359	0,300	0,190	0,389	
	171	0	0	0,038	0	0	0	0	0	0,021	0,500	0	0	0	0	0	0,017	0,054	0,150	0,330	0,222	
	173	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,087	0,100	0,110	0,056	
	175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,036	0	0,043	0,075	0,110	0,056	
	177	0,500	0,500	0,462	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,479	0	0,500	0,500	0,500	0,5	0,232	0,167	0,141	0,050	0,170	0,222	
	179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,025	0	0	
	185	0	0	0	0	0	0	0	0	0,021	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,010	0
	189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,268	0,017	0,174	0	0,050	0
	197	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,300	0,130	0,300	0,030	0,056
	199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,011	0	0	0
201	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,021	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Exclusivos		-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-	
Pli001	150	0,500	0,500	0,423	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,460	0,021	0,500	0,500	0,450	0,500	0,589	0,267	0,370	0,225	0,230	0,222	
	152	0	0	0,077	0,020	0	0	0	0,020	0,040	0	0	0	0	0	0,179	0,55	0,457	0,675	0,170	0,500	
	154	0,500	0,500	0,500	0,480	0,500	0,500	0,500	0,480	0,460	0,479	0,500	0,500	0,500	0,500	0,196	0,167	0,141	0,100	0,310	0,278	

	156	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,479	0	0	0	0	0,036	0	0,033	0	0,110	0
	158	0	0	0	0	0	0	0	0	0,040	0,021	0	0	0	0	0	0,017	0	0	0,180	0
	168	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,050	0	0	0	0	0	0	0
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
	152	0	0	0,077	0	0	0	0	0	0,021	0	0	0	0	0	0,268	0,35	0,411	0,550	0,22	0,444
	154	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,409	0	0	0	0	0	0	0	0	0,010	0,111
PII002	156	1.000	1.000	0,923	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0,979	0,545	1.000	1.000	1.000	1.000	0,732	0,65	0,489	0,450	0,760	0,444
	158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,010	0
	167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,1	0	0	0
	180	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,045	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-
	177	0	0	0,038	0	0	0	0	0	0	0,333	0	0	0	0	0	0	0,011	0	0,020	0,167
	179	0,619	0,553	0,923	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0,958	0,333	1.000	1.000	1.000	1.000	0,196	0,333	0,293	0,45	0,420	0,444
PII012	181	0	0	0,038	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,036	0,35	0,522	0,45	0,170	0,278	
	183	0,143	0,184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,536	0,317	0,174	0,1	0,030	0,111	
	185	0,238	0,263	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,232	0	0	0	0	0	
	189	0	0	0	0	0	0	0	0	0,042	0,333	0	0	0	0	0	0	0	0	0,360	0
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	270	0	0	0,158	0,152	0,067	0,043	0,063	0,060	0,159	0,167	0,031	0,077	0	0,017	0	0,018	0	0,026	0,082	0
	272	0,500	0,500	0,211	0,391	0,433	0,717	0,500	0,500	0,614	0,389	0,781	0,731	0,636	0,586	0,714	0,679	0,826	0,605	0,653	0,688
EM1071	274	0	0	0,053	0,022	0	0,043	0	0	0	0,111	0	0	0	0	0,018	0	0	0	0,102	0
	276	0,500	0,500	0,553	0,435	0,500	0,196	0,438	0,420	0,227	0,278	0,188	0,192	0,364	0,397	0,286	0,286	0,174	0,368	0,163	0,313
	279	0	0	0,026	0	0	0	0	0,020	0	0,056	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	119	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,098	0	0,030	0
	121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,480	0	0	0	0	0	0	0	0	0,080	0
	125	0	0	0	0	0	0	0	0	0,060	0,040	0	0	0	0,016	0,071	0	0	0	0,150	0
	127	0,524	0,500	0,462	0,500	0,500	0,500	0,500	0,500	0,480	0	0,500	0,500	0,500	0,484	0,196	0,167	0,152	0,050	0,300	0,222
EM1102	129	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,020	0	0	0	0	0	0	0	0	0,030	0

	239	0,500	0,500	0,462	0,500	0,500	0,480	0,500	0,480	0,500	0,521	0,500	0,475	0,500	0,500	0,268	0,200	0,239	0,050	0,615	0,222
Pli010	242	0	0	0,077	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,022	0,050	0	0,333
	244	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,536	0,100	0,250	0,025	0,042	0,111
	247	0,5	0,5	0,462	0,5	0,5	0,52	0,5	0,52	0,5	0,458	0,5	0,525	0,5	0,500	0,196	0,700	0,489	0,875	0,344	0,333
	250	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,021	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Pli015	147	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0,732	0,667	0,685	0,526	0,875	0,833
	149	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,076	0	0,021	0,056
	174	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,105	0,042	0
	179	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,268	0,067	0,087	0	0,021	0,056
	187	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,25	0,152	0,368	0,042	0,056
	189	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,017	0	0	0	0
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Pli016	141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,079	0,031	0,056
	150	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,010	0
	152	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,792	0	0	0	0	0	0	0,141	0,026	0,418	0
	154	0	0	0,056	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,011	0,026	0	0,167
	156	1.000	1.000	0,889	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0,208	1.000	1.000	1.000	1.000	0,661	0,400	0,402	0,105	0,378	0,389
	158	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,071	0	0	0	0	0
	167	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,079	0,041	0
	169	0	0	0,056	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,017	0,054	0	0,010	0,167
	171	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,017	0,087	0,079	0,061	0,056
	174	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,053	0,020	0
	176	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0,141	0,263	0,020	0,167
	178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	184	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,283	0,076	0,289	0	0
216	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,268	0,033	0,087	0	0,010	0	
Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1	-

	188	0,619	0,579	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0,920	0	1.000	1.000	1.000	1.000	0,196	0,333	0,217	0,105	0,378	0,611	
	190	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,036	0	0,152	0	0	0,056	
	192	0,381	0,421	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0	0	0	0	0,5	0,05	0,304	0,158	0,067	0,333	
	194	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,022	0,105	0,044	0	
	199	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0	0	0	0	0	0	0,043	0,053	0,200	0	
Pli018	202	0	0	0	0	0	0	0	0	0,080	0,250	0	0	0	0	0	0	0,011	0,053	0	0	
	204	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,268	0,05	0,087	0	0,022	0	
	211	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,033	0	0	0	
	214	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,25	0	0	0	0	0	0,533	0,109	0,526	0,200	0	
	218	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,033	0,011	0	0,033	0	
	222	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,056	0	
	227	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,011	0	0	0	
	Exclusivos	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	1	-

Fonte: Autoria própria (2023)

APÊNDICE C - Porcentagem de frequências alélicas, alelos fixados em cada loco e total de alelos de treze locos microssatélites em vinte populações de jaboticabeiras nativas e plantadas

População	Frequências Alélicas (%)				Total (alelos)
	Baixa (Raros)	Média	Alta	Fixados	
Iporã do Oeste/SC	0 (0,0%)	2 (9,1%)	15 (68,2%)	5 (22,7%)	22
Descanso/SC	0 (0,0%)	1 (4,6%)	16 (72,7)	5 (22,7%)	22
Chapecó/SC	6 (17,1%)	10 (28,6%)	16 (45,7%)	3 (8,6%)	35
Passo Fundo/RS	1 (4,6%)	2 (9,1%)	12 (54,5%)	7 (31,8%)	22
Passo Fundo/RS 2	0 (0,0%)	2 (9,5%)	12 (57,2%)	7 (33,3%)	21
Barracão/PR	2 (9,5%)	1 (4,8%)	11 (52,4%)	7 (33,3%)	21
Derrubadas/RS	1 (4,5%)	2 (9,1%)	12 (54,6%)	7 (31,8%)	22
Jaboticaba/RS	3 (13,0%)	1 (4,4%)	12 (52,2%)	7 (30,4%)	23
Tibagi/PR	7 (24,2%)	4 (13,8%)	15 (51,7%)	3 (10,3%)	29
Imbituva/PR	9 (21,4%)	7 (16,7%)	24 (57,1%)	2 (4,8%)	42
Pato Branco/PR	1 (5,0%)	1 (5,0%)	11 (55,0%)	7 (35,0%)	20
Vitorino/PR	1 (4,6%)	3 (13,6%)	11 (50,0%)	7 (31,8%)	22
Clevelândia/PR	0 (0,0%)	1 (5,0%)	12 (60,0%)	7 (35,0%)	20
Chopinzinho/PR	3 (13,0%)	1 (4,4%)	12 (52,2%)	7 (30,4%)	23
Quilombo/SC	5 (11,6%)	15 (34,9%)	23 (53,5%)	0 (0,0%)	43
Jaboticaba/RS	13 (24,5%)	14 (26,4%)	26 (49,1%)	0 (0,0%)	53
Seara/SC	17 (23,6%)	38 (52,8%)	17 (23,6%)	0 (0,0%)	72
Viçosa/MG	8 (14,0%)	29 (49,1%)	20 (35,1%)	1 (1,8%)	57
Dois Vizinhos/PR	38 (45,8%)	29 (34,9%)	16 (19,3%)	0 (0,0%)	83
Pato Branco/PR Quintais	0 (0,0%)	33 (64,7%)	17(33,3%)	1 (2,0%)	51

Alelos raros ($p < 0,05$), alelos de baixa frequência ($0,05 > p < 0,25$), alelos de alta frequência ($p > 0,25$). Fonte: Autoria própria (2023)