

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “Júlio de Mesquita Filho”
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU**

**SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO EM *Myracrodruon urundeuva* Allemão
LC (Anacardiaceae) DE DIFERENTES BIOMAS DO BRASIL**

**Dezembro de 2023
Botucatu, São Paulo**

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “Júlio de Mesquita Filho”
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU

Sequenciamento de nova geração em *Myracrodruon urundeuva* Allemão LC
(Anacardiaceae) de diferentes biomas do Brasil

Marcelo Augusto Mendes Alcantara

Orientador: Prof. Dr. Celso Luis Marino

Coorientador: Dr. Bruno César Rossini

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Genética) do Instituto de Biociências, Campus de Botucatu, UNESP, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciências Biológicas (Genética).

Dezembro de 2023
Botucatu, São Paulo

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: MARIA CAROLINA A. CRUZ E SANTOS-CRB 8/10188

Alcantara, Marcelo Augusto Mendes.

Sequenciamento de nova geração em *Myracrodruon urundeuva* Allemão
LC (Anacardiaceae) de diferentes biomas do Brasil / Marcelo Augusto
Mendes Alcantara. - Botucatu, 2023

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista "Júlio de
Mesquita Filho", Instituto de Biociências de Botucatu

Orientador: Celso Luis Marino

Coorientador: Bruno Cesar Rossini

Capes: 20203004

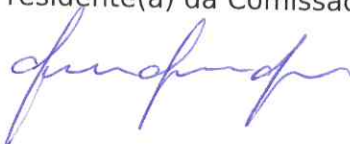
1. Biodiversidade. 2. Anacardiaceae. 3. Aroeira-do-sertão.
4. Variação genética. 5. Ecossistemas - Conservação da natureza.

Palavras-chave: Biodiversidade; Conservação; Marcadores
Moleculares; *Myracrodruon urundeuva*; Variabilidade Genética.

ATA DA DEFESA PÚBLICA DA TESE DE DOUTORADO DE MARCELO AUGUSTO MENDES ALCANTARA, DISCENTE DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (GENÉTICA), DO INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS - CÂMPUS DE BOTUCATU.

Aos 05 dias do mês de dezembro do ano de 2023, às 09:00 horas, no(a) Anfiteatro da Pós-Graduação, Central de Aulas., realizou-se a defesa de TESE DE DOUTORADO de MARCELO AUGUSTO MENDES ALCANTARA, intitulada **SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO EM Myracrodruon urundeuva Allemão LC (Anacardiaceae) DE DIFERENTES BIOMAS DO BRASIL**. A Comissão Examinadora foi constituída pelos seguintes membros: Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO (Orientador(a) - Participação Presencial) do(a) Departamento de Ciências Químicas e Biológicas / Instituto de Biociências UNESP, Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI (Participação Presencial) do(a) Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrônômicas - FCA/Botucatu - Unesp, Profa. Dra. KARINA MARTINS (Participação Presencial) do(a) Departamento de Biologia / Universidade Federal de São Carlos, Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES (Participação Presencial) do(a) Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia - Câmpus de Ilha Solteira - Unesp, Profa. Dra. DENISE SELIVON SCHEEPMACKER (Participação Presencial) do(a) Departamento de Genética e Biologia Evolutiva / Instituto de Biociências - Universidade de São Paulo - USP. Após a exposição pelo doutorando e arguição pelos membros da Comissão Examinadora que participaram do ato, de forma presencial e/ou virtual, o discente recebeu o conceito final: APROVADO ___. Nada mais havendo, foi lavrada a presente ata, que após lida e aprovada, foi assinada pelo(a) Presidente(a) da Comissão Examinadora.

Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO



Dedico ao meu Pai, Marco Antônio de Moraes Alcantara,
Ph. D. Que sempre sonhou e acreditou em ver seu filho
um dia também Doutor.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus, que está acima de todas as coisas. A toda a minha família, pelo apoio incondicional, a todo momento, em toda e qualquer situação, seja psicologicamente ou financeiramente, sem esse apoio, nada disso seria possível.

Agradeço ao Professor Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes, ao qual me orientou desde a graduação e sempre acreditou em mim. Sua inestimável contribuição foi essencial para a minha formação, em todos os aspectos, fica a minha eterna gratidão.

Ao Professor Dr. Celso Luis Mario, que me acolheu em seu laboratório e com seus ensinamentos, permitiu o meu desenvolvimento acadêmico, pessoal, profissional, seja na pesquisa, seja na gestão de pessoas.

Ao Dr. José Cambuim, por todo o ensinamento e vivência que eu poderia adquirir sobre campo, coleta, ecologia e genética na prática.

Ao Dr. Bruno Cesar Rossini, fundamental por todo o ensinamento, direcionamento, análises e auxílio durante o meu Mestrado e principalmente Doutorado, que de outra forma, este não teria acontecido.

A Selma Maria Bozzite de Moares, por todos os ensinamentos em genética e experimentação em laboratório, desde o início da minha caminhada no mundo acadêmico até os dias de hoje. Sem estes ensinamentos, não chegaria aonde cheguei.

Aos Amigos, colegas e ex-colegas de Ilha Solteira e Botucatu, do Laboratório de Genética de Populações e Silvicultura – LGPS e do Centro de Análises Genômicas – CAGEN, que fizeram ou ainda fazem parte dessa trajetória. Sem vocês eu igualmente não teria chegado aqui.

Aos alunos que tive a honra de ministrar aula neste período, como estágio ou substituto, onde mais aprendi do que ensinei.

A Universidade Estadual Paulista – UNESP, Meu segundo Lar, local que passei grande parte da minha vida, desde pequeno. Sou grato por ter feito parte desta instituição, por todo ensinamento, amizade e companheirismo. Pelo Corpo Docente de excelência, pelo corpo técnico gabaritado, por todos os funcionários que atuam diariamente pelo sucesso do ensino e da pesquisa em nosso país.

A Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pelo fomento durante todo o meu período de Doutorado.

Aos demais Laboratórios, institutos de Pesquisa e profissionais, que de alguma forma fizeram parte deste trabalho, direta ou indiretamente.

A minha namorada Raquel Peres Galdino, por todo apoio e compreensão durante os meses finais, sempre muito difíceis. Aos amigos de longa data ou recém-chegados em minha vida, que sempre estiveram ao meu lado, proporcionando grandes momentos e grandes discussões.

Finalmente, a todos que tiveram alguma contribuição não relacionada ao trabalho em si, seja grande ou pequena, foi determinante para o meu crescimento e desenvolvimento pessoal. Sempre levarei comigo os ensinamentos.

RESUMO

A variabilidade genética intrínseca às espécies é vital para sua adaptação ambiental e o Brasil, detentor de seis biomas terrestres distintos, se destaca neste panorama. Entretanto, muitas espécies nativas brasileiras, como *Myracrodruon urundeuva*, carecem de descrição do genoma, dificultando a busca por marcadores SNPs e um maior entendimento da espécie. O *Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing* (ddRADseq) por sua vez, emerge como uma abordagem valiosa, não dependendo de informações genômicas prévias, oferecendo potencial para futuros estudos genéticos, mesmo sem um genoma de referência. Tendo em vista este panorama, o presente trabalho tem como objetivos estabelecer um panorama biológico e histórico-social de *M. urundeuva*, conhecida como Aroeira, destacando sua distribuição geográfica, utilização e pesquisa. Em seguida, utilizando o sequenciamento por ddRADseq, busca-se construir uma biblioteca genômica a partir de amostras coletadas em quatro biomas e em um ecótono entre Cerrado e Mata-Atlântica. O foco está na compreensão da diversidade genética, distâncias entre populações e possível relação entre Marcadores SNPs e variáveis climáticas nos biomas de ocorrência da espécie. Para o estudo, foram coletadas amostras foliares de 115 indivíduos de *M. urundeuva* de quatro biomas, incluindo Caatinga, Cerrado, Mata-Atlântica e Pantanal, além do ecótono entre Cerrado e Mata-Atlântica. A extração do DNA genômico seguiu o protocolo adaptado de Doyle & Doyle (1990). A construção das bibliotecas de sequenciamento foi realizada conforme o protocolo de ddRAD proposto por Campos *et al.* (2017) e Peterson *et al.* (2012). O software STACKS v2.71 foi utilizado para identificar loci SNP nos indivíduos sequenciados. Análises estatísticas, incluindo DAPC, PCA, AMOVA, Teste de Mantel, F_{is} e F_{st} foram conduzidas utilizando pacotes R específicos. A estrutura populacional foi identificada pelo software fineRAD. A Rede de Haplótipos, Coeficiente de Endogamia (F_{is}) e a identificação de loci com potencial envolvimento em adaptação foram analisados usando pacotes especializados como 'poppr', 'hierfstat', 'pcadapt' e Análise de Redundância (RDA) com 'psych' e 'vegan' em ambiente R. O Sequenciamento resultou em 86,040,542 milhões de reads, com variação entre 264 e 2,667,829 milhões de reads por amostra. Após a criação do catálogo de marcadores, 88 amostras foram selecionadas, resultando em 1427 marcadores SNPs. A população de Seridó, Caatinga, apresentou 134 alelos privados, e a média de riqueza alélica foi 1.227 para as populações avaliadas. O Coeficiente de Endogamia (F_{is}) variou de 0.001 a 0.196. A diversidade genética revelou estruturação distinta entre as populações dos

biomas Caatinga, Mata-Atlântica e Pantanal, enquanto Cerrado e transição de biomas formaram um único cluster. As populações mostraram diferenças significativas no Coeficiente de Fixação de Wright (F_{st}) e distância genética, indicando diferenciação entre a Caatinga e as demais populações. A significativa divergência genética das populações da Caatinga destaca a necessidade de maior investigação neste bioma. O estudo enfatiza a importância da preservação da diversidade genética de *M. urundeuva*, sugerindo estratégias de conservação e manejo sustentável. Abordagens moleculares inovadoras são pertinentes para garantir um futuro promissor para esta espécie nativa de relevância econômica e ambiental.

Palavras-chave: Biodiversidade, *Myracrodruon urundeuva*, Marcadores Moleculares, Variabilidade Genética, Conservação.

ABSTRACT

The intrinsic genetic variability of species is crucial for their environmental adaptation, and Brazil, with its six distinct terrestrial biomes, stands out in this panorama. However, many native Brazilian species, such as *Myracrodruon urundeuva*, lack genome descriptions, hindering the search for SNP markers and a deeper understanding of the species. Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing (ddRADseq), in turn, emerges as a valuable approach, independent of prior genomic information, offering potential for future genetic studies even without a reference genome. In view of this context, this study aims to establish a biological and socio-historical overview of *M. urundeuva*, known as Aroeira, highlighting its geographical distribution, use, and research. Subsequently, using ddRADseq sequencing, the goal is to build a genomic library from samples collected in four biomes and in an ecotone between the Cerrado and the Atlantic Forest. The focus is on understanding genetic diversity, distances between populations, and the potential relationship between SNP markers and climatic variables in the species' occurrence biomes. For the study, leaf samples were collected from 115 individuals of *M. urundeuva* from four biomes, including Caatinga, Cerrado, Atlantic Forest, and Pantanal, as well as the ecotone between Cerrado and Atlantic Forest. Genomic DNA extraction followed the adapted protocol of Doyle & Doyle (1990). Library construction was carried out following the ddRAD protocol proposed by Campos *et al.* (2017) and Peterson *et al.* (2012). The STACKS v2.71 software was used to identify SNP loci in the sequenced individuals. Statistical analyses, including DAPC, PCA, AMOVA, Mantel Test, Fis, and Fst, were conducted using specific R packages. Population structure was identified using the fineRAD software. Haplotype Network, Coefficient of Inbreeding (F_{is}), and identification of loci with potential involvement in adaptation were analyzed using specialized packages such as 'poppr,' 'hierfstat,' 'pcadapt,' and Redundancy Analysis (RDA) with 'psych' and 'vegan' in the R environment. Sequencing resulted in 86,040,542 million reads, ranging from 264 to 2,667,829 million reads per sample. After creating the marker catalog, 88 samples were selected, resulting in 1427 SNP markers. The population of Seridó, Caatinga, presented 134 private alleles, and the average allelic richness was 1.227 for the populations evaluated. The Inbreeding Coefficient (F_{is}) ranged from 0.001 to 0.196. Genetic diversity revealed distinct structuring among populations from the Caatinga, Atlantic Forest, and Pantanal biomes, while the Cerrado and biome transition formed a single cluster. Populations showed significant differences in the Wright's Fixation

Coefficient (F_{st}) and genetic distance, indicating differentiation between the Caatinga and other populations. The significant genetic divergence of Caatinga populations highlights the need for further investigation in this biome. The study emphasizes the importance of preserving the genetic diversity of *M. urundeuva*, suggesting strategies for conservation and sustainable management. Innovative molecular approaches are relevant to ensuring a promising future for this native species with economic and environmental significance.

Keywords: Biodiversity, *Myracrodruon urundeuva*, Molecular Markers, Genetic Variability, Conservation.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	12
OBJETIVOS GERAIS.....	16
JUSTIFICATIVA.....	16
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	17

CAPÍTULO 1: Conservação e diversidade de *Myracrodruon urundeuva*: Uma breve análise histórica e socioambiental no contexto brasileiro.....

1. INTRODUÇÃO.....	25
2. OBJETIVOS.....	27
3. TAXONOMIA E CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE <i>Myracrodruon urundeuva</i>.....	27
4. DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E BIOMAS DE OCORRÊNCIA.....	29
5. ESTADO ATUAL DE CONSERVAÇÃO E TRANSFORMAÇÕES NO USO E MANEJO DE <i>M. urundeuva</i> AO LONGO DAS DÉCADAS.....	37
6. IMPACTO DA PESQUISA CIENTÍFICA NA VALORIZAÇÃO DE <i>M. urundeuva</i>, PERSPECTIVAS FUTURAS E POTENCIAIS APLICAÇÕES.....	41
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	45
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	46

CAPÍTULO 2: Biomas Brasileiros como Fatores Determinantes na Estrutura Populacional de *Myracrodruon urundeuva*: Uma Perspectiva Genética.....

1. INTRODUÇÃO.....	59
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	61
2.1. Material.....	61
2.1.1. Classificação climática dos biomas de procedência.....	63
2.1.1.1. Caatinga.....	63
2.1.1.2. Cerrado.....	64
2.1.1.3. Mata-Atlântica.....	65

2.1.1.4. Pantanal.....	66
2.1.1.5. Transição Cerrado-Mata-Atlântica.....	66
2.2. Métodos.....	67
2.2.1. Extração de DNA.....	67
2.2.2. Construção das bibliotecas para Sequenciamento por Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing (ddRADseq).....	67
2.2.3. Análise de bioinformática, tratamento das reads e identificação de SNPs....	69
3. RESULTADOS.....	74
3.1. Construção da biblioteca genômica e identificação de SNPs.....	74
3.2. Riqueza Alélica, Alelos privados e Heterozigosidade.....	80
3.3. Diversidade Genética e Estrutura Populacional.....	83
3.4. Distâncias Genéticas e Variáveis Climáticas.....	90
4. DISCUSSÃO.....	97
CONCLUSÕES.....	111
AGRADECIMENTOS.....	113
CONTRIBUIÇÕES.....	113
CONFLITO DE INTERESSES.....	113
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	113
ANEXO I.....	129
ANEXO II.....	133
ANEXO III.....	137
ANEXO IV.....	141

INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil possui em seu vasto território seis biomas distintos, dos quais muito ainda se faz necessário investigar. Nesse sentido, a preservação da biodiversidade e suas populações vegetais nativas é extremamente importante, tendo em vista a manutenção do equilíbrio natural. No entanto, advinda com a expansão progressista e o desenvolvimento rumo ao interior do país promovida pelo estado brasileiro no meio do século XX, a situação de muitos destes biomas precarizou-se em diferentes níveis de velocidade e impacto (Brasil, 2012; Gallo, 2010; Ribeiro *et al.*, 2016).

Dentre estes casos, a Mata Atlântica destaca-se por apresentar elevados indicadores de degradação florestal, tanto pela baixa quantidade quanto pela qualidade dos seus fragmentos restantes. A vegetação da Caatinga remanescente nas depressões sertanejas encontra-se bastante fragmentada e empobrecida. O Cerrado, por sua vez, perdeu ao menos 40% de sua cobertura nativa original e demonstra características estruturais e tipos de flora indicativa de que a antropização vem interferindo nos processos de sucessão das espécies vegetais nativas do bioma. O mesmo impacto pode ser encontrado também nos biomas Amazônia e Pantanal (Dias *et al.*, 2018; EMBRAPA, 2007; Nascimento *et al.*, 2016; Santos *et al.*, 2018).

As possibilidades de perda significativa de variabilidade genética, causadas pela atividade humana, principalmente devido à destruição de habitats com consequente limitação do potencial evolutivo futuro de muitas espécies, estão cada vez mais presentes. Entretanto, embora tenhamos cada vez mais informações consistentes sobre o nível de variabilidade genética em populações naturais, ainda pouco sabemos sobre as relações entre esta variabilidade e a adaptação e sobrevivência (Martins, 1987; Ferreira, 2016; Meira & Cabacinha, 2016; Raposo *et al.*, 2007). A variabilidade genética dentro de uma espécie é fundamental para garantir seu potencial adaptativo frente às adversidades ambientais e quantificar essa variabilidade dentro das populações é importante para avaliar como as espécies enfrentam o ambiente e se mantêm vivas e reprodutivas ao longo dos tempos. A análise da variabilidade genética das espécies nativas passou a ter hoje um papel de destaque na definição das estratégias de conservação e manejo de populações naturais (Bueno *et al.*, 2018; Gois *et al.*, 2014; Ferreira, 2016; Martins, 1987; Orioli, 2017; Ribeiro & Rodrigues, 2006; Soares & Nunes, 2013).

Visto que o fluxo gênico contrapõe os efeitos da deriva genética, uma maior conectividade entre fragmentos é necessária para garantir a riqueza alélica, diversidade e

alelos raros, que são mais suscetíveis a flutuações aleatórias que possam ser decorrentes do tamanho reduzido dos remanescentes florestais (Kageyama *et al.* 1998; Moraes *et al.* 1999; Moraes & Derbyshire, 2002). Importantes para a manutenção dos ecossistemas e de novas populações em cenários futuros de mudanças climáticas, mesmo que pequenos e isolados, estes fragmentos são potenciais fontes de propágulos, dispersores e polinizadores para o estabelecimento de faixas de vegetação, auxiliando ao contribuir e garantir a preservação das espécies. (Bittencourt *et al.*, 2019; Ribeiro *et al.*, 2016; Santos *et al.*, 2018; Viana *et al.*, 2018).

Como fatores responsáveis pela fragmentação, estão as queimadas, deposição de lixo, desmatamento para construção civil e agropecuária extensiva, mineração, entre outros usos, que têm impactado negativamente a vegetação nativa. Neste viés, maiores esforços precisam ser direcionados à investigação das formas de vida lenhosas tanto quanto para os demais táxons botânicos, evidenciando dessa maneira, a importante necessidade de estudos para conhecer o funcionamento e ajudar a criar estratégias para manejo e conservação, podendo ser desenvolvidos através de programas de restauração ecológica, controle das espécies exóticas e invasoras, conservação dos recursos naturais e corredores de biodiversidade (Dias & Moraes, 2018; Oliveira *et al.*, 2019; Santos *et al.*, 2018).

Das diversas espécies florestais impactadas da flora Brasileira, destaca-se *Myracrodruon urundeuva*, conhecida popularmente como Aroeira, Aroeira-preta ou Aroeira-do-sertão. Esta espécie figurou entre as ameaçadas de extinção pelo IBAMA devido à alta taxa de exploração por sua madeira considerada nobre e imputrescível (IBAMA, 1992). A espécie também possui atributos medicinais, fitoquímicos e ambientais comprovados em diversos estudos recentes e tem demonstrado ser um importante aliado na recuperação de áreas antropizadas e degradadas pelo homem (Guerra *et al.*, 2009; Moraes *et al.*, 2012; Souza *et al.*, 2013).

Historicamente em genética de populações florestais, os marcadores moleculares conhecidos como “microsatélites” (*Simple Sequence Repeat* – SSR) foram amplamente utilizados para detectar e estudar a estrutura populacional de uma ampla gama de espécies. Em muitos casos, esses marcadores têm se mostrado vantajosos, atingindo seus propósitos de fornecer subsídios para programas de conservação e manejo, como já desenvolvido para muitas espécies florestais, porém, o sequenciamento reduzido do genoma através do RADseq (*Restriction Associated DNA Sequencing*) oferece uma estratégia de custo-benefício que pode ser usada para estudar a variação genética em uma escala nunca antes imaginada, na ausência de um genoma de referência, como é o caso de *M.*

urundeuva. (Deschamps *et al.*, 2012; Fouet *et al.*, 2017; Vianna, 2015). Essa abordagem faz uso de marcadores SNPs (*Single Nucleotides Polymorphism*) e o seu método como um recurso de descoberta de marcadores pode aumentar muito a taxa na qual as bases genéticas de características de polimorfismo e diferenciação de indivíduos são identificadas em sistemas modelo ou não-modelares (Miller *et al.*, 2007).

Assim, com o desenvolvimento de técnicas de genotipagem em larga escala baseadas em *Single Nucleotide Polymorphisms* ou Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), o sequenciamento de DNA associado a sítios de restrição (*Digest Restriction Associated DNA Sequencing*, RADseq) tornou-se um dos avanços científicos importantes dentro das metodologias de sequenciamento genômico por identificar um grande número de marcadores. Como vantagem, o RADseq não requer nenhuma informação genômica prévia para os táxons em estudo e consequentemente, a técnica tornou-se uma abordagem amplamente usada para a descoberta e genotipagem de SNPs, demonstrando alto rendimento em estudos ecológicos e evolutivos de organismos não-modelo (Andrews *et al.*, 2016; Deschamps *et al.*, 2012; Fouet *et al.*, 2017; Morin *et al.*, 2009; Thrasher *et al.*, 2017; Vianna, 2015). A técnica permite, quando há um genoma de referência disponível, grande auxílio em uma análise RAD-seq, permitindo que os *loci* sejam mapeados e as estatísticas sejam calculadas entre os cromossomos deste e do genoma de referência, aumentando as possibilidades de exatidão no conjunto final de dados (Andrews *et al.*, 2016; Holmes & Rabosky, 2018; Morin *et al.*, 2009; Paris *et al.*, 2017).

O RADseq foi descrito originalmente utilizando-se uma enzima de restrição, porém atualmente o uso de duas enzimas de restrição (ddRAD-seq) tem se mostrado vantajosa por reduzir custos e melhorar a acurácia dos resultados (Peterson *et al.*, 2012). O RADseq têm enorme poder e versatilidade para a descoberta e genotipagem de SNPs, sendo utilizado amplamente em áreas como genômica ecológica, evolutiva, entre outras. A redução da cobertura de sequenciamento individual permitiu aumentar o tamanho dos conjuntos sequenciados e assim, a precisão e cobertura do sequenciamento. Essas abordagens de sequenciamento de representação reduzida, como o RADseq, são uma ferramenta de grande valia para estudos genômicos de populações naturais e auxiliam a maximizar o volume de dados e por exemplo, o retorno científico em um programa de seleção genômica em estudos com espécies de poucos dados genômicos ainda publicados (Andrews *et al.*, 2016; Davey *et al.*, 2011; Fischer *et al.*, 2017; Gorjanc *et al.*, 2017; Holmes & Rabosky, 2018).

Uma gama de outras técnicas derivadas também foram desenvolvidas nos últimos anos, empregando uma ou mais enzimas de restrição para digestão de DNA e determinar o conjunto de loci a ser sequenciado, sendo que algumas delas têm sido usadas mais amplamente que outras, a depender do objeto de estudo, financiamento, objetivo e adequação da abordagem para diferentes espécies. Exemplos de metodologias derivadas podem ser o *shotgun*, a Redução da Complexidade de Sequências Polimórficas (*Complexity reduction of polymorphic sequences*, CROPS), a Genotipagem por Sequenciamento (*Genotyping by sequencing*, GBS) ou a Representação Reduzida de Bibliotecas (*Reduced Representation Libraries*, RRLs) (Andrews *et al.*, 2016; Davey *et al.*, 2011; Deschamps *et al.*, 2012; Konar *et al.*, 2017).

Assim como as metodologias, empregos da técnica de RADseq evoluíram ao longo dos anos, também evoluíram as fabricantes de equipamentos e sequenciadores. Este avanço proporcionou equipamentos que oferecem uma ampla gama de comprimentos de leitura de sequência e grande capacidade de sequenciamento, aumentando significativamente o volume de dados e permitindo uma maior cobertura no sequenciamento de genomas e/ou transcritomas em uma única corrida, o que é extremamente relevante em razão da grande redução de custo por base sequenciada alcançada com esses equipamentos. Aliado a isso, a implementação de indexação permitiu a multiplexação de experimentos, de modo que muitos projetos individuais pudessem ser realizados em paralelo, reduzindo ainda mais o custo e o esforço necessário para obter resultados como em projetos de mapeamento genômico (Andrews *et al.*, 2016; Beird *et al.*, 2008; Carvalho & Silva, 2010; Davey *et al.*, 2011; Li, 2011; Zhang *et al.*, 2015).

Infelizmente, no caso de muitas espécies nativas brasileiras como *M. urundeuva*, não há até o momento descrição de seu genoma completo realizado por sequenciamento de nova geração (NGS) ou outra técnica, o que dificulta a busca por marcadores SNPs, porém este fato permite que o uso da técnica de RAD-seq venha a contribuir na geração de futuros dados uma vez que pode ser utilizada sem um genoma referência. Outros estudos genéticos na espécie e em gêneros relacionados são escassos, sendo apenas descritos estudos com marcadores moleculares microssatélites (Souza *et al.*, 2018; Cornacini *et al.*, 2021; Manoel *et al.*, 2021) ou estudos quantitativos (Canuto *et al.*, 2016; Feliciano *et al.*, 2008; Moraes *et al.*, 2005; Otsubo *et al.*, 2015; Tung *et al.*, 2010). Mais recentemente, Rossini *et al.* (2021) através de sequenciamento de nova geração descreveu o genoma cloroplastidial de *M. urundeuva*, bem como marcadores microssatélites associados a organela, além de explorar

as relações filogenéticas na família Anacardiaceae, auxiliando no avanço do conhecimento genético da espécie.

Portanto, é de grande importância que demais estudos sejam realizados com a espécie, para o enriquecimento de dados e conhecimento sobre a biologia de *M. urundeuva*, visando a sua preservação e possibilidades futuras de exploração sustentável.

OBJETIVOS GERAIS

- Estabelecer um breve panorama biológico e histórico-social da espécie, a pesquisa aplicada e seu uso nos diversos biomas nacionais de sua ocorrência.
- Construir uma biblioteca genômica da espécie por *Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing* (ddRADseq) a partir da coleta de *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie e de um ecótono Cerrado - Mata-Atlântica entre os estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo.
- Estimar, avaliar a diversidade genética e possíveis distâncias entre populações destes biomas nacionais e área de transição entre biomas (ecótono)
- Traçar um possível paralelo entre Marcadores SNPs e variáveis climáticas para os biomas de ocorrência da espécie

JUSTIFICATIVA

Myracrodruon urundeuva é uma das muitas espécies nativas do Brasil de grande interesse econômico e ambiental tanto por seus atributos fisiológicos, fitoquímicos e medicinais, quanto por sua plasticidade e adaptabilidade aos diversos biomas nacionais. A espécie que já constou na lista de espécies ameaçadas do IBAMA é até hoje classificada como vulnerável. Diante deste panorama, faz-se necessário o desenvolvimento de estratégias para conservação de espécie, assim como um maior entendimento da espécie e de sua genética populacional. Para tal, este trabalho foi dividido em dois capítulos; No primeiro, estabelecendo um breve panorama de conservação, utilização, pesquisa e potencial da espécie, a partir de uma revisão de literatura; No segundo, focalizando no sequenciamento de nova geração (NGS) como ferramenta robusta para a obtenção de dados genéticos, diversidade populacional, estrutura genética e associações climáticas por meio da identificação de Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs). Ao empregar o NGS, esta tese busca avançar na compreensão da variabilidade genética de *Myracrodruon*

urundeuva em diferentes biomas, contribuindo para estratégias mais eficazes de conservação e manejo da espécie.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Andrews, KR. *et al.* (2016) Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews*. v. 17, p. 81 – 92.

Baird, NA. *et al.* (2008) Rapid SNP Discovery and Genetic Mapping Using Sequenced RAD Markers. *PLoS ONE*. v. 3, n. 10, 7p.

Bittencourt, R. *et al.* (2019) Diversidade e estrutura genética de populações de *Podocarpus lambertii* Klotzsch ex Endl. na floresta ombrófila mista em Santa Catarina. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 29, n. 1, p. 63-74.

Bueno, ML. *et al.* (2018) Flora arbórea do Cerrado de Mato Grosso do Sul Iheringia, Série Botânica, Porto Alegre, v. 73(supl.), p. 53-64.

Canuto, DSO. *et al.* (2016) Genetic variability in *Myracrodruon urundeuva* (Allemão) Engl. progeny tests. *Open Journal of Forestry*, v. 7, p. 1-10.

Carvalho, MCG. & Silva, DCG. (2010) Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 40, n. 3, p. 735-744.

Cornacini, MR. *et al.* (2021) Detection and application of novel SSR markers from transcriptome data for *Astronium fraxinifolium* Schott, a threatened Brazilian tree species. *Molecular Biology Reports*. v. 48, p. 3165 – 3172.

Deschamps, S. *et al.* (2012) Genotyping-by-Sequencing in Plants. *Biology*, v. 1, p. 460-483, 2012.

Davey, JW. *et al.* (2011) Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. *Nature Reviews*. v. 12, p. 499 – 510, 2011.

Dias, UNS. *et al.* (2018) O componente arbustivo-arbóreo em área de Depressão Sertaneja Meridional em Petrolina, PE. *Pesquisa florestal brasileira*, Colombo, v. 38, p. 1-11.

Dias, A. & Morais, IL. (2018) Conservação da biodiversidade: flora arbórea da área de proteção ambiental Serra Do Veado, Cezarina, GO. IN: IX Simpósio Nacional de Ciência e Meio Ambiente – SNCMA – III CIPEEX, Anais do III CIPEEX - Ciência para a redução das desigualdades, v. 2, p. 435-445.

Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (2007) Agência de informação Embrapa: Bioma cerrado. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia16/AG01/Abertura.html>> Brasil, Ministério da agricultura, Pecuaria e Abastecimento, 2007.

Feliciano, ALP. *et al.* (2008) Morfologia de sementes, de plântulas e de plantas jovens de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Allemão). Revista de Biologia e Ciências da Terra, Aracaju, v. 8, n. 1, p. 198-206

Ferreira, JB. (2016) Impactos causados pelo extrativismo, uso da terra e manejo na persistência de populações de *Dipteryx alata* Vog. (Baru) no Cerrado. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, 47p.

Fischer, MC. *et al.* (2017) Estimating genomic diversity and population differentiation – an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*. BMC Genomics, v. 18, n. 69, 15 p.

Fouet, C. *et al.* (2017) Extensive genetic diversity among populations of the malaria mosquito *Anopheles moucheti* revealed by population genomics. Infection, Genetics and Evolution, v. 48, p. 27–33.

Gallo, F. (2010) As preocupações com a integração territorial do brasil e o pensamento geopolítico nacional: a relevância da aviação na ocupação do país. Entre-Lugar, Dourados, v. 1, n. 2, p. 57-74.

Gois, IB. *et al.* (2014) Variabilidade genética em populações naturais de *Ziziphus joazeiro* Mart., por meio de marcadores moleculares RAPD. Revista Árvore, Viçosa, v. 38, n. 4, p. 621-630.

Gorjanc, G. *et al.* (2017) Potential of Low-Coverage Genotyping-by-Sequencing and Imputation for Cost-Effective Genomic Selection in Biparental Segregating Populations. Crop Science, v. 57, p. 1404-1420.

Guerra, CRSB. *et al.* (2009) Estratégias de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 37, n. 81, p. 079-087.

Holmes, I. & Rabosky, ARD. (2018) Natural history bycatch: a pipeline for identifying metagenomic sequences in RADseq data. PeerJ. e4662, 16p.

Instituto Brasileiro Do Meio Ambiente E Dos Recursos Naturais Renováveis – IBAMA (1992) Lista oficial de espécies da flora brasileira ameaçadas de extinção. Diário Oficial da União, Brasília, p. 169-173.

- Kageyama, PY. *et al.* (1998) Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. Série Técnica IPEF, Piracicaba, Vol. 12, No. 32, p. 65-70.
- Konar, A. *et al.* (2017) High-quality genetic mapping with ddRADseq in the non-model tree *Quercus rubra*. BMC Genomics, v. 18, n. 417, 12 p.
- Li, HA. (2011) statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. Bioinformatics, v. 27, n. 21, p. 2987–2993.
- Lesur, I. *et al.* (2018) Development of target sequence capture and estimation of genomic relatedness in a mixed oak stand. Frontiers in Plant Science, v. 9, n. 996, 16 p.
- Martins, PS. (1987) Estrutura populacional, fluxo gênico e Conservação "in situ". Scientia Florestalis, Piracicaba, No. 35, p.71-78.
- Meira, MR. & Cabacinha, CD. (2016) Manejo Sustentável do Barbatimão no Norte de Minas Gerais. Floresta e Ambiente, v. 23, n. 1, p. 61-69.
- Miller, MR. *et al.* (2007) Rapid and cost-effective polymorphism identification and genotyping using restriction site associated DNA (RAD) markers. Genome Research, v. 17, p. 240–248.
- Moraes, PLR. *et al.* (1999) Conservação genética de populações de *Cryptocarya moschata* Nees (Lauraceae) na Mata Atlântica do estado de São Paulo. Brazilian Journal of Botany, São Paulo, Vol. 22, No. 2(suplemento), p.237-248.
- Moraes, PLR. & Derbyshire, MTVC. (2002) Estrutura genética de populações naturais de *Cryptocarya aschersoniana* mez (lauraceae) através de marcadores isoenzimáticos. Biota Neotropica, Campinas, Vol. 2, No. 2, 19 p.
- Moraes MLT, *et al.* (2005) Diversidade e estrutura espacial em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Sob diferentes condições antrópicas. Rev. Árvore 29(2):281-289.
- Moraes, MA. *et al.* (2012) Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão – Anacardiaceae. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 40, n. 93, p. 069-076.
- Morin, PA. *et al.* (2009) Assessing statistical power of SNPs for population structure and conservation studies. Molecular Ecology Resources. v. 9, p. 66–73.
- Nascimento, ER. *et al.* (2016) Configuração dos remanescentes florestais em uma área da Mata Atlântica do nordeste do Brasil: orientando medidas de conservação em escala municipal. Scientia Plena, Aracaju, v. 12, n. 08, 10 p.

Oliveira, GM. *et al.* (2019) Environmental stress, future climate, and germination of *Myracrodruon urundeuva* seeds. *Journal of Seed Science*, Londrina, v. 41, n. 1, p. 032-043.

Orioli, LS. (2017) Efeitos de uso de terra e manejo em populações de *Annona crassiflora* Mart. no Cerrado. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, 48p.

Otsubo, HCB. *et al.* (2015). Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão sul-mato-grossense. *Cerne*, 21(4), 535-544. <https://doi.org/10.1590/01047760201521041317>.

Paris, JR. *et al.* (2017) Lost in parameter space: a road map for STACKS. *Methods in Ecology and Evolution*. v. 8, p. 1360–1373.

Peterson, BK. *et al.* (2012) Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS One*, v. 7, p. 1-11.

Raposo, A. *et al.* (2007) Diversidade genética de populações de andiroba no Baixo Acre. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v. 42, n. 9, p. 1291-1298.

Ribeiro, RA. & Rodrigues, FM. (2006) Genética da conservação em espécies vegetais do cerrado. *Revista de Ciências médicas e biológicas*, Salvador, v. 5, n. 3, p. 253-260.

Ribeiro, NP. *et al.* (2016) Biodiversidade e conservação de recursos genéticos de espécies arbóreas. *Multitemas*, Campo Grande, v. 21, n. 50, p. 31-49.

Santos, JWMC. *et al.* (2018) Caracterização da flora arbórea na mata ciliar do córrego Arareau no perímetro urbano de Rondonópolis (Mato Grosso). *Biodiversidade, Rondonópolis*, v. 17, n. 1, p. 127-142.

Shih, KM. *et al.* (2018) Adaptive genetic divergence despite significant Isolation-by-Distance in populations of Taiwan Cow-Tail Fir (*Keteleeria davidiana* var. *formosana*). *Frontiers in Plant Science*, v. 9, n. 92, 18 p.

Soares, MP. & Nunes, YRF. (2013) Regeneração natural de cerrado sob plantio de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn. no norte de Minas Gerais, Brasil. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 60, n.2, p. 205-214.

Souza, DCL. *et al.* (2018) Development of microsatellite markers for *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão), a highly endangered species from tropical forest based on next-generation sequencing. *Molecular Biology Reports*. v. 45, p. 71–75.

Souza, SM. *et al.* (2013) Análise dos fragmentos florestais urbanos da cidade de Vitória – ES. REVSBAU, Piracicaba, v. 8, n. 1, p. 112-124.

Thrasher, D.J. *et al.* (2018) Double-digest RAD sequencing outperforms microsatellite loci at assigning paternity and estimating relatedness: A proof of concept in a highly promiscuous bird. Molecular Ecology Resources. v. 18, p. 953–965.

Tung, ESC. *et al.* (2010) Variação genética para caracteres silviculturais e anatômicos da madeira em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 38, n. 87, p. 499- 508.

VIANA, JPG. *et al.* (2018) Genomic diversity is similar between Atlantic Forest restorations and natural remnants for the native tree *Casearia sylvestris* Sw. Plos One, v. 13, n. 3, 14 p.

Vianna, LS. (2015) Caracterização da diversidade genética de duas populações naturais de *Vochysia bifalcata* WARM no Parque Nacional Do Caparaó/ES. Nucleus, Ituverava, v. 12, n. 1.

Zhang, HW. *et al.* (2015) Development and validation of single nucleotide polymorphism markers in *Odontobutis potamophila* from transcriptomic sequencing. Genetics and Molecular Research. v. 14, n. 1, p. 2080-2085.

CAPÍTULO 1: Conservação e diversidade de *Myracrodruon urundeuva*: Uma breve análise histórica e socioambiental no contexto brasileiro.

Marcelo Augusto Mendes Alcantara¹, Bruno César Rossini², Marcela Aparecida de Moraes Silvestre¹, José Cambuim⁴, Mario Luiz Teixeira de Moraes³, Celso Luis Marino¹

¹ Departamento de Ciências Químicas e Biológicas, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, São Paulo, Brasil.

² Instituto de Biotecnologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, São Paulo, Brasil.

³ Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

⁴ Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

RESUMO

Myracrodruon urundeuva, conhecida popularmente como Aroeira, Aroeira-preta ou Aroeira-do-sertão, apresenta uma distribuição geográfica abrangente em diversos biomas brasileiros. Destaca-se especialmente nos biomas do Cerrado e da Caatinga, mostrando notável adaptação a condições climáticas e de solo desafiadoras. A espécie também exibe variações genéticas em diferentes nichos ecológicos nos biomas Mata Atlântica e Pantanal, refletindo as diversas pressões ambientais e históricas ao longo do tempo. Vários autores exploraram padrões de variabilidade e estruturação populacional, oferecendo estudos cruciais para a conservação e manejo da espécie. Assim, práticas adequadas de manejo podem contribuir para preservar essa diversidade genética, mantendo a resiliência adaptativa da espécie diante das recentes mudanças ambientais globais. Neste sentido, este estudo visa compilar informações abrangentes e fundamentadas sobre a Aroeira (*M. urundeuva*), proporcionando insights sobre sua biologia, trajetória ambiental, genética e importância socioeconômica. Destaca-se sua relevância para comunidades tradicionais no contexto brasileiro, considerando o impacto significativo das atividades humanas no status de conservação e práticas de manejo ao longo das décadas. O status de conservação de *M. urundeuva* no Brasil foi influenciado por diversos fatores, culminando em regulamentações

legais para proteger a espécie em seus habitats. Devido o processo contínuo de domesticação da Aroeira, surgem diversas questões, incluindo o manejo apropriado da espécie, variações de manejo conforme o bioma/região de ocorrência, influência de variáveis climáticas e tipo de solo na fenologia e produtividade, estimativa de produtividade de madeira por hectare, tempo de corte/exploração e qualidade da madeira, exploração e qualidade de produtos não madeireiros, variabilidade genética em biomas/regiões de ocorrência, construção do genoma e identificação de alelos/genes de interesse, formação de pomares de sementes com qualidade genética, entre outros. A compreensão desse contexto histórico é essencial para o desenvolvimento de estratégias de conservação mais eficazes no presente e no futuro. Ademais, a investigação do uso histórico de plantas nativas do Cerrado na medicina tradicional é uma área relevante de pesquisa para compreender as relações entre humanos e plantas e uma potencial fonte de compostos bioativos. *M. urundeuva* possui relevância significativa nos contextos de biodiversidade e conservação. Nesse sentido, análises taxonômicas e morfológicas destacam a singularidade e complexidade dessa planta, enfatizando sua importância ecológica nos biomas em que habita. A investigação de sua distribuição geográfica destaca a presença expressiva da *M. urundeuva* em diversas regiões, ressaltando a necessidade de estratégias de preservação em áreas vulneráveis. O estado atual de conservação e as mudanças no uso e manejo da *M. urundeuva* revelam a influência substancial das atividades humanas sobre essa espécie. Também, a exploração descontrolada e a perda de habitat apresentam desafios urgentes para sua preservação. Por outro lado, o avanço da pesquisa científica demonstra um potencial notável na valorização da Aroeira, especialmente em áreas como fitomedicina e indústria cosmética.

Palavras-chave: *Myracroduton urundeuva*, Biodiversidade, Conservação genética, Manejo sustentável, Interação humano-planta

ABSTRACT

Myracroduton urundeuva, commonly known as Aroeira, Aroeira-preta, or Aroeira-do-sertão, has a comprehensive geographic distribution across various Brazilian biomes. It particularly stands out in the Cerrado and Caatinga biomes, demonstrating remarkable adaptation to challenging climatic and soil conditions. The species displays genetic variations in different ecological niches within the Cerrado, Caatinga, Mata

Atlântica, and Pantanal biomes, reflecting diverse environmental and historical pressures over time. Several authors have explored patterns of variability and population structure, providing crucial insights for the conservation and management of the species. Proper management practices can contribute to preserving this genetic diversity, maintaining the species' adaptive resilience in the face of recent global environmental changes. This study aims to compile comprehensive and well-founded information about Aroeira (*M. urundeuva*), providing insights into its biology, environmental history, genetics, and socio-economic importance. Its relevance to traditional communities in the Brazilian context is highlighted, considering the significant impact of human activities on conservation status and management practices over the decades. The conservation status of *M. urundeuva* in Brazil has been influenced by various factors, leading to legal regulations to protect the species in its habitats. Due to the ongoing domestication process of Aroeira, several questions arise, including appropriate species management, variations in management according to the biome/region of occurrence, the influence of climatic variables and soil type on phenology and productivity, estimation of wood productivity per hectare, cutting/exploitation time and wood quality, exploitation and quality of non-timber forest products, genetic variability in biomes/regions of occurrence, genome construction, and identification of alleles/genes of interest, formation of seed orchards with genetic quality, among others. Understanding this historical context is essential for developing more effective conservation strategies in the present and future. The investigation of the historical use of native Cerrado plants in traditional medicine is a crucial research area to understand human-plant relationships and a potential source of bioactive compounds. *M. urundeuva* holds significant relevance in biodiversity and conservation contexts. Taxonomic and morphological analyses highlight the uniqueness and complexity of this plant, emphasizing its ecological importance in the biomes it inhabits. The investigation of its geographic distribution emphasizes the significant presence of *M. urundeuva* in various regions, underscoring the need for preservation strategies in vulnerable areas. The current conservation status and changes in the use and management of *M. urundeuva* reveal the substantial influence of human activities on this species. Uncontrolled exploitation and habitat loss pose urgent challenges for its preservation. On the other hand, advances in scientific research demonstrate notable potential in valuing Aroeira, especially in areas such as phyto-medicine and the cosmetic industry.

Keywords: *Myracrodunon urundeuva*, Biodiversity, Genetic Conservation, Sustainable

1. INTRODUÇÃO

Conhecida popularmente como Aroeira, Aroeira-preta ou Aroeira-do-sertão, *Myracrodruon urundeuva* apresenta uma distribuição geográfica abrangente que abarca diversos biomas brasileiros (Souza *et al.* 2018; Silva *et al.* 2018). Essa espécie é especialmente proeminente nos biomas do Cerrado e da Caatinga, onde demonstra notável adaptação às condições adversas de clima e solo (Figuerôa *et al.*, 2004). No Cerrado, *M. urundeuva* é frequentemente encontrada em áreas de transição entre os cerradões e os cerrados mais abertos, conferindo-lhe uma posição ecológica de grande importância nesse bioma (Martelo, 2022). Estudos realizados por diversos autores como Cambuim *et al.* (2018), Moraes *et al.* (1992), Freitas *et al.* (2004), Freitas *et al.* (2005), Freitas *et al.* (2006), Moraes (2004), Moraes *et al.* (2005), Souza *et al.* (2018), entre outros, corroboram com a importância ecológica de *M. urundeuva*, especialmente em regiões de transição entre biomas. Os autores destacam a contribuição significativa da aroeira na diversidade vegetal do Cerrado, ressaltando sua capacidade de prosperar em condições desafiadoras. Além disso, enfatizam a relevância da aroeira na Caatinga, onde atua como um componente essencial da flora, contribuindo para a manutenção da biodiversidade nesse bioma.

A espécie também pode ser encontrada em áreas de transição entre a Caatinga e a Mata Atlântica, revelando a sua capacidade de se adaptar a diferentes regimes climáticos e edáficos. Esta ampla distribuição nos biomas brasileiros é um testemunho da versatilidade ecológica da espécie, conferindo-lhe uma relevância singular na flora nativa do país ao longo das décadas. Trovão *et al.* (2007) ressaltam que a presença de *M. urundeuva* nos ecossistemas semiáridos do Brasil demonstra notável capacidade adaptativa desta espécie. No domínio da Caatinga, a espécie desempenha um papel ecológico de destaque, sendo uma das espécies arbóreas mais emblemáticas desse bioma semiárido (Marangon *et al.* 2013). Sua ocorrência nesse contexto reforça a importância da Aroeira na manutenção da biodiversidade e equilíbrio ecológico em ambientes que enfrentam desafios extremos de disponibilidade hídrica. Além disso, a Aroeira ou Aroeira-do-sertão, também encontra o seu nicho ecológico na Mata Atlântica, principalmente em áreas de transição com o Cerrado, onde ocorrem solos mais pobres e secos. A sua presença nesse bioma ressalta a plasticidade adaptativa da espécie e a sua capacidade de colonizar diferentes tipos de

ambientes.

A Aroeira ao ocupar nichos ecológicos distintos nos biomas do Cerrado, Caatinga, Mata Atlântica e Pantanal, apresenta variações genéticas que refletem as diferentes pressões ambientais e históricas a que foi submetida ao longo do tempo (Martelo, 2022). Diversos autores discerniram sobre os padrões de variabilidade e estruturação populacional, nesse contexto, fornecendo contribuições cruciais para estratégias de conservação e manejo da espécie e a aplicação de práticas adequadas de manejo pode contribuir para a preservação dessa diversidade genética, mantendo a resiliência adaptativa da espécie diante das recentes mudanças ambientais no cenário mundial (Pereira Junior *et al.* 2014). Além disso, estratégias que promovam a conectividade entre as populações da espécie em diferentes áreas geográficas podem mitigar os efeitos do isolamento e fragmentação, preservando assim a variabilidade genética essencial para a viabilidade a longo prazo da espécie.

No contexto social, *M. urundeuva* tem sido uma peça fundamental na subsistência e cultura das comunidades tradicionais, com seus usos abrangendo domínios medicinais, rituais e alimentares. Esta planta assumiu um papel de destaque na identidade dessas comunidades e suas histórias regionais (Amorozo *et al.*, 2016). A evolução dos padrões de uso e manejo em resposta a fatores socioeconômicos e ambientais reconfigurou a relação entre a espécie e as comunidades tradicionais (Santos *et al.*, 2014). Nesse sentido, a pesquisa em genética de populações florestais também desempenha um papel fundamental ao oferecer uma perspectiva sobre a adaptação e variabilidade genética da espécie mesmo diante das pressões seletivas ambientais provocadas pelas constantes mudanças das atividades antrópicas.

Por isso, a preservação a longo prazo de espécies nativas é um objetivo central para a manutenção da biodiversidade e a estabilidade dos ecossistemas (Kageyama *et al.*, 1998). Neste contexto, estudos sociais e ambientais desempenham um papel fundamental ao fornecer contribuições e perspectivas valiosas sobre as interações entre comunidades humanas e as espécies nativas. (Oliveira *et al.*, 2016) têm demonstrado que compreender as dinâmicas socioambientais é essencial para o desenvolvimento de estratégias eficazes de conservação. Nesse contexto, a genética de populações desempenha um papel de grande importância na preservação a longo prazo das espécies nativas.

A análise da diversidade populacional, heterozigosidade e diferenciação genética permite avaliar o estado de saúde das populações e identificar potenciais ameaças. Autores como Sebbenn *et al.* (2004), Kageyama *et al.* (1998) e Moraes *et al.* (1992) demonstram

como a abordagem genética pode complementar os estudos sociais e ambientais, fornecendo uma compreensão mais abrangente das populações e suas necessidades de conservação. Além disso, a integração de dados genéticos com estudos sociais e ambientais permite uma abordagem mais holística para a preservação das espécies nativas. É de suma importância uma abordagem interdisciplinar para enfrentar os desafios de conservação pois somente entre diferentes áreas de pesquisa se darão o desenvolvendo de estratégias sustentáveis e adaptáveis às complexidades dos ecossistemas naturais.

2. OBJETIVOS

Este trabalho tem como objetivo compilar estudos e informações relevantes à Aroeira (*Myracrodruon urundeuva*), proporcionando uma visão abrangente e fundamentada sobre sua biologia, trajetória ambiental, genética e socioeconômica, acentuando ainda a importância da espécie para as comunidades tradicionais no contexto brasileiro.

3. TAXONOMIA E CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE *Myracrodruon urundeuva*

Myracrodruon urundeuva Allemão LC, também conhecida como Aroeira, Aroeira-do-Sertão, Aroeira-preta, pertencente à família Anacardiaceae. É uma árvore de alta densidade de madeira que possui grande resistência mecânica e é praticamente imputrescível. Possui altura de seis a quatorze metros e tronco com cinquenta a oitenta centímetros de diâmetro aproximadamente, podendo exercer valores superiores em áreas de solo mais fértil. Seu fruto é uma drupa globosa ou ovóide, com um cálice persistente. A semente é piriforme, com tegumento membranáceo, desprovido de endosperma (Figura 1). Suas sementes são tolerantes a uma ampla gama de temperaturas e potenciais osmóticos. A coleta de propágulos dessa espécie pode ser realizada entre agosto e novembro, não havendo necessidade de tratamento de escarificações tegumentares, uma vez que se observou ausência de dormência física. É uma planta decídua, heliófila, seletiva xerófita, ocorre em agrupamentos densos, tanto formações abertas e muito secas, como em formações muito úmidas e fechadas (Feliciano *et al.*, 2008; Lorenzi, 2008; Nunes *et al.*, 2008; Oliveira *et al.*, 2019; Silva *et al.*, 2017).



Figura 1. Frutos verdadeiros de *M. urundeuva* (Fonte: Autor)

A espécie permite a seleção de indivíduos em várias condições de plantio e apresenta boa adaptação às condições ambientais de diversos biomas evidenciados por suas altas taxas de sobrevivência e não é apenas uma espécie pioneira, mas também tolera as condições dos estágios sucessionais avançados (Figura 2). Possui potencial para atuar como fitoextrator e fotoestabilizante do cobre em solos contaminados, responde positivamente ao pó de cimento, concluindo ser adequada para futuras investigações quanto ao potencial de reflorestamento de áreas impactadas por poeira de cimento (Asensio *et al.*, 2019; Guerra *et al.*, 2009; Moraes *et al.*, 2012; Rodriguez *et al.*, 2017; Siqueira-Silva *et al.*, 2017).



Figura 2. Teste de progênies e procedências de *M. urundeuva* em adensamento de 3m por 1m instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS), localizada no município de Selvíria, Mato Grosso do Sul. (Fonte: Autor)

4. DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E BIOMAS DE OCORRÊNCIA

O Brasil é formado por seis biomas de características distintas: Amazônia, Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica, Pampa e Pantanal. Cada um desses ambientes abriga diferentes tipos de vegetação e de fauna. *M. urundeuva* é uma espécie nativa do Brasil e presente em quatro dos seis biomas nacionais, assim como em seus ecótonos (Figura 3) (Carvalho, 1994; Justino *et al.*, 2017; Lorenzi, 2008). Vulgarmente conhecida como Aroeira, Aroeira-Preta ou Aroeira-do-sertão, é uma espécie arbórea endêmica da América do Sul, notadamente abundante no bioma da Caatinga. Esta espécie exibe uma extraordinária adaptação às condições adversas do clima semiárido, sendo uma das espécies arbóreas mais proeminentes nesse bioma (Lima *et al.*, 2017). A presença da *M. urundeuva* é extensivamente documentada em diversos estados do Nordeste brasileiro,

como Pernambuco, Paraíba, Ceará, Bahia e Rio Grande do Norte, constituindo um componente essencial na composição florística da Caatinga (Araújo *et al.*, 2016).

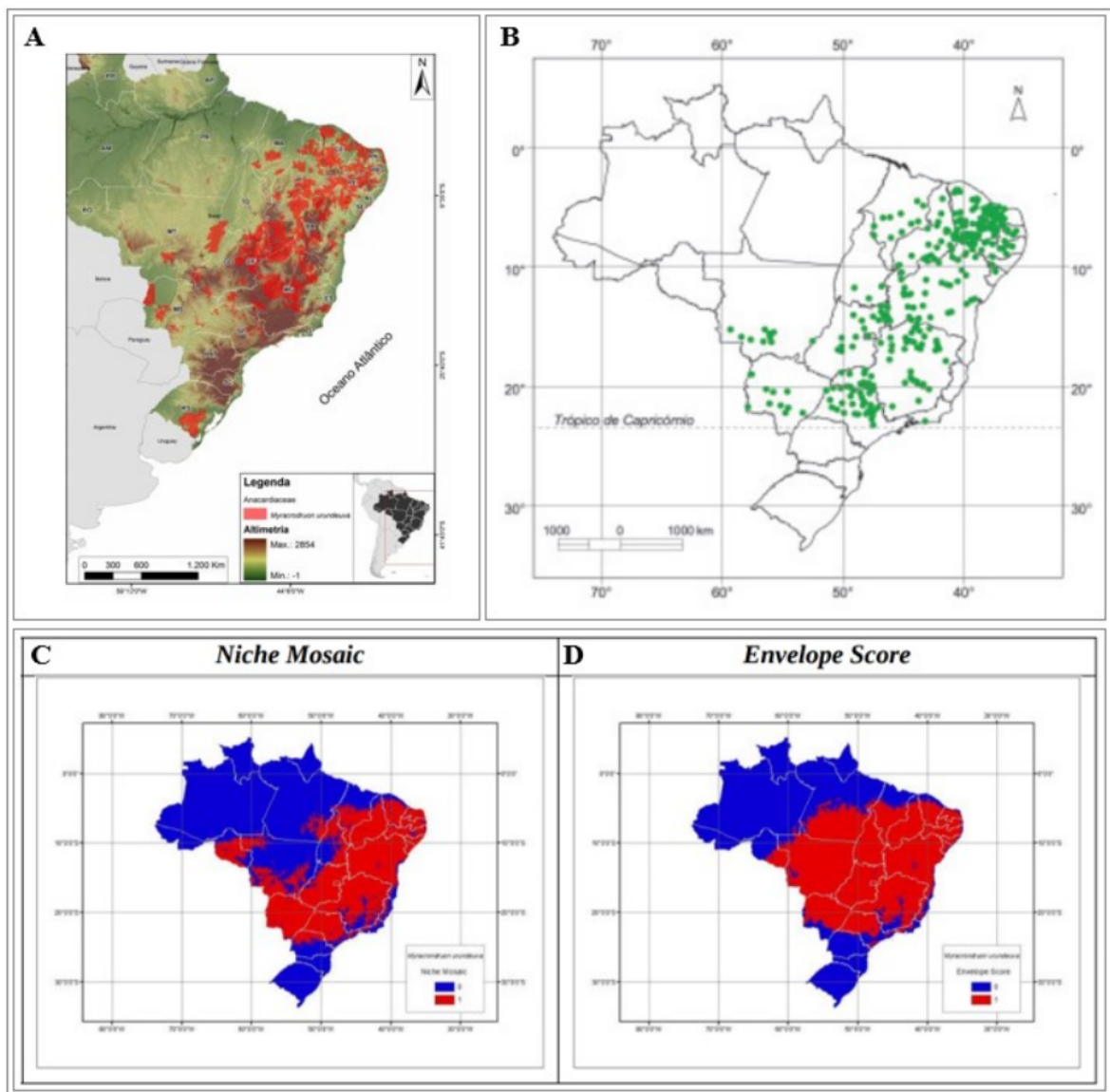


Figura 3. Mapas de ocorrência natural atuais de *Myracrodruon urundeuva* no Brasil por (A) CNC Flora (2012), (B) Carvalho (2003), (C) Correa & Wrege (2013) e (D) Projeção de ocorrência da espécie por simulação de algoritmo a partir de dados climáticos (Correa & Wrege, 2013).

A Caatinga ocupa uma área de cerca de 844.453 quilômetros quadrados, o equivalente a 11% do território nacional. Engloba os estados de Alagoas, Bahia, Ceará, Maranhão, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte, Piauí, Sergipe e o norte de Minas Gerais. Rico em biodiversidade, Pareyn *et al.* (2008) já estimavam que o bioma abrigaria

mais de 178 espécies de mamíferos, 591 de aves, 177 de répteis, 79 espécies de anfíbios, 241 de peixes e 221 abelhas. Somente em espécies florestais, Fernandes *et al.* (2020) estimaram que o Bioma abriga ao menos cerca de 3347 espécies, classificados em 962 gêneros e 153 famílias. Cerca de 27 milhões de pessoas vivem na região, a maioria carente e dependente dos recursos do bioma para sobreviver (Pareyn *et al.*, 2008).

Para muitos autores, um modelo de desenvolvimento rural que inclua o componente florestal e extrativista sustentável deve ser considerado como requisitos essenciais para a manutenção da vegetação remanescente e para agregar renda às propriedades rurais, especialmente aquelas mais carentes, uma vez que o desenvolvimento não pode ser considerado pleno quando o meio ambiente está sendo degradado com práticas inadequadas (Costa *et al.*, 2004; Odalia-Rímoli *et al.*, 2000). Estes condicionantes contribuirão para a sustentabilidade em várias dimensões, quais sejam: natural, social, econômica, cultural e política (Costa *et al.*, 2004). O uso destas vegetações resultará na presença de um maior número de fragmentos, especialmente nas áreas planas. Em superfícies de relevo ondulado e fortemente ondulado, devido a dificuldade na agricultura, a vegetação do bioma tende a apresentar-se mais densa (Lima *et al.*, 2019).

Este bioma possui um imenso potencial para a conservação de serviços ambientais, uso sustentável e bioprospecção que, se bem explorado, será decisivo para o desenvolvimento da região e do país (Lucena *et al.*, 2011). A biodiversidade da Caatinga ampara diversas atividades econômicas voltadas para fins agrosilvopastoris e industriais, especialmente nos ramos farmacêutico, de cosméticos, químico e de alimentos (Pareyn *et al.*, 2008). O problema central está no pouco espaço em que o domínio é abordado na literatura, e, além do reduzido espaço, associa-se em alguns casos a caricatura da Caatinga como domínio pobre, formado por cactáceas, solos rochosos e ainda com a população sempre à procura de água (Silva *et al.*, 2018). A quantidade de usos, partes utilizadas e riqueza demonstra o potencial utilitário da Caatinga para as comunidades, e que esse conhecimento ecológico tradicional pode servir para prospecção de novos produtos e novos usos para produtos madeireiros e não madeireiros (Gomes, 2019). É necessário melhorar o conhecimento da população para com essas espécies e principalmente para *M. urundeuva*, que se mostra resiliente mesmo em condições adversas como estresse hídrico severo, característica típica da Caatinga (Oliveira *et al.*, 2020; Schwarz *et al.*, 2018).

A distribuição da *M. urundeuva* na Caatinga ocorre predominantemente em áreas de vegetação arbórea, mas também pode ser observada em formações arbustivas e savânicas (Leão *et al.*, 2019). A espécie tem uma ampla gama de tolerância a diferentes

tipos de solos, desde os solos argilosos até os solos mais arenosos, o que contribui para sua ampla distribuição na Caatinga (Costa, 2017). Além disso, *M. urundeuva* é frequentemente encontrada em áreas de afloramento rochoso e encostas, onde as condições edáficas são particularmente desafiadoras (Araújo *et al.*, 2016).

A variabilidade microclimática da Caatinga também influencia a distribuição de *M. urundeuva*, sendo observada em áreas com diferentes regimes de precipitação e temperaturas (Leão *et al.*, 2019). A espécie é adaptada a longos períodos de estiagem, apresentando mecanismos fisiológicos e morfológicos que lhe conferem uma notável resistência à seca (Almeida *et al.*, 2017). Essa adaptabilidade ao clima característico da Caatinga é um dos fatores-chave que contribuem para a ocorrência da *M. urundeuva* nesse bioma.

A distribuição da *M. urundeuva* na Caatinga não é apenas um fenômeno ecológico, mas também possui implicações culturais e econômicas significativas para as populações locais. A espécie desempenha um papel essencial na subsistência de comunidades tradicionais, sendo utilizada para uma ampla variedade de propósitos, como alimentação, medicina e produção de artesanato (Carvalho *et al.*, 2018). Sua presença ao longo das décadas está intrinsecamente ligada à história e ao modo de vida dessas comunidades, tornando-a um elemento fundamental na identidade cultural da região.

A distribuição e ocorrência da *M. urundeuva* na Caatinga são reflexos da sua notável adaptação aos desafios ambientais do semiárido brasileiro. Sua presença abrange uma ampla extensão geográfica, influenciada por fatores edáficos, climáticos e geográficos. Além disso, a importância histórica e cultural desta espécie para as comunidades tradicionais na Caatinga é inegável, evidenciando a complexidade das interações entre Aroeira e o bioma que a abriga.

O Cerrado, segundo maior bioma da América do Sul, é o principal bioma de concentração da espécie no Brasil. Este, ocupa uma área de 2.036.448 km², cerca de 22% do território nacional. A sua área contínua incide sobre os estados de Goiás, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Bahia, Maranhão, Piauí, Rondônia, Paraná, São Paulo e Distrito Federal, além dos enclaves no Amapá, Roraima e Amazonas. Neste espaço territorial encontram-se as nascentes das três maiores bacias hidrográficas da América do Sul (Amazônica/Tocantins, São Francisco e Prata), o que resulta em um elevado potencial aquífero e favorece a sua biodiversidade (Scariot *et al.*, 2005; Embrapa, 2007).

Considerado como um dos *hotspots* mundiais de biodiversidade, o Cerrado apresenta extrema abundância de espécies endêmicas e sofre uma excepcional perda de habitat. Do ponto de vista da diversidade biológica, o Cerrado brasileiro é reconhecido como a savana mais rica do mundo, abrigando 11.627 espécies de plantas nativas já catalogadas. Existe uma grande diversidade de habitats, que determinam uma notável alternância de espécies entre diferentes fitofisionomias. (Scariot *et al.*, 2005). No entanto, segundo estudos atuais, estão protegidas em áreas de preservação menos de 9% do Cerrado, caindo para apenas 6,5% quando analisadas somente áreas com cobertura vegetal nativa (Françoso *et al.*, 2015). Cerca de 199 espécies de mamíferos são conhecidas, e a rica avifauna compreende cerca de 837 espécies. Os números de peixes (1200 espécies), répteis (180 espécies) e anfíbios (150 espécies) são elevados. O número de peixes endêmicos não é conhecido, porém os valores são bastante altos para anfíbios e répteis: 28% e 17%, respectivamente. De acordo com estimativas recentes, o Cerrado é o refúgio de 13% das borboletas, 35% das abelhas e 23% dos cupins dos trópicos (Brasil, 2012).

No Cerrado, sua ocorrência abrange extensas áreas que se estendem por diversos estados, como Goiás, Mato Grosso, Minas Gerais e outros, consolidando-a como uma espécie emblemática nesse bioma (Diniz *et al.*, 2016. Silva *et al.*, 2019). A presença de *M. urundeuva* também é marcante nas diferentes fitofisionomias presentes no bioma, desde cerradões mais densos até áreas de cerrado stricto sensu, evidenciando sua notável plasticidade ecológica (Ferreira *et al.*, 2018).

Sua distribuição também está associada a características edáficas específicas, sendo frequente em solos de média a alta fertilidade e profundidade, bem como em áreas de afloramento rochoso (Lorenzi, 2008). A espécie demonstra uma notável resiliência ao fogo, o que lhe confere uma vantagem competitiva em relação a outras espécies na regeneração pós-incêndio, um fenômeno comum no Cerrado (Silva *et al.*, 2019). Além disso, *M. urundeuva* desempenha um papel relevante na dinâmica hídrica do bioma, contribuindo para a manutenção dos lençóis freáticos e a estabilidade dos cursos d'água (Diniz *et al.*, 2016).

A variabilidade genética de *M. urundeuva* no Cerrado tem sido objeto de estudos que evidenciam a importância da conservação desta espécie (Aragão *et al.*, 2012; Moraes *et al.*, 2004; Cambuim *et al.*, 2017; Cruz *et al.*, 2019). Estratégias de manejo sustentável têm sido propostas visando preservar a diversidade genética e a adaptabilidade da Aroeira no Cerrado (Silva *et al.*, 2019). A manutenção da conectividade entre populações da espécie é essencial para a viabilidade a longo prazo e a resiliência da espécie diante de

desafios como a fragmentação de habitat (Cruz *et al.*, 2019).

Para muitos autores, a Aroeira representa um componente essencial da vegetação arbórea do Cerrado, com uma distribuição abrangente e marcante adaptabilidade ecológica. Sua presença no bioma está intrinsecamente ligada à dinâmica ambiental e à diversidade de solos característica do Cerrado. Além disso, a conservação desta espécie no Cerrado é fundamental para a manutenção da biodiversidade e da funcionalidade dos ecossistemas desse bioma tão emblemático do Brasil.

Apesar de associada aos biomas da Caatinga e Cerrado, *M. urundeuva* também pode ser encontrada na Mata Atlântica, especialmente em áreas de transição com o Cerrado (Vieira *et al.*, 2018). Sua presença nesse bioma é notável em regiões como o oeste de Minas Gerais, norte do Espírito Santo e sul da Bahia, onde se adapta a diferentes tipos de solos e regimes de chuva (Almeida *et al.*, 2015). Para Nunes *et al.* (2017) *M. urundeuva* na Mata Atlântica geralmente é observada em formações mais abertas e secas, caracterizando sua versatilidade ecológica na ocupação de diferentes fitofisionomias.

A Mata Atlântica é composta por diversas formações florestais densas, entre elas estão a Floresta Ombrófila Densa; Floresta Ombrófila Mista, também denominada de Mata de Araucárias; Floresta Ombrófila Aberta; Floresta Estacional Semidecidual e Floresta Estacional Decidual, além de outros ecossistemas associados como manguezais, vegetação de restingas, campos de altitude, brejos interioranos e encaves florestais do Nordeste (Cunha & Guedes, 2013). É fundamental garantir a proteção legal dos remanescentes nativos de Mata Atlântica (Nascimento *et al.*, 2016). Ressalta-se aqui que a ocorrência de espécies endêmicas, ameaçadas de extinção e raras resulta em providências peculiares quanto ao manejo e estratégias de conservação (Dias & Moraes, 2018). Sugere-se que sejam implementadas ações para aumentar a conectividade entre as populações, visando à conservação a médio e longo prazo das populações das espécies (Bittencourt *et al.*, 2019).

Fragmentos mais antigos e próximos de áreas protegidas podem ser fundamentais no caso da execução de planos de manejo visando a implantação de corredores ecológicos ou reintrodução de espécies (Saka & Lombardi, 2016). Tal ação visa garantir a variação genética das espécies uma vez que essa é essencial para a sobrevivência de populações ao longo das gerações (Vianna, 2015; Odalia-Rímoli *et al.*, 2000). Ações envolvendo a recuperação de áreas degradadas no entorno dos remanescentes florestais também podem aumentar o tamanho populacional das espécies florestais nestes fragmentos, assim como o aumento da conectividade entre os fragmentos podem auxiliar na conservação *in situ* das espécies (Santos *et al.*, 2009). A introdução de migrantes, vindo de áreas próximas para

evitar problemas de depressão por cruzamento, também pode auxiliar nesse sentido (Bittencourt *et al.*, 2019).

A forte presença de espécies exóticas reconhecidamente invasoras na Floresta Atlântica e o plantio das espécies exóticas em detrimento de espécies nativas pode estar relacionado à dificuldade que estas impõem no cultivo e manejo, dado a escassez de dados sobre muitas destas espécies (Santana *et al.*, 2019; Schwarz *et al.*, 2018). Portanto, a implantação de estratégias que objetivem a perpetuação de espécies nativas nos fragmentos de Mata-Atlântica remanescentes reflete a importância do desenvolvimento de pesquisas que permitam o reconhecimento das possibilidades e potencialidades ecológicas (Bett & May, 2017). Ressalta-se aqui que a ocorrência de espécies endêmicas, ameaçadas de extinção e raras resulta em providências peculiares quanto ao manejo e estratégias de conservação. Neste viés, maiores esforços precisam ser direcionados à intensificação de inventários florísticos tanto para formas de vida lenhosas quanto para os demais táxons botânicos (Dias & Morais, 2018).

A distribuição da espécie na Mata Atlântica também está associada a fatores históricos e geográficos. A espécie é frequentemente encontrada em áreas de relevo mais acidentado, como encostas e vales, onde as condições edáficas e microclimáticas proporcionam um ambiente propício para seu desenvolvimento (Silva *et al.*, 2018). A adaptação da *M. urundeuva* a ambientes mais secos também é evidenciada pela sua presença em áreas de afloramento rochoso, onde a disponibilidade hídrica é mais restrita (Mota *et al.*, 2016).

A variabilidade genética de *M. urundeuva* na Mata Atlântica tem sido objeto de estudos que destacam a importância de ações voltadas para a conservação da diversidade genética dessa espécie nesse bioma (Rodrigues *et al.*, 2015). A manutenção de corredores ecológicos e a restauração de áreas degradadas são estratégias fundamentais para a conservação dessa espécie na Mata Atlântica, promovendo a conectividade entre populações e a preservação da variabilidade genética (Silva *et al.*, 2018).

A presença da *M. urundeuva* na Mata Atlântica é um reflexo da sua notável capacidade de adaptação a diferentes condições ambientais. Sua distribuição nesse bioma é influenciada por uma série de fatores, incluindo características edáficas, regimes de chuva e histórico de uso da terra. A conservação da *M. urundeuva* na Mata Atlântica é essencial para a manutenção da diversidade biológica e a restauração de áreas degradadas nesse bioma de importância global.

Embora em menor frequência quando comparada a outros biomas como o Cerrado

e a Caatinga, a plasticidade adaptativa da aroeira se faz notável ao ser encontrada também em ambientes alagados do bioma Pantanal (Kuniyoshi *et al.*, 2015). Sua ocorrência nesse ambiente está mais associada a áreas de transição entre o Pantanal e o Cerrado, onde as condições edáficas e climáticas se tornam mais favoráveis à sua sobrevivência (Pott & Pott, 2004). A espécie no Pantanal geralmente é observada em áreas mais elevadas e próximas a cursos d'água, onde o solo apresenta maior fertilidade e disponibilidade hídrica (Rodrigues *et al.*, 2015).

O bioma Pantanal é considerado uma das maiores extensões úmidas contínuas do planeta. Este bioma continental é considerado o de menor extensão territorial no Brasil, entretanto este dado em nada desmerece a exuberante riqueza que o referente bioma abriga. A sua área aproximada é 150.355 km² (IBGE, 2004), ocupando assim 1,76% da área total do território brasileiro. Em seu espaço territorial o bioma, que é uma planície aluvial, é influenciado por rios que drenam a bacia do Alto Paraguai (Pereira *et al.*, 2012).

O Pantanal sofre influência direta de três importantes biomas brasileiros: Amazônia, Cerrado e Mata Atlântica. Além disso, também possui influência do bioma Chaco (nome dado ao Pantanal localizado no norte do Paraguai e leste da Bolívia). Uma característica interessante desse bioma é que muitas espécies ameaçadas em outras regiões do Brasil persistem em populações avantajadas na região, como é o caso do tuiuiú – ave símbolo do Pantanal. Estudos indicam que o bioma abriga os seguintes números de espécies catalogadas: 263 espécies de peixes, 41 espécies de anfíbios, 113 espécies de répteis, 463 espécies de aves e 132 espécies de mamíferos sendo 2 endêmicas. Segundo a Embrapa Pantanal, quase duas mil espécies de plantas já foram identificadas no bioma e classificadas de acordo com seu potencial, e algumas apresentam vigoroso potencial medicinal (Pereira *et al.*, 2012).

A sua distribuição no Pantanal também está sujeita à sazonalidade das chuvas nessa região. Durante a estação chuvosa, a espécie é capaz de aproveitar a maior disponibilidade de água, sendo observada em áreas temporariamente alagadas e margens de rios (Pott & Pott, 2004). No entanto, durante a estação seca, *M. urundeuva* pode enfrentar condições mais desafiadoras, especialmente em regiões mais afastadas de corpos d'água permanentes (Kuniyoshi *et al.*, 2015).

A presença da espécie no Pantanal desafia a noção tradicional de sua associação apenas a ambientes mais secos e áridos. Sua adaptação a condições mais alagadas e a capacidade de resistir a inundações temporárias expandem o entendimento sobre a ecologia dessa espécie (Rodrigues *et al.*, 2015). Além disso, a presença da Aroeira no Pantanal pode

ter implicações importantes para a dinâmica ecológica desse bioma, especialmente em relação à biodiversidade e ciclos de nutrientes.

M. urundeuva demonstra uma notável flexibilidade ecológica ao estender sua ocorrência ao bioma do Pantanal, ainda que em menor frequência. Sua distribuição nesse ambiente está sujeita a fatores como disponibilidade de água, sazonalidade e características edáficas.

5. ESTADO ATUAL DE CONSERVAÇÃO E TRANSFORMAÇÕES NO USO E MANEJO DE *M. urundeuva* AO LONGO DAS DÉCADAS

Ao longo das décadas, o estado de conservação de *M. urundeuva* no Brasil foi influenciado por uma série de fatores, culminando em regulamentações legais destinadas a proteger a espécie em seus habitats. A Aroeira, devido à sua madeira de alta qualidade e resistência, foi alvo de intensa exploração no passado, resultando em declínios populacionais significativos (Albuquerque *et al.*, 2016). Nas décadas de 1950 e 1960, a espécie foi sujeita a intensa exploração madeireira devido à alta demanda por sua madeira de excelente qualidade e durabilidade. Esse cenário resultou em uma significativa redução das populações naturais, especialmente em áreas de Cerrado e Caatinga (Albuquerque *et al.*, 2016).

A partir da década de 1970, houve uma crescente conscientização acerca da importância da conservação das espécies nativas e de seus ecossistemas. Políticas de proteção ambiental foram gradativamente implementadas, visando controlar a exploração desordenada da *M. urundeuva* e outras espécies ameaçadas. O reconhecimento do valor ecológico e cultural da Aroeira foi um marco importante nesse processo. Leis de proteção ambiental foram promulgadas, como o Código Florestal de 1965 e a Lei da Mata Atlântica de 1965, visando a regulação do uso e exploração da flora nativa, incluindo a Aroeira (BRASIL, 1965).

Ao longo das décadas de 1980 e 1990, novas regulamentações foram implementadas para fortalecer a proteção da espécie, destacam-se o Decreto Federal nº 750/1993, que estabelece normas para o uso sustentável dos recursos florestais, e a Resolução CONAMA nº 369/2006, que dispõe sobre o manejo florestal sustentável em florestas nativas. Estas legislações tiveram um papel crucial na promoção de práticas sustentáveis de manejo de *M. urundeuva* e na conservação de seus habitats naturais (BRASIL, 1993; CONAMA, 2006). No entanto, apesar destas medidas de conservação

adotadas, ainda testemunharam sobre as populações remanescentes de *M. urundeuva* pressões fundiárias e de desmatamento. A expansão agrícola e a urbanização continuam a fragmentar os fragmentos florestais naturais, afetando a disponibilidade de habitats adequados para a espécie (Rodrigues *et al.*, 2015). Ademais, a falta de fiscalização e controle efetivos em algumas regiões permitiu práticas ilegais de exploração, colocando em risco a sobrevivência da Aroeira (Albuquerque *et al.*, 2016).

Durante o período de 1990 - 2000, o estado de conservação de *M. urundeuva* no Brasil foi influenciado por uma série de fatores, que refletiram em mudanças significativas no status da espécie. A conscientização ambiental crescente e a implementação de políticas de proteção ambiental foram marcos importantes nesse período. A Aroeira passou a ser reconhecida como uma espécie de relevância ecológica e cultural, levando a uma maior atenção para sua conservação (Albuquerque *et al.*, 2016).

A partir dos anos 1990, observou-se um aumento das iniciativas voltadas para a restauração ecológica e a preservação de áreas naturais, o que teve um impacto positivo na conservação da *M. urundeuva*. Programas de reflorestamento e a criação de unidades de conservação contribuíram para a proteção de populações remanescentes da espécie (Rodrigues *et al.*, 2015). Além disso, a conscientização da importância da Aroeira para a manutenção da biodiversidade e para a promoção da sustentabilidade em ecossistemas associados ao Cerrado e à Caatinga foi crescente nesse período (Almeida *et al.*, 2015).

Enquanto esteve desprotegida pela legislação ambiental, a Aroeira no Brasil passou por um período de significativas mudanças no seu estado de conservação. Se por um lado as pressões da exploração madeireira foram intensas nas décadas iniciais, posteriormente foram implementadas políticas visando a proteção da espécie e seus habitats. Além das leis federais, alguns estados brasileiros também promulgaram regulamentações específicas para a proteção da Aroeira, um exemplo é o Estado do Rio Grande do Norte, que estabelece a Lei Estadual nº 6.660/1994, proibindo o corte e a extração da *M. urundeuva* sem autorização prévia (Rio Grande Do Norte, 1994). Essas legislações estaduais contribuíram para a preservação das populações da espécie em áreas específicas. Os desafios ainda persistem, principalmente relacionados à expansão agrícola e à necessidade de um controle mais efetivo sobre práticas ilegais.

A proibição do corte da espécie é eficaz para o combate da extração ilegal da madeira e para o monitoramento de populações naturais, com vistas à conservação *in situ*. Entretanto, apenas este tipo de estratégia não é o suficiente para proteger a aroeira de risco de extinção. Nesse sentido, o uso da conservação *ex situ* é extremamente importante para a

proteção da espécie. Uma das formas utilizadas para este tipo de conservação é a *in vivo*, como teste de progênie, que consiste em plantio sistematizado, onde cada linha contém árvores que guardam a mesma origem genética, sendo possível avaliar os parâmetros genéticos das populações (Canuto *et al.*, 2015) e monitorar a variabilidade genética de caracteres relacionados ao crescimento e à adaptação das plantas ao longo do tempo, sendo indicados como pomares de sementes para programas de reflorestamento (Moraes *et al.*, 2012; Otsubo *et al.*, 2015; Bertonha *et al.*, 2016; Canuto *et al.*, 2016 e 2017; Pupin *et al.*, 2017a; Pupin *et al.*, 2017b; Martins *et al.*, 2018; Riva *et al.*, 2020; Correa *et al.*, 2022).

Como a aroeira está em processo de domesticação existem muitos questionamentos a serem esclarecidos como: i) manejo adequado da espécie; ii) existe diferença de manejo conforme o bioma/região de ocorrência?; iii) influência das variáveis climáticas e tipo de solo em relação a fenologia e produtividade?; iv) estimativa de produtividade de madeira por hectare; v) tempo de corte/exploração e qualidade da madeira; vi) exploração e qualidade de produtos não madeireiros; vii) variabilidade genética nos biomas/região de ocorrência; viii) construção de genoma e identificação de alelos/genes de interesse; ix) formação de pomares de sementes de qualidade genética; entre outros. Estes questionamentos são fundamentais para elaboração de projetos de pesquisa e respectivos resultados são utilizados no campo de produção. Nesse contexto, abaixo consta informações do potencial da espécie para exploração de produtos não madeireiros, como alternativa para o produtor rural, e no próximo item será abordado algumas pesquisas relacionadas ao processo de domesticação da aroeira.

A compreensão desse histórico é essencial para o desenvolvimento de estratégias de conservação mais eficazes no presente e no futuro e o entendimento do histórico de utilização de plantas nativas do Cerrado na medicina tradicional é um campo de pesquisa de grande importância para compreender as relações antrópicas com a espécie e uma potencial fonte de compostos bioativos. Autores como Oliveira *et al.* (2018) e Pereira *et al.* (2016) têm conduzido estudos valiosos nesse domínio, documentando a rica tradição medicinal associada às espécies vegetais dessa região. Essas pesquisas fornecem uma visão aprofundada das relações entre as comunidades locais e a biodiversidade do Cerrado.

A investigação do uso tradicional de plantas medicinais no Cerrado também revela o potencial terapêutico desses recursos. Estudos de Silva *et al.* (2020) exploraram as propriedades farmacológicas de plantas utilizadas na medicina tradicional, identificando compostos com atividades biológicas promissoras. Além disso, a compreensão do histórico

de uso de plantas medicinais é fundamental para a conservação da biodiversidade e o desenvolvimento de estratégias sustentáveis de manejo (Amorozo & Gély, 1988).

Ademais, é importante reconhecer os desafios associados à preservação do conhecimento tradicional sobre plantas medicinais. A rápida urbanização e a perda de tradições culturais representam ameaças à continuidade dessas práticas (Santos *et al.*, 2014). Portanto, a documentação e valorização do conhecimento tradicional desempenham um papel essencial na preservação da rica herança cultural e botânica associada às plantas nativas do Cerrado.

O uso de *M. urundeuva* por comunidades tradicionais no Brasil tem implicações profundas tanto na esfera da medicina tradicional quanto no contexto social dessas populações. Esta espécie, conhecida como aroeira-do-sertão, possui propriedades medicinais amplamente exploradas pelas comunidades locais, sendo utilizada no tratamento de uma variedade de condições de saúde. Essa prática tem raízes históricas e culturais, representando um conhecimento tradicional valioso. Além do aspecto medicinal, a aroeira desempenha um papel central na vida social dessas comunidades, sendo parte integrante de rituais e cerimônias.

Além da contribuição social, a partir da prática da medicina popular, a aroeira possui outras propriedades interessantes. Domingos e Silva (2020) relatam em um estudo de revisão bibliográfica, sobre as propriedades antimicrobianas da aroeira. Os autores discorrem o assunto de forma objetiva, sobre a ação antibacteriana, antifúngica, anti-helmíntica, inseticida, acaricida, anticâncer, anti-inflamatória e antioxidante de extratos de diversas partes da aroeira. Estas informações ressaltam o potencial da espécie para a participação do mercado farmacológico, sendo um dos setores que podem investir em pesquisas sobre a espécie.

Todavia, é importante considerar os impactos dessa prática no contexto ambiental e na dinâmica populacional da aroeira. Estudos recentes têm destacado a necessidade de manejo sustentável para garantir a conservação da espécie. A exploração inadequada pode levar à escassez de indivíduos reprodutivos e à perda de diversidade genética, o que comprometeria a viabilidade a longo prazo das populações naturais de aroeira. Portanto, estratégias de manejo baseadas em evidências científicas são fundamentais para tornar o sistema produtivo economicamente viável as comunidades tradicionais e produtores rurais, e ao mesmo tempo contribuir com a conservação da espécie.

Além disso, é vital reconhecer o valor econômico e social da Aroeira para essas comunidades, uma vez que, como o sistema de produção é rudimentar, não há adoção pelos

produtores rurais. A comercialização de produtos derivados da espécie, como extratos e óleos, representa uma fonte de renda importante para muitas famílias. Dessa forma, pesquisas sobre tornar-se o sistema produtivo mais eficiente é de fundamental importância para agregar renda a estas famílias que ao longo dos anos contribuíram para preservar esta espécie. Ademais, é imprescindível estabelecer políticas públicas e regulamentações para garantir a exploração sustentável e a distribuição justa dos benefícios econômicos.

Devido às suas excelentes propriedades de madeira, seu potencial farmacológico, alta densidade de árvores e altas taxas de crescimento, especialmente no estágio inicial e principalmente por constar na lista de espécies ameaçadas de extinção do Brasil na década de 90 (IBAMA, 1992), autores como Rodriguez *et al.*, (2017) alegam que a aroeira deve ser mais estudada para se tornar uma “espécie bandeira” para o manejo silvicultural da floresta tropical e seca do Brasil e para ser uma árvore domesticada para sistemas agroflorestais e de plantios florestais, necessitando assim, de uma proposta ecológica para a conservação da espécie (Galvão *et al.*, 2018; Silva *et al.*, 2017). Apesar dos avanços, a Aroeira ainda enfrenta desafios consideráveis. A expansão urbana e agrícola continua a pressionar os remanescentes florestais onde a espécie ocorre. A fragmentação de habitat e a perda de conectividade entre populações ainda são preocupações relevantes para sua conservação (Kuniyoshi *et al.*, 2015). Ademais, a falta de fiscalização e controle efetivos em algumas regiões permitiu práticas ilegais de exploração, colocando em risco a sobrevivência da Aroeira (Albuquerque *et al.*, 2016).

6. IMPACTO DA PESQUISA CIENTÍFICA NA VALORIZAÇÃO DE *M. urundeuva*, PERSPECTIVAS FUTURAS E POTENCIAIS APLICAÇÕES

A pesquisa científica desempenha um papel fundamental na valorização e conservação das espécies nativas florestais no Brasil. Estudos aprofundados sobre a biologia, ecologia e genética dessas espécies proporcionaram um entendimento mais completo de suas características e necessidades específicas. A pesquisa científica também contribui para a geração de conhecimento sobre as propriedades medicinais e outros usos potenciais, na alimentação, construção civil, estética, e outras áreas de interesse sócio econômico, tanto em *M. urundeuva* e outras espécies. Rodrigues *et al.* (2019) entre outros autores, abordam a diversidade genética da *M. urundeuva* em diferentes biomas brasileiros, fornecendo informações valiosas para estratégias de conservação e manejo sustentável da espécie. Estudos etnobotânicos, realizados por Albuquerque *et al.* (2009), exploraram as

práticas tradicionais de utilização da aroeira por comunidades locais, destacando o potencial econômico e cultural da espécie na região do Semi árido pernambucano.

O uso fitoterápico de muitas espécies florestais possui uma longa tradição no Brasil, especialmente entre as comunidades locais (Lucena *et al.*, 2011; Lavôr *et al.*, 2021; Gomes *et al.* 2016). Extratos da casca e as folhas são frequentemente utilizadas na medicina popular devido às suas propriedades medicinais. Estudos etnobotânicos têm documentado o uso da Aroeira no tratamento de uma variedade de condições, incluindo doenças gastrointestinais, inflamações e infecções (Albuquerque *et al.*, 2007). Compostos bioativos presentes na planta, como taninos e flavonóides, têm demonstrado propriedades antioxidantes, anti-inflamatórias e antimicrobianas (Leles *et al.*, 2012).

Nesse sentido, a Aroeira tem despertado interesse na indústria farmacêutica e na pesquisa de novos medicamentos. Estudos têm explorado a possibilidade de desenvolver produtos farmacêuticos à base de extratos ou compostos isolados da planta, visando potenciais aplicações terapêuticas (Silva *et al.*, 2020). Esse enfoque representa uma ponte importante entre o conhecimento tradicional e a inovação científica na utilização de *M. urundeuva*. Dentre suas qualidades já investigadas, a espécie possui atividade antioxidante presente nos extratos metanólicos de sua casca indicando a possibilidade de existência de atividade bactericida e anti-inflamatória.

Diversos estudos a partir dos extratos etanólicos de *M. urundeuva*, indicaram uma mudança na viabilidade dos fibroblastos gengivais humanos e apresenta a capacidade satisfatória de sequestrar radicais livres, uma importante apuração realizada por autores como Lopes *et al.* (2018), Machado *et al.* (2016), Viana *et al.* (2003), e Vieira *et al.* (2015). Já os extratos hidroalcoólicos de suas folhas possuem ação antimicrobiana e a espécie é promissora na química medicinal, destinados a desenvolver novos inibidores como da catepsina V, uma enzima de grande importância na degradação de proteínas intracelulares, lhes conferindo propriedades biológicas melhoradas (Marques *et al.*, 2016)

A espécie também é rica em taninos, afetando adversamente in vitro a viabilidade de células ósseas humanas, a diferenciação osteogênica e a mineralização da matriz de maneira dose-dependente, sugerindo que a fitoterapia baseada em *M. urundeuva* pode interferir com a reparação tecidual mineralizada. Os extratos de sua casca mostraram potencial para o tratamento de infecções vaginais causadas por espécies do gênero *Candida* (Matos *et al.*, 2019; Pires *et al.*, 2018; Rodrigues *et al.*, 2015; Sarria *et al.*, 2018).

Contudo, é relevante destacar a importância da prática do uso fitoterápico de forma responsável e ética, garantindo a preservação da espécie e a sustentabilidade das

comunidades que dependem dela (Pereira *et al.*, 2014; Lucena *et al.*, 2011; Machado *et al.*, 2014). A integração do conhecimento tradicional com a pesquisa científica é fundamental para uma abordagem científica sólida e eficaz na utilização da Aroeira na fitoterapia. Neste contexto, a implantação de Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) emerge como uma estratégia consolidada para a preservação da variabilidade genética em espécies vegetais. Estes bancos representam um repositório vital de material genético, possibilitando a manutenção de linhagens adaptativas e a promoção de programas de melhoramento genético (Moraes *et al.*, 2004; Sant’ana *et al.* 2017; Cambuim *et al.*, 2017).

Vale ressaltar que não existe nenhuma plataforma na qual mostra o estado real de conservação da espécie e diretrizes de manejo e uso dos produtos madeireiros e não madeireiros. As informações mais atuais encontram-se em Domingos e Silva (2020) no qual relatam em uma revisão sistemática que o maior volume de pesquisa sobre a aroeira está relacionada em à avaliação das atividades biológicas com evidências de efeitos anti-inflamatório, antimicrobiano, antioxidante, antifúngico, antiviral, inseticida e neuroprotetor entre outros. Entretanto, estas informações são preocupantes, uma vez que o maior interesse está em explorar extatos da planta e pesquisas relacionadas a conservação, melhoramento e manejo da espécie são de menor interesse.

Nesse contexto, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS/UNESP possui vários Bancos Ativos de Germoplasmas (BAG), em forma de teste de progênes, de *Myracrodruon urundeuva*. As coletas de sementes e plantios foram iniciadas em 1986 e continuam com estas atividades até o momento. As áreas de coleta são feitas em Reserva Legal, fragmentos florestais, parques ecológicos e beira de estrada, podendo ser antropotizada e não antropotizada. No momento possui mais de 400 acessos oriundos de seis regiões da Mata Atlântica; sete regiões do Cerrado; duas regiões da Caatinga e uma região do Pantanal (Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes, comunicação pessoal). Todo esse material possui cadastro no Sisgen.

A partir desse material foram feitos diversos estudos sobre manejo e melhoramento da espécie visando transformação em Pomares de Sementes po Mudas (PSM), conforme a liberação de autorização desses cortes com instituições governamentais. No passado, os trabalhos estavam relacionados com o manejo e a genética quantitativa. Atualmente, com parceria ao Instituto de Biociências, é possível investigar em nível molecular, o estado de conservação da espécie, em diferentes biomas, e mais especificamente, decifrar o genoma e identificação de genes de interesse, no qual deu-se início na presente tese. Alguns resultados desses BAGs serão apresentados a seguir.

A princípio, a aroeira é muito apreciada por apresentar um valor inestimável em madeira, motivo no qual foi muito explorada no passado. Embora apresente propriedades farmacológicas interessantes, para o produtor, sempre a madeira será melhor atrativo. Em uma avaliação aos 11 anos de idade, a espécie foi plantada em diferentes espaçamentos e dispostas na área em plantio solteiro; plantio com espécies nativas; plantio com *Eucalyptus* spp e plantio com culturas anuais. Os indivíduos que apresentaram maior desenvolvimento foram os concorciados com culturas anuais e plantio solteiro (Moraes *et al.*, 2012). Entretanto o problema de plantio com apenas a aroeira existem grande probabilidade de surgir doenças na área em idades mais avançadas (Cambuim, comunicação pessoal).

Em comparação com outros biomas, as progênies apresentaram melhor desenvolvimento na procedência da Mata Atlântica, com avaliação de 10 e 20 anos de idade. Em contrapartida, o bioma que mais apresentou variabilidade genética foi a Caatinga, seguido da Mata Atlântica e Cerrado (Canuto *et al.*, 2017). Vale ressaltar que são necessárias mais pesquisas em relação ao sistema de plantio e procedências para a exploração da madeira, uma vez que a espécie apresenta crescimento lento. Para se ter uma ideia, progênies procedentes da Mata Atlântica e Cerrado não apresentaram madeira “madura” para uso em serraria aos 31 anos de idade (Riva *et al.*, 2020).

Alguns testes de progênies com idade avançada foram transformados em Pomares de Sementes por Mudas. No bioma Cerrado, foi feita a coleta de sementes em três eventos reprodutivos e plantados de forma solteiro; com pioneira e não pioneira. Estes pomares possuem entre 27 a 34 anos de idade e foi constatado que a produção de sementes apresentam boa qualidade fisiológica, física e reserva nutricional suficiente para produção de mudas de qualidade genética (Riva *et al.*, 2023).

A partir dos Pomares de Sementes por Mudas foi possível investigar em nível molecular. Inicialmente foram desenvolvidos 15 locos microssatélites específicos para a espécie com base no sequenciamento de próxima geração (Illumina) (Souza *et al.*, 2018). Posteriormente, foi possível construir o genoma completo de cloroplasto com 159.883 pb de tamanho. Nesse genoma foi possível identificar nove genes relacionados ao fotossistema, síntese de proteínas e replicação de DNA, e a protease com seleção positiva. O genoma apresentou grande variabilidade em relação a outros genomas de cloroplastos da mesma família (Anacardiaceae) e a análise filogenética mostrou uma estreita relação com outros dois gêneros economicamente importantes, Pistacia e Rhus (Rossini *et al.*, 2021).

A heterozigose, medida da variabilidade genética dentro de uma população, é um dos parâmetros fundamentais para avaliar a sanidade e adaptabilidade de uma espécie.

Estudos recentes (Silva *et al.*, 2022) demonstram que populações mantidas em BAGs apresentam níveis mais elevados de heterozigose em comparação com populações em ambiente natural. Este incremento na variabilidade genética confere maior potencial adaptativo às espécies, especialmente em face de desafios ambientais em constante evolução. Assim, a coleta de sementes deve ser representativa para garantir esta variabilidade e a sobrevivência dos BAGs a longo prazo, como os demonstrados acima.

A diferenciação populacional, fenômeno que descreve as variações genéticas entre diferentes populações, é um indicativo essencial para compreender a estrutura genética de uma espécie e direcionar estratégias de conservação. Estudos comparativos entre populações naturais e aquelas mantidas em BAGs evidenciam que as últimas tendem a apresentar menor diferenciação populacional (Cambuim *et al.*, 2017; Oliveira *et al.*, 2021). Isso sugere que a implantação de BAGs pode promover a mistura de diferentes linhagens genéticas, mitigando os efeitos adversos da endogamia e preservando a integridade genética das espécies florestais.

A implantação de Bancos Ativos de Germoplasma representa um pilar central na conservação e manejo sustentável de espécies florestais, proporcionando um arsenal genético valioso para enfrentar os desafios ambientais futuros. Através da manutenção da heterozigose e da redução da diferenciação populacional, os BAGs desempenham um papel fundamental na preservação da variabilidade genética e na promoção da adaptação das espécies diante das transformações ambientais em curso (Sebbenn *et al.* 2008; Freitas *et al.* 2005). Nesse contexto, ressalta-se os estudos feitos com a espécie da Unesp no qual elucida algumas questões sobre manejo, conservação e melhoramento da espécie que ainda está em processo de domesticação e no momento pretende-se investigar em nível molecular para gerar mais informações com a presente tese.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Diante do exposto neste trabalho, é possível concluir que esta espécie apresenta uma notável relevância no contexto da biodiversidade e conservação. A análise da taxonomia e das características morfológicas evidencia a singularidade e complexidade desta planta, ressaltando sua importância na ecologia dos biomas onde ocorre. Além disso, a investigação da distribuição geográfica destaca a presença expressiva de *M. urundeuva* em diversas regiões, enfatizando a necessidade de estratégias de preservação em áreas

vulneráveis.

O estado atual de conservação e as transformações no uso e manejo de *M. urundeuva* ao longo das décadas revelam a influência significativa das atividades humanas sobre esta espécie. A exploração descontrolada e a perda de habitat representam desafios prementes para a sua preservação. Por outro lado, o avanço da pesquisa científica demonstra um potencial notável na valorização de *M. urundeuva*, destacando-se em áreas como fitomedicina e indústria cosmética.

Diante das perspectivas futuras, é imperativo promover políticas de conservação e manejo sustentável que visem a proteção e perpetuação de *M. urundeuva*. Além disso, o estímulo à pesquisa científica e a exploração de suas potenciais aplicações representam caminhos promissores para o aproveitamento sustentável desta espécie. O estudo de *M. urundeuva* ressalta a importância da interdisciplinaridade na abordagem de questões ambientais e sublinha o papel central da pesquisa científica na valorização e preservação da biodiversidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Albuquerque, UP. *et al.* (2009). How ethnobotany can aid biodiversity conservation: reflections on investigations in the Brazilian semiarid region. *Biodiversity and Conservation*, v. 25, n. 11, p. 2255-2261.

Amorozo, MCM. (1996) Abordagem etnobotânica na pesquisa de Plantas Medicinais. In: DI STATSI, L.C. (Org.). *Plantas medicinais: Arte e Ciência, um guia de estudo interdisciplinar*. São Paulo: EDUSP. p. 47-68.

Amorozo, MCM. & Gély, A. (1988) Uso de plantas medicinais por caboclos do baixo Amazonas Barcarena, PA, Brasil. *Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi*, v.4, n.1, p.47-1311

Aragão FS. *et al.* (2013) Espécies arbóreas que ocorrem na transição da floresta estacional semidecidual e o cerrado, em reserva legal no município de Selvíria, MS. *Cultura Agrônômica, Ilha Solteira*, v. 22, n. 2, p. 1-14

Araújo, SN. *et al.* (2016) Preference of tree species for tropical forest environments. *Applied Ecology And Environmental Research*, Budapest, v. 15 n. 01, p. 717-742

Asensio, V. *et al.* (2019) The potential of a Technosol and tropical native trees for reclamation of copper-polluted soils. *Chemosphere*, v. 220, p. 892-899, 2019.

Bittencourt, R. *et al.* (2019) Diversidade e estrutura genética de populações de *Podocarpus lambertii* Klotzsch ex Endl. na floresta ombrófila mista em Santa Catarina. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 29, n. 1, p. 63-74.

Bett, LA. & May, D. (2017) Regeneração natural de *Ocotea odorifera* (Vell.) Rohwer (Lauraceae) em floresta ombrófila mista, Paraná, Brasil. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 27, n. 2, p. 707-717

Bortonha, LJ. *et al* (2016) Seleção de progênies de *Myracrodruon urundeuva* baseada em caracteres fenológicos e de crescimento para reconstituição de áreas de Reserva Legal. *Scientia Forestalis (IPEF)*, v. 44, p. 95-104, 2016.

BRASIL. (1965) Lei nº 4.771, de 15 de setembro de 1965. Institui o novo Código Florestal.

BRASIL. (1993) Decreto Federal nº 750, de 10 de março de 1993. Regulamenta o uso sustentável de florestas e demais formas de vegetação nativa. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/decreto/D0750.htm>

Cambuim, J. (2017) Fragmentos florestais e testes de progênies: opções para a coleta de sementes em espécies arbóreas nativas do cerrado no bolsão sul-mato-grossense. Tese de Doutorado. Programa de pós-graduação em agronomia, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 103p.

Canuto, DSO. *et al.* (2015) Caracterização genética de um teste de progênies de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de remanescente florestal da Estação Ecológica de Paulo de Faria, SP, Brasil. *Hoehnea*, 42(4), 641-648. <http://dx.doi.org/10.1590/2236-8906-13/RAD/2015>.

Canuto, DSO. *et al.* (2016) Genetic variability in *Myracrodruon urundeuva* (Allemão) Engl. progeny tests. *Open Journal of Forestry*, v. 7, p. 1-10.

CNCFlora. *Myracrodruon urundeuva* in Lista Vermelha da flora brasileira versão 2012.2 Centro Nacional de Conservação da Flora. Disponível em: <[http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/pt-br/profile/Myracrodruon urundeuva](http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/pt-br/profile/Myracrodruon%20urundeuva)>.

Carvalho, PER. (2003) Espécies arbóreas brasileiras. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas. v. 1, p. 177-1875

Conselho Nacional Do Meio Ambiente (CONAMA). Resolução nº 369, de 28 de março de 2006. Dispõe sobre o manejo florestal sustentável em florestas nativas.

Correa, APA & Wrege, MS (2013) Contribuição da modelagem de distribuição potencial de *Myracrodruon urundeuva* para estratégias de conservação, recuperação e manejo sustentável in: XVIII Congresso Brasileiro de Agrometeorologia.

Correa, AJM. *et al.* (2022) . Climate fluctuation impacts in *Astronium urundeuva* (M. Allemão) Engl. silvicultural characters in Brazilian Cerrado. *Environmental Research: Climate*, v. 1, p. 025007

Costa, HAN. (2017) Caracterização fitossociológica de um fragmento de floresta estacional decidual relacionado ao gradiente de altitude em Macaíba-RN. 55f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal.

Costa, RB. *et al.* (2004) Vigor de progênies de cumbaru (*Dipteryx alata* Vog.): alternativa de sustentabilidade para o assentamento Andalúcia, Nioaque, MS. *Interações*, Campo Grande, v. 6, n. 9, p. 73-77

Cruz, AR. *et al.* (2016) Impacto causado pela implantação de usina hidrelétricas e PCH's na Amazônia meridional. *Revista Eletrônica Geoaraguaia*, Barra do Garças, v. 6, n. 1, p. 19-29

Cunha, AA. & Guedes, FB. (2013) Mapeamentos para conservação e recuperação da biodiversidade na Mata Atlântica: em busca de uma estratégia espacial integradora para orientar ações aplicadas. Ministério do Meio Ambiente (MMA), Secretaria de Biodiversidade e Florestas. Brasília, DF, 216 p.

Dias, A. & Moraes, IL. (2018) Conservação da biodiversidade: flora arbórea da área de proteção ambiental Serra Do Veado, Cezarina, GO. IN: IX Simpósio Nacional de Ciência e Meio Ambiente – SNCMA – III CIPEEX, Anais do III CIPEEX - Ciência para a redução das desigualdades, v. 2, p. 435-445.

Domingos, FR. & Silva, MAP (2020) Use, knowledge and conservation of *Myracrodruon urundeuva*: a systematic review. *Research, Society and Development*, v. 9, n. 11, p. e2329118851. DOI: 10.33448/rsd-v9i11.8851.

Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (2007) Agência de informação Embrapa: Bioma cerrado. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia16/AG01/Abertura.html>> Brasil, Ministério da agricultura, Pecuaria e Abastecimento

Feliciano, ALP. *et al.* (2008) Morfologia de sementes, de plântulas e de plantas jovens de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Allemão). *Revista de Biologia e Ciências da Terra*, Aracaju, v. 8, n. 1, p. 198-206

Figueirôa, JM. *et al.* (2004) Crescimento de plantas jovens de *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) sob diferentes regimes hídricos. *Acta Botanica Brasilica*, v.18, n.3, p.573-580.

Figueredo FG. *et al.* (2018) Caracterização química e avaliação da atividade antifúngica e antioxidante do extrato etanólico de *Myracrodruon urundeuva* All. Revista Interfaces, Juazeiro do Norte, v. 6, n. 17, p. 111-118

Françoso, RD. *et al.* (2015). Habitat loss and the effectiveness of protected areas in the Cerrado Biodiversity Hotspot Natureza & Conservação, Rio de Janeiro, v. 13, n. 1, p. 35–40

Freitas MLM, *et al.* (2004) Mating system of a population of *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão using the fAFLP molecular marker. Genet Mol Biol. Doi: 10.1590/S1415- 47572004000300019.

Freitas MLM, *et al.* (2005) Variabilidade genética intrapopulacional em *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. por marcador AFLP. Scientia Forestalis. (68):21-28.

Freitas, MLM. *et al.* (2006) Variação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão em três sistemas de cultivo. Arvore, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 319-329.

Galvão, WRA. *et al.* (2018) Gastroprotective and anti-inflammatory activities integrated to chemical composition of *Myracrodruon urundeuva* Allemão - A conservationist proposal for the species. Journal of Ethnopharmacology, v. 222, p. 177–189.

Gomes, CC. (2019) Potencial utilitário da vegetação lenhosa em área de Caatinga no estado de Pernambuco, nordeste do Brasil. Ciência Florestal, Santa Maria, v. 29, n. 1, p. 307-321

Guerra, CRSB. *et al.* (2009) Estratégias de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Scientia Forestalis, Piracicaba, v. 37, n. 81, p. 079-087

Instituto Brasileiro De Geografia E Estatística - IBGE. (2004) Mapa de Biomas do Brasil - Primeira Aproximação. Disponível em: <<https://brasilemsintese.ibge.gov.br/territorio.html>>

Instituto Brasileiro Do Meio Ambiente E Dos Recursos Naturais Renováveis – IBAMA. (1992) Lista oficial de espécies da flora brasileira ameaçadas de extinção. Diário Oficial da União, Brasília, p. 169-173

Justino, STP. *et al.* (2017) Sistema de manejo em minijardim clonal de *Myracrodruon urundeuva* Allemão. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 13, n. 3, p. 255-263

Kageyama, PY. *et al.* (1998) Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. Série Técnica IPEF, Piracicaba, Vol. 12, No. 32, p. 65-70.

Lima, LMS. (2017) Produção de mudas de Aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Fr. Allemão) visando sua conservação e percepção sobre seu uso sustentável em comunidades de um município do semiárido potiguar. 73f. Dissertação (Mestrado em Desenvolvimento e Meio Ambiente) - Centro de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal

Lima, VRP. *et al.* (2019) Análise do Padrão Espacial do Uso e Cobertura do Solo e da Fragmentação e Conectividade da Vegetação no Semiárido do Nordeste Brasileiro: Bacias Dos Rios Taperoá e Alto Paraíba-PB. Revista de Estudios Andaluces, Sevilla, v. 37, p. 25-49

Lopes, JC. *et al.* (2018) Caracterização química e avaliação da atividade antifúngica e antioxidante do extrato etanólico de *Myracrodruon urundeuva* All. Revista Interfaces, Juazeiro do Norte, v. 6, n. 17, p. 111-118

Lorenzi, H. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 5. ed. Nova Odessa, 384 p. 2008.

Lorenzi, H. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 6 ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, v.1, 24p. 2014.

Lucena, RFP. *et al.* (2011) Uso e conhecimento da aroeira (*Myracrodruon urundeuva*) por comunidades tradicionais no Semiárido brasileiro. Sitientibus série Ciências Biológicas, 11(2), 255-264.

Machado, A. C. *et al.* (2016) Viability of Human Gingival Fibroblast (FGH) Treated with Ethanolic “Aroeira” Extract (*Myracrodruon urundeuva* Allemão). Brazilian Archives of Biology and Technology, v. 59, 7 p.

Marangon, GP. *et al.* (2013) Estrutura e padrão espacial da vegetação em uma área de caatinga. Floresta, [S.l.], v. 43, n. 1, p. 83 – 92, ISSN 1982-4688. doi:<http://dx.doi.org/10.5380/rf.v43i1.27807>.

Martelo, MB. (2022) Variação genética para qualidade da madeira de progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All procedentes de diferentes biomas Trabalho de conclusão de curso. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Universidade Estadual Paulista “Júlio De Mesquita Filho”. Ilha Solteira, São Paulo. Brasil. 64 p.

Martins, K. *et al.* (2018). Genetic variation and effective population size of a *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. provenance and progeny test. Journal of Forest Research, 23(4), 228–236. <https://doi.org/10.1080/13416979.2018.1483130>.

Matos, AA. *et al.* (2019) An extract from *Myracrodruon urundeuva* inhibits matrix mineralization in human osteoblasts. *Journal of Ethnopharmacology*, v. 237, p. 192–201

Moraes, MLT. *et al.* (1992) Variação genética em duas populações de aroeira (*Astronium urundeuva* (Fr. All.) Engl. - Anacardiaceae). *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v.4, n.4, p.1241-1245.

Moraes MLT, *et al.* (2004) Correlated mating in dioecious tropical tree species, *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. *Forest Genetics* 11(4):53-59

Moraes MLT, *et al.* (2005) Diversidade e estrutura espacial em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Sob diferentes condições antrópicas. *Rev. Árvore* 29(2):281-289.

Moraes, MA. *et al.* (2012) Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênes de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão – Anacardiaceae. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 40, n. 93, p. 069-076

Mota, LS. *et al.* (2016) Soil physical attributes in an area of *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. in an ecotone of Cerrado and Atlantic Forest. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v. 40, n. e0150182

Nascimento, ER. *et al.* (2016) Configuração dos remanescentes florestais em uma área da Mata Atlântica do nordeste do Brasil: orientando medidas de conservação em escala municipal. *Scientia Plena*, Aracaju, v. 12, n. 08, 10 p.

Nunes, YRF. *et al.* (2008) Aspectos ecológicos da aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Allemão - Anacardiaceae): fenologia e germinação de sementes. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 32, n. 2, p. 233-243

Odalia-Rímoli, A. *et al.* (2000) Biodiversidade, Biotecnologia e Conservação Genética em Desenvolvimento Local. **Interações**, Campo Grande, v. 1, n. 1, p. 21-30, 2000.

Oliveira, CM. *et al.* (2016). Usina hidrelétrica de Belo Monte: Percepções dos atores locais quanto aos impactos socioeconômicos e ambientais. *Revista Espacios*, Caracas, v. 37, n. 12, p. 1-9

Oliveira, GM. *et al.* (2019) Environmental stress, future climate, and germination of *Myracrodruon urundeuva* seeds. *Journal of Seed Science*, Londrina, v. 41, n. 1, p. 032-043

Otsubo, HCB. *et al.* (2015). Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão sul-mato-grossense. *Cerne*, 21(4), 535-544. <https://doi.org/10.1590/01047760201521041317>.

Oliveira, GM. *et al.* (2020) Climate and the *Myracrodruon urundeuva* Allemão

seed production **Revista Brasileira de Geografia Física** v.13, n.07, p. 3689- 3697

Pareyn, F. *et al.* (2008) Estatística Florestal da Caatinga. Ministério do Meio Ambiente (MMA), Secretaria de Biodiversidade e Florestas, Brasília, DF, v. 1, 136 p. 2008.

Peterson, BK. *et al.* (2012) Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS One*, v. 7, p. 1-11

Pereira, G. *et al.* (2012) O estudo das unidades de paisagem do bioma Pantanal. *AmbiÁgua*, Taubaté, v. 7, n. 1, p. 89-103. <http://dx.doi.org/10.4136/ambi-agua.826>

Pereira Júnior, LR. *et al.* (2014) Espécies da Caatinga como Alternativa para o Desenvolvimento de Novos Fitofármacos. *Floresta e Ambiente*, 21(4), 509-520. <http://dx.doi.org/10.1590/2179-8087.024212>.

Pires, JG. *et al.* (2018) Hydroalcoholic extracts of *Myracrodruon urundeuva* All. and *Qualea grandiflora* Mart. leaves on *Streptococcus mutans* biofilm and tooth demineralization. *Archives of Oral Biology*, V. 91, P. 17–22, 2018.

Pott, A. & Pott, VJ. (2004) The Brazilian Pantanal: Vegetation, physiognomy, and floristic considerations. In: Junk, W. J.; da Silva, C. J. (Eds.). *The Pantanal: Ecology, biodiversity and sustainable management of a large neotropical seasonal wetland*. Pensoft Publishers, p. 223-274.

Pupin, S. *et al.* (2017a). Variabilidade genética e ganhos de seleção em progênie de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Nativa, 5(1), 59-65. <https://doi.org/10.5935/2318-7670.v05n01a10>.

Pupin, S. *et al.* (2017b). Variação genética para compostos bioquímicos em sementes de aroeira procedente de uma população antropizada. *Nativa*, 5(5), 349-354. <https://doi.org/10.5935/2318-7670.v05n05a08>.

Rio Grande Do Norte. (1994) Lei nº 6.660, de 28 de junho de 1994. Proíbe o corte e extração da aroeira.

Riva, LC. (2023) Fenômica aplicada a caracterização genética em banco ativo de germoplasma de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. allemão. 119f. Tese (Doutorado em Sistema de Produção) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira.

Riva, LC. *et al.* (2020) Genetic control of wood quality of *Myracrodruon urundeuva* populations under anthropogenic disturbance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 20, p. 1-8, 2020.

Rodrigues, PMS. *et al.* (2015) Climate change effects on the geographic distribution of specialist tree species of the Brazilian tropical dry forests. *Brazilian Journal of Biology*, São Carlos, v. 75, n. 3, p. 679-684.

Rodrigues, RR. *et al.* (2019) *Myracrodruon urundeuva* in Brazilian biomes: Evolution, genetic diversity and conservation perspectives. *Forest Ecology and Management*, v. 433, p. 531-537

Rodriguez, SC. *et al.* (2017) *Myracrodruon urundeuva* fr all. (aroeira tree) population dynamics, diameter growth rate and its potential for sustainable management in successional tropical dry forests of Brazil. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 41, n. 3, 8 p.

Rossini, BC. *et al.* (2021) Complete chloroplast genome of *Myracrodruon urundeuva* and its phylogenetics relationships in Anacardiaceae family. *Physiol Mol Biol Plants* 27, 801–814 (2021). <https://doi.org/10.1007/s12298-021-00989-1>

Saka, MN. & Lombardi, JA. (2016) Florística vascular não arbórea em uma Reserva Particular do Patrimônio Natural (RPPN) na Floresta Atlântica de São Paulo, Brasil. *Rodriguésia*, Rio de Janeiro, v. 67, n. 1, p. 001-017

Sant'ana, VZ. (2017) Proporção Sexual Em Populações De *Myracrodruon Urundeuva* para Fins De Formação De Pomares De Sementes Por Mudas. Dissertação de mestrado. 61Programa de pós-graduação em agronomia, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 64 p.

Santana, LD. *et al.* (2019) Aspectos ecológicos das espécies regenerantes de uma floresta urbana com 150 anos de sucessão florestal: o risco das espécies exóticas. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 29, n. 1, p. 1-13

Sarria, ALF. *et al.* (2018) Dimeric chalcones derivatives from *Myracrodruon urundeuva* act as cathepsin V inhibitors. *Phytochemistry*, v. 154, p. 31–38

Scariot, A. *et al.* (2005) CERRADO: Ecologia, Biodiversidade e Conservação. Ministério do Meio Ambiente (MMA), Secretaria de Biodiversidade e Florestas, Brasília, DF, 428 p.

Schwarz, ML. *et al.* (2018) À sombra das cajazeiras ou das exóticas? As imagens como instrumento de pesquisa e ensino. **Okara: Geografia em debate**, João Pessoa, v. 12, n. 1, p. 139-160, 2018.

Sebbenn, AM. *et al.* (2008) Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon Forest. *Forest Ecology and Management*, Amsterdam, v. 254, n. 2, p. 335-349

Silva, GO. *et al.* (2018) *Myracrodruon urundeuva* Allemao: inter- and

intra-population genetic diversity of a key stone species in Brazilian Atlantic Forest. *Biochemical Systematics and Ecology*, v. 79, p. 9-17.

Silva, KA. *et al.* (2019) Diversity and structure of a *Myracrodruon urundeuva* population in a Cerrado sensu stricto area. *Ciência Florestal*, v. 29, n. 4, p. 1259–1271

Silva, LLH. *et al.* (2017) Características Dendrométricas, Físicas e Químicas da *Myracrodruon urundeuva* e da *Leucaena leucocephala*. *Floresta e Ambiente*, Seropédica, v. 24, 8 p.

Silva, ML. *et al.* (2020) Diversity of Ectomycorrhizal Fungi Associated with *Myracrodruon urundeuva* (Anacardiaceae) in Brazilian Neotropical Savanna (Cerrado) under Different Vegetation Types. *Diversity*, v. 12, n. 5, p. 197

Silva, AGL. (2021) Condições edáficas influenciam a tolerância de *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) ao déficit hídrico e sua posterior recuperação. 74 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde, Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos, Universidade Federal de Alagoas, Maceió

Siqueira-Silva, AI. *et al.* (2017) Traits and antioxidant metabolism of leaves of tropical woody species challenged with cement dust. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, v. 44, p. 307–314

Souza, DCL. *et al.* (2018) Development of microsatellite markers for *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão), a highly endangered species from tropical forest based on next-generation sequencing. *Mol Biol Rep* 45, 71–75 <https://doi.org/10.1007/s11033-017-4142-z>

Souza, LB. *et al.* (2014) AFLP marker analysis revealing genetic structure of the tree *Parapiptadenia rigida* (Benth.) Brenan (Leguminosae-Mimosoideae) in the southern Brazilian Tropical Rainforest. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 533-539

Trovão, DMBM. *et al.* (2007). Variações sazonais de aspectos fisiológicos de espécies da Caatinga. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 11(3), 307–311. Campina Grande, PB, DEAg/UFCG.

Viana, GSB. *et al.* (2003) Analgesic and antiinflammatory effects of chalcones isolated from *Myracrodruon urundeuva* Allemão. *Phytomedicine*, v. 10, p. 189–195

Vianna, LS. (2015) Caracterização da diversidade genética de duas populações naturais de *Vochysia bifalcata* WARM no Parque Nacional Do Caparaó/ES. *Nucleus*, Ituverava, v. 12, n. 1

Vieira, DLM. *et al.* (2018) The Nature Conservancy's Atlantic Forest Fire Management Project, Bahia, Brazil. In: Seminário sobre Uso do Fogo na Agricultura, 2018. Anais... Embrapa, p. 279-283.

Vieira, LM. *et al.* (2015) Fenóis totais, atividade antioxidante e inibição da enzima tirosinase de extratos de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. (Anacardiaceae). Revista Brasileira de Plantas Mediciniais, Campinas, v. 17, n. 4, p. 521-527.

CAPÍTULO 2: Biomas Brasileiros como Fatores Determinantes na Estrutura Populacional de *Myracrodruon urundeuva*: Uma Perspectiva Genética.

Marcelo Augusto Mendes Alcantara¹, Bruno Cesar Rossini², Marcela Aparecida de Moraes Silvestre¹, José Cambuim³, Romain Guyot⁴, Andrea Garavito⁵, Mario Luiz Teixeira de Moraes⁶, Celso Luis Marino^{1,2}

¹ Departamento de Ciências Químicas e Biológicas, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, São Paulo, Brasil.

² Instituto de Biotecnologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, São Paulo, Brasil.

³ Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

⁴ UMR DIADE, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Université Montpellier, CIRAD, Montpellier, France.

⁵ Departamento de Ciencias biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Caldas, Manizales, Colombia.

⁶ Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

RESUMO

Myracrodruon urundeuva, pertencente à família Anacardiaceae, é endêmica da América do Sul, distribuída em países como Paraguai, Bolívia e Argentina, e presente em biomas brasileiros como a Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal. A diversidade genética em suas populações é essencial para sua adaptabilidade e resiliência diante de pressões ambientais e atividades humanas recentes que reduziram drasticamente suas populações naturais. Populações geneticamente diversas tendem a apresentar maior capacidade de adaptação, auxiliando na recuperação frente a mudanças ambientais. Assim, este estudo visa construir uma biblioteca genômica de *M. urundeuva* por ddRADseq, analisar a diversidade genética entre biomas e áreas de transição, como o ecótono Cerrado-Mata Atlântica, contribuindo para subsídios na conservação da espécie no Brasil. Para tal, foram coletadas amostras de 115 indivíduos, utilizando protocolos específicos para extração de DNA e construção de bibliotecas de sequenciamento. Análises

estatísticas, incluindo DAPC, PCA, AMOVA, Teste de Mantel, F_{st} , F_{is} , distância genética e Rede de Haplótipos, foram conduzidas para avaliar a diferenciação genética, estrutura populacional e identificar *loci* de potencial envolvimento em adaptação. O sequenciamento resultou em um total de 86,040,542 milhões de *reads*, variando entre 264 e 2,667,829 milhões de reads por amostra. Após a criação do catálogo de marcadores, 88 amostras foram selecionadas, resultando em 1427 marcadores SNPs. A estimativa de alelos privados destacou valores significativos apenas na população de Seridó, Caatinga, com 134 alelos. A riqueza alélica média foi de 1.227 para as 12 populações avaliadas. O Coeficiente de Endogamia (F_{is}) variou de 0.001 a 0,196. A diversidade genética revelou estruturação distinta nas populações dos biomas Caatinga, Mata-Atlântica e Pantanal, enquanto Cerrado e transição de biomas formaram um único cluster. As populações de *M. urundeuva* mostraram diferenças significativas em todas as populações, avaliadas pelo Coeficiente de Fixação de Wright (F_{st}). A distância genética e a rede de haplótipos indicaram a formação de dois ramos de diferenciação, especialmente entre as populações da Caatinga e as demais. A divergência genética nas populações da Caatinga destaca a necessidade de investigações mais aprofundadas no nordeste do Brasil. Este estudo ressalta a importância de considerar as particularidades genéticas e adaptativas de *M. urundeuva* para o planejamento de estratégias de conservação. A preservação da diversidade genética e características adaptativas é imperativa, exigindo medidas eficazes. Além disso, destaca-se a relevância de pesquisas adicionais, incentivando abordagens moleculares inovadoras, maior cobertura no rastreio de SNPs e o desenvolvimento sustentável de estratégias de conservação, promovendo um futuro promissor para essa espécie nativa, fundamental tanto economicamente quanto ambientalmente.

Palavras-chave: *Myracrodruon urundeuva*, Diversidade genética, Conservação, Adaptação bioma-específica, Sequenciamento de Nova Geração (NGS)

ABSTRACT

Myracrodruon urundeuva, belonging to the Anacardiaceae family, is endemic to South America, distributed in countries such as Paraguay, Bolivia, and Argentina, and found in Brazilian biomes such as the Caatinga, Cerrado, Atlantic Forest, and Pantanal. The genetic diversity within its populations is essential for its adaptability and resilience in

the face of environmental pressures and recent human activities that have drastically reduced its natural populations. Genetically diverse populations tend to exhibit greater adaptive capacity, aiding in recovery from environmental changes. This study aims to construct a genomic library of *M. urundeuva* through ddRADseq, analyze genetic diversity among biomes and transition areas, such as the Cerrado-Atlantic Forest ecotone, contributing to conservation insights for the species in Brazil. Samples from 115 individuals were collected, using specific protocols for DNA extraction and library construction. Statistical analyses, including DAPC, PCA, AMOVA, Mantel Test, F_{st} , F_{is} , genetic distance, and Haplotype Network, were conducted to assess genetic differentiation, population structure, and identify loci potentially involved in adaptation. Sequencing resulted in a total of 86,040,542 million reads, ranging from 264 to 2,667,829 million reads per sample. After creating the marker catalog, 88 samples were selected, resulting in 1427 SNP markers. The estimation of private alleles highlighted significant values only in the Seridó, Caatinga population, with 134 alleles. The average allelic richness was 1,227 for the 12 populations evaluated. The Coefficient of Endogamy (F_{is}) ranged from 0.001 to 0.196. Genetic diversity revealed distinct structuring in populations from the Caatinga, Atlantic Forest, and Pantanal biomes, while the Cerrado and biome transition formed a single cluster. *M. urundeuva* populations showed significant differences in all populations, assessed by the Wright's Fixation Coefficient (F_{st}). Genetic distance and haplotype network indicated the formation of two differentiation branches, especially between the Caatinga populations and the others. The notable genetic divergence in Caatinga populations emphasizes the need for further investigations in the northeastern region of Brazil. This study highlights the importance of considering the genetic and adaptive peculiarities of *M. urundeuva* in planning conservation strategies. Preserving genetic diversity and adaptive characteristics is imperative, requiring effective measures. Additionally, the relevance of further research is emphasized, encouraging innovative molecular approaches, broader SNP screening, and sustainable development of conservation strategies, fostering a promising future for this native species, essential both economically and environmentally.

Keywords: *Myracrodruon urundeuva*, Genetic diversity, Conservation strategies, Biome-specific adaptation, NGS Sequencing

1. INTRODUÇÃO

Pertencente à família Anacardiaceae, *Myracrodruon urundeuva*, é endêmica da América do Sul, encontrada em países vizinhos como Paraguai, Bolívia e Argentina e amplamente distribuída em diversos biomas brasileiros, como a Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal (Costa *et al.*, 2011; Damasceno-Junior *et al.*, 2009; Pereira Júnior *et al.*, 2014; Pott & Pott, 2004; Souza *et al.*, 2018). A Aroeira, como é conhecida por nome popular no sudeste do país, também atende por Aroeira-Preta ou ainda Aroeira-do-Sertão. A espécie é reconhecida por suas propriedades medicinais antifúngicas, antioxidantes, anti-infecciosas (Araújo Neto *et al.*, 2019; Campos & Albuquerque, 2021; Duarte *et al.*, 2009; Lucena *et al.*, 2011; Machado & Oliveira, 2014) e por sua madeira de alta qualidade, resistência e densidade utilizada na fabricação de móveis e na construção civil (Pereira Júnior *et al.*, 2014; Silva *et al.*, 2017; Sousa *et al.*, 2012; Tung *et al.*, 2011).

A diversidade genética em populações de *Myracrodruon urundeuva* é um aspecto de extrema relevância para a manutenção, adaptabilidade e resiliência da espécie frente a pressões ambientais e a atividades humanas das últimas décadas que reduziram suas populações naturais drasticamente (Domingos & Silva, 2020) uma vez que esta foi explorada de forma indiscriminada até o início dos anos 1990, momento de sua proteção por lei federal, após entrar para o hall de espécies ameaçadas de extinção (IBAMA, 1992; Murta *et al.*, 2012; Silva & Santos, 2020).

Populações mais diversificadas geneticamente tendem a apresentar maior capacidade de adaptação frente às mudanças ambientais, extrativismo e predação, auxiliando na recuperação de seu número de indivíduos (Reed & Frankham, 2015). Estudos têm demonstrado que populações em diferentes biomas apresentam níveis variáveis de diversidade genética, indicando a influência dos ambientes locais na dinâmica populacional (Marangon *et al.*, 2013). Cada bioma possui particularidades climáticas, de solo e de suas populações locais, influenciando na cultura social e ambiental.

Estes fatores ressaltam a importância de pesquisas para a preservação da variabilidade genética, principalmente nas espécies nativas de biomas muito explorados como Cerrado e Mata-Atlântica, frequentemente alvos de investidas e pressões dos setores imobiliário e Agropecuário. A Mata Atlântica destaca-se por apresentar elevados indicadores de degradação florestal, tanto pela baixa quantidade quanto pela qualidade dos seus fragmentos restantes. A vegetação da Caatinga remanescente nas depressões sertanejas encontra-se bastante fragmentada e empobrecida. O Cerrado, por sua vez, perdeu ao menos 40% de sua cobertura nativa original e demonstra características

estruturais e tipos de flora indicativa de que a antropização vem interferindo nos processos de sucessão das espécies vegetais nativas do bioma. (Dias *et al.*, 2018; EMBRAPA, 2007; Nascimento *et al.*, 2016; Santos *et al.*, 2018).

Portanto, observar as diferenças genéticas entre populações nos distintos biomas são de grande relevância para a compreensão da evolução e adaptação frente às mudanças antrópicas no território e principalmente as climáticas (Andrews & Luikart, 2014). Estas variações genéticas podem refletir a história demográfica das populações, bem como as pressões seletivas presentes em cada ambiente (Frankham, 2005). A análise das diferenças genéticas entre populações em diferentes biomas contribui para a elaboração de estratégias de conservação mais eficazes e direcionadas (Stapley *et al.*, 2010). Dentre elas, está a associação adaptativa, um conceito novo e central na genética de populações, esta refere-se à correlação entre loci genéticos e características fenotípicas adaptativas ao clima. Essa associação é ímpar para compreender como características adaptativas são moldadas pela seleção natural e como a variabilidade genética contribui para a adaptação das populações a diferentes ambientes (Rockman, 2018; Yeaman, 2015)

Frente a esses desafios, a aplicação de técnicas de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) apresenta uma abordagem robusta e confiável para a compreensão da estrutura genômica e diversidade populacional, gerando dados a custo reduzido e com rapidez (Andrews & Luikart, 2014; Dwiningsih *et al.*, 2020; Souza *et al.* 2018). Embora a espécie tenha sido estudada por meio de outros marcadores moleculares (Caetano *et al.*, 2005; Gaiño, *et al.*, 2011; Freitas *et al.*, 2004; Freitas *et al.*, 2005; Freitas *et al.* 2006; Reis *et al.*, 2004; Souza *et al.*, 2018), com a utilização destas técnicas de NGS, é possível obter sequências genéticas de alta qualidade e em grande escala, permitindo uma análise ainda mais detalhada de marcadores moleculares e a inferência de padrões populacionais mais precisos (Buerkle & Gompert, 2013; Souza *et al.* 2018).

Dentre muitas possibilidades, o sequenciamento de DNA associado a sítios de restrição (*Digest Restriction Associated DNA Sequencing*, RADseq) tornou-se um dos avanços científicos importantes dentro das metodologias de sequenciamento genômico por identificar um grande número de marcadores (Andrews *et al.*, 2016; Deschamps *et al.*, 2012; Peterson *et al.*, 2012). Como vantagem, o RADseq não requer nenhuma informação genômica prévia para os táxons em estudo e consequentemente, a técnica tornou-se uma abordagem amplamente usada para a descoberta e genotipagem de SNPs, demonstrando alto rendimento em estudos ecológicos e evolutivos de organismos não-modelo (Andrews *et al.*, 2016; Deschamps *et al.*, 2012; Fouet *et al.*, 2017; Morin *et al.*, 2009; Thrasher *et al.*,

2017; Vianna, 2015) como no caso de muitas espécies nativas brasileiras e especialmente *M. urundeuva*, onde até o momento, não há descrição de seu genoma completo realizado por sequenciamento de nova geração (NGS) ou outra técnica.

Nesse sentido, a partir da coleta de indivíduos de *M. urundeuva* nos quatro biomas de ocorrência da espécie, ecótono Cerrado-Mata Atlântica, o presente trabalho objetiva-se a: Construir uma biblioteca genômica da espécie por *Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing* (ddRADseq); Estimar e avaliar a diversidade genética entre biomas nacionais e área de transição entre biomas (ecótono) de ocorrência da espécie e criar subsídios para a conservação de *M. urundeuva* no Brasil, com a identificação e associação de genótipos a biomas para fins de monitoramento de origem de material.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material

Para a realização deste estudo, foram coletadas amostras foliares de 115 indivíduos de *M. urundeuva* provenientes de populações naturais, coletadas e montadas em testes de progênies e procedências originários de quatro biomas: Caatinga, Cerrado, Mata-Atlântica e Pantanal instalados e conservados de maneira *ex-situ* e do ecótono entre Cerrado e Mata-Atlântica (ECM) localizado na região de divisa entre os estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo, em uma área de conservação *in-situ* estabelecida como um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) (Figura 1). Os testes de progênies *ex-situ* encontram-se instalados na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS), localizada no município de Selvíria, Mato Grosso do Sul (Tabela 1).

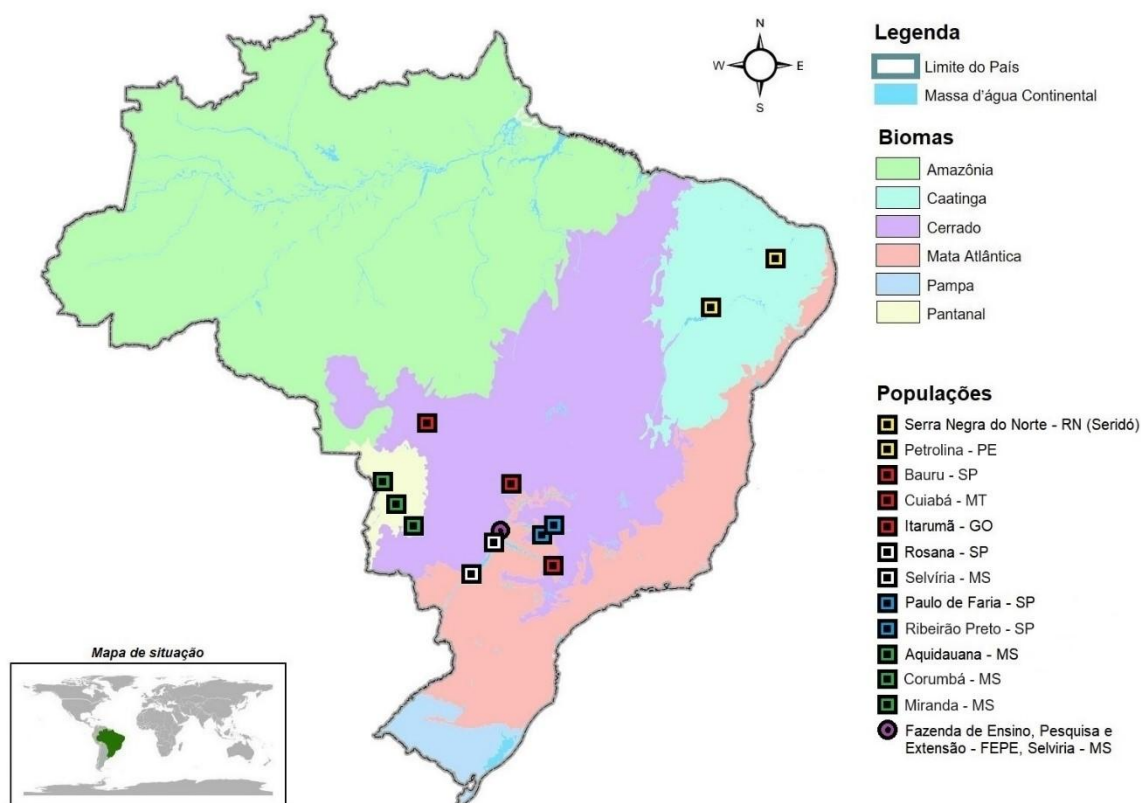


Figura 1. Localização das populações naturais originárias das matrizes coletadas para instalação de testes de progênie de *M. urundeuva* em seus respectivos biomas e instalados de maneira *ex-situ* na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS), localizada no município de Selvíria, Mato Grosso do Sul e do Banco Ativo de Germoplasma em conservação *in-situ*, localizado no município de Rosana, São Paulo (Fonte: Ecoa, IBGE adaptado SFB, 2020. Modificado pelo Autor).

Tabela 1. Características dos testes de progênie de conservação *ex-situ* instalados na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEPE/FEIS/UNESP), localizada em Selvíria, Mato Grosso do Sul.

População	Bioma	Instalação	NP	Rep	AP	Espaçamento
Petrolina - PE	Caatinga	12/1992	10	3	1	3,0m x 1,5m
Seridó - RN	Caatinga	04/1997	12	6	10	3,0m x 1,5m
Bauru - SP	Cerrado	12/1987	28	3	10	3,0m x 3,0m
Cuiabá - MT	Cerrado	01/2010	30	24	1	4,0m x 3,0m
Itarumã - GO	Cerrado	06/2004	30	12	3	2,0m x 6,0m
Selvília - MS	ECM	12/1987	28	3	10	3,0m x 3,0m
Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	04/1997	30	3	10	3,0m x 1,5m

População	Bioma	Instalação	NP	Rep	AP	Espaçamento
Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	10/2006	30	30	12	*
Aquidauana - MS	Pantanal	12/2010	60	43	1	3,0m x 3,0m
Corumbá - MS	Pantanal	11/2023	40	5	1	3,0m x 1,5m
Miranda - MS	Pantanal	11/2023	30	5	1	3,0m x 1,5m

NP: número de progênies; RP: número de repetições; AP: número de plantas por parcela linear; ECM: Ecótono Cerrado - Mata-Atlântica. *: espaçamento gradual multiplicado por 1,21m a cada planta, com medida inicial de 5,79m

2.1.1. Classificação climática dos biomas de procedência

2.1.1.1. Caatinga

A região de Serra Negra do Norte, situada no estado do Rio Grande do Norte, onde é encontrada a Estação Ecológica do Seridó, local de Origem da população de Seridó, apresenta clima classificado como semiárido, com uma estação seca bem definida que se estende por grande parte do ano e uma estação chuvosa concentrada em um curto período, conforme classificação de Köppen (Alvares *et al.*, 2013). As temperaturas na região variam consideravelmente, com os meses de setembro a dezembro registrando médias acima de 30 graus Celsius (INMET, 2021). O solo predominante em Serra Negra do Norte é o Luvisolo, um tipo de solo que pode ser encontrado em áreas semiáridas, sendo tipicamente bem drenado e de baixa fertilidade natural (Embrapa, 2021). A pluviosidade anual média na região gira em torno de 600 milímetros de chuva por ano, com a maioria das precipitações ocorrendo nos meses de março a junho (INMET, 2021).

A região de Petrolina, Pernambuco, inserida no bioma da Caatinga, apresenta características climáticas singulares que desempenham um papel muito importante na ecologia local. Classificada como BSh no sistema de Köppen, caracteriza-se por um clima semiárido quente, com uma estação seca bem definida e uma temporada de chuvas concentrada em um curto período. As temperaturas são elevadas ao longo do ano, com médias anuais superiores a 25 graus Celsius, sendo os meses de setembro a fevereiro os mais quentes, com máximas frequentemente ultrapassando 35 graus Celsius (Lopes *et al.*, 2019). Essa condição climática influencia diretamente a vegetação da Caatinga, adaptada à escassez hídrica e ao calor intenso. A precipitação na região é limitada, com uma média anual em torno de 600 mm, concentrando-se principalmente nos meses de janeiro a abril.

Esse padrão sazonal desafia a biodiversidade local, demandando adaptações específicas das espécies vegetais e animais para sobreviver às condições adversas. O solo predominante é o Latossolo Amarelo, profundo e bem drenado, porém, com baixa fertilidade, o que impacta diretamente na disponibilidade de nutrientes para as plantas nativas (Tabarelli et al., 2018).

2.1.1.2. Cerrado

A região de Itarumã, localizada no estado de Goiás, possui clima classificado como tropical sazonal, com uma estação seca bem definida no inverno e uma estação chuvosa no verão, seguindo a classificação de Köppen (Alvares *et al.*, 2013). As temperaturas variam ao longo do ano, sendo os meses mais quentes de setembro a dezembro, com médias acima de 30 graus Celsius (INMET, 2021). Quanto ao solo, predomina na região o Latossolo Vermelho-Amarelo, um tipo de solo profundo e bem drenado, típico de áreas tropicais, classificado pelo Sistema Brasileiro de Classificação de Solos da Embrapa (Embrapa, 2021). A pluviosidade anual média gira em torno de 1.300 milímetros de chuva por ano, com a maior parte das precipitações ocorrendo nos meses de verão (INMET, 2021).

Cuiabá, situada no estado de Mato Grosso, Brasil, apresenta um clima tropical caracterizado por duas estações bem definidas: um período seco no inverno e uma estação chuvosa no verão. A classificação de Thornthwaite destaca uma maior variabilidade nos tipos climáticos, mas a predominância é de características típicas do clima tropical (Souza *et al.*, 2013). As temperaturas variam ao longo do ano, com os meses mais quentes compreendidos entre setembro e dezembro, atingindo médias superiores a 30 graus Celsius (INMET, 2021). Essa variação térmica influencia diretamente nos padrões biológicos e nas adaptações da flora e fauna locais. Quanto ao solo, a região é predominantemente caracterizada por Latossolos, sendo comum o Latossolo Vermelho-Amarelo. Este tipo de solo, profundo e bem drenado, é característico de áreas tropicais e desempenha um papel fundamental na sustentabilidade do ecossistema local. A classificação pelo Sistema Brasileiro de Classificação de Solos da Embrapa (Embrapa, 2021) confirma essa predominância, estabelecendo as bases para o desenvolvimento da vegetação nativa. A pluviosidade anual média gira em torno de 1.300 milímetros, sendo que a maioria das precipitações ocorre nos meses de verão (INMET, 2021).

Já para a região de Bauru, também situada no estado de São Paulo, o clima é classificado como tropical, apresentando uma estação seca marcante no inverno e uma estação chuvosa no verão, conforme a classificação de Köppen (Costa *et al.*, 1962). As

temperaturas ao longo do ano variam, com os meses mais quentes compreendidos entre setembro e dezembro, registrando médias superiores a 30 graus Celsius (INMET, 2021). Esta variação térmica sazonal é de grande relevância para a compreensão dos ciclos biológicos das espécies florestais nativas na região. Quanto às características do solo, estudos indicam a predominância do Latossolo Vermelho-Amarelo, um tipo de solo profundo e bem drenado, típico de áreas tropicais (Costa *et al.*, 1962). Esta particularidade do solo é fundamental para o desenvolvimento saudável dos ecossistemas florestais locais, influenciando diretamente na distribuição e na composição da vegetação nativa.

2.1.1.3. Mata-Atlântica

A População de Paulo de Faria, São Paulo, encontra-se em ambiente de Mata-Atlântica. O clima é classificado como tropical, com estação seca bem definida no inverno e chuvosa no verão, seguindo a classificação de Köppen (Alvares *et al.*, 2013). As temperaturas variam ao longo do ano, sendo os meses mais quentes de setembro a dezembro, com médias acima de 30 graus Celsius (INMET, 2021). Predomina na região o Latossolo Vermelho-Amarelo, um tipo profundo e bem drenado (Embrapa, 2021). A pluviosidade anual é relativamente equilibrada, com uma média em torno de 1.200 milímetros de chuva por ano, concentrados principalmente nos meses de verão (INMET, 2021).

A região de Ribeirão Preto, situada no estado de São Paulo, Brasil, apresenta características climáticas distintas. O clima é classificado como tropical, com uma estação seca bem definida no inverno e uma estação chuvosa no verão, seguindo a classificação de Köppen (Costa *et al.*, 1962). As temperaturas variam ao longo do ano, sendo os meses mais quentes entre setembro e dezembro, com médias superiores a 30 graus Celsius (INMET, 2021). Essa variação térmica impacta diretamente nos ciclos biológicos das espécies nativas da região. Quanto ao solo, estudos indicam que a temperatura do solo desempenha um papel vital na agricultura local, com uma profundidade de 20 cm sendo destacada como significativa (Costa *et al.*, 1962). Predomina na região um solo caracterizado por sua profundidade e boa drenagem, essencial para o desenvolvimento de ecossistemas florestais.

2.1.1.4. Pantanal

A região de Aquidauana, situada no estado de Mato Grosso do Sul, apresenta características ambientais de transição Cerrado-Pantanal. O clima é classificado como tropical sazonal, caracterizado por uma estação seca no inverno e uma estação chuvosa no verão, conforme descrito por Alvares *et al.* (2013) e Pereira *et al.* (2012). As temperaturas variam ao longo do ano, sendo mais elevadas nos meses de setembro a dezembro, com médias acima de 30 graus Celsius (INMET, 2021). Quanto ao solo, predomina o Latossolo Vermelho-Amarelo, um tipo profundo e bem drenado, propício para diversas atividades agrícolas (Embrapa, 2021). A pluviosidade anual na região é relativamente equilibrada, com uma média em torno de 1.300 milímetros de chuva por ano, concentrados principalmente nos meses de verão (INMET, 2021).

A região de Miranda, estado de Mato Grosso do Sul, abrangendo parte do bioma do Pantanal, e Corumbá, no coração do bioma, são classificados como tropical, com clima marcado por duas estações bem definidas: o período chuvoso no verão e o inverno seco, conforme a classificação de Köppen (Ambientebrasil, 2023). As temperaturas médias anuais variam de 25 a 27 graus Celsius, sendo os meses de outubro a março os mais quentes, com máximas frequentemente superiores a 30 graus Celsius (Ambientebrasil, 2023). A pluviosidade na região é uma característica determinante, com uma média anual em torno de 1.000 a 1.400 milímetros de chuva por ano, concentrando-se principalmente nos meses de novembro a março (Ambientebrasil, 2023). Esse padrão sazonal é fundamental para a manutenção do ecossistema pantaneiro, influenciando diretamente a hidrografia e a biodiversidade local. O solo do Pantanal de Miranda é diversificado, variando de solos aluviais nas áreas mais baixas a solos mais argilosos em elevações moderadas (Embrapa Pantanal, 2023). Essa diversidade edáfica contribui para a riqueza da flora e fauna adaptadas a diferentes condições de umidade e nutrientes.

2.1.1.5. Transição Cerrado-Mata-Atlântica

A classificação climática na região Selvíria, Mato Grosso do Sul, local de instalação dos testes de Progênes, segundo Köppen, é AW, caracterizado como tropical úmido com estação chuvosa no verão e seca no inverno, estando a umidade relativa dos meses mais chuvosos entre 60 e 80% (Alvares *et al.*, 2013). A temperatura média anual nesta região é de 22,4°C e a precipitação média anual registrada foi de 1354 mm (Damião *et al.*, 2010; Rolim *et al.*, 2007). O solo local é classificado como Latossolo Vermelho

Distrófico, típico argiloso, “a” moderado, hipidistrófico, álico, caulinitico, férrico, compactado, muito profundo, moderadamente ácido (EMBRAPA, 2006).

A região de Rosana, localizada no estado de São Paulo, Brasil, apresenta características climáticas classificadas como tropical, com influência subtropical, caracterizando-se por uma estação seca bem definida no inverno e uma estação chuvosa no verão (Lima, 2011). A temperatura média anual é de aproximadamente 23 graus Celsius, proporcionando um ambiente propício para o desenvolvimento de ecossistemas florestais específicos. Quanto ao solo, estudos indicam a presença predominante de Latossolo Vermelho-Amarelo na região de Rosana, um solo profundo e bem drenado (Costa *et al.*, 1962).

2.2. Métodos

2.2.1. Extração de DNA

Para extração do DNA genômico empregou-se o protocolo proposto por Doyle & Doyle, (1990) adaptado utilizando Brometo de Cetiltrimetilamônio (CTAB) 3% quantificando em seguida em NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer (NanoDrop Products, DE, USA) e verificando sua integridade em géis de agarose 1% com tampão TBE (Tris/Borato/EDTA) (1x) e com tensão constante de 120V por uma hora.

2.2.2. Construção das bibliotecas para Sequenciamento por *Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing* (ddRADseq)

Para a construção das bibliotecas de sequenciamento, utilizou-se protocolo para a preparação da biblioteca de *ddRAD* proposto por Campos *et al.* (2017) e Peterson *et al.* (2012). A partir de 500 ng de DNA foram digeridos com enzimas de restrição *EcoRI* e *MspI*, e 4µl buffer (*Cut Smart*, Promega), em reação de 40ul, sendo 34 ul de DNA, em uma concentração de 14.7 ng/ul. A digestão foi incubada por três horas a uma temperatura de 37°C.

Após a digestão, as amostras foram purificadas utilizando o kit ProNex® Size-Selective Purification System (Promega), de acordo com o protocolo do fabricante. Finalizada essa etapa, as amostras foram quantificadas em *Qubit 4.0 Fluorometer* (Invitrogen) utilizando-se o kit Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo Fisher Scientific).

Um par de adaptadores hibridizados P1 (1 µM) e P2 (15 µM) foram ligados ao produto de digestão, com volume de reação final de 40µl, constituído de 2,0 µl do

adaptador de cada uma das enzimas, 4µl de T4 Ligase Buffer 1X (Promega), 0,5µl da enzima T4 Ligase (Promega), e 31,5µl do material digerido. Em seguida, as amostras foram incubadas a uma temperatura de 23°C por 30 minutos, 65°C à 10 minutos, 63°C por 90 segundos, no qual, a temperatura diminui 2°C a cada 90 segundos até alcançar 23°C. Após essa etapa, as amostras da reação de ligação aos adaptadores foram purificadas novamente, utilizando o kit ProNex® Size-Selective Purification System (Promega) de acordo com o protocolo do fabricante.

Para reação de indexação, foram utilizados os kits Nextera XT Index Kit v2 Set A e Set B. Cada amostra recebeu um conjunto único de index de forma a identificar posteriormente suas sequências (Anexo 2). As reações de indexação utilizaram 15µl do produto de ligação, 25µl de Master Mix (GoTaq, Promega), 5µl de cada index P5 e P7, para cada amostra apresentando uma combinação única de index e totalizando 50 ul.

As reações de PCR para indexação foram realizadas de acordo com as seguintes condições de ciclo: 1 ciclo com um passo inicial de 73°C por 3 minutos seguido de 25 ciclos de desnaturação (95°C por 30 segundos e 95°C por 10 segundos), anelamento (55°C por 30 segundos), extensão (72°C por 30 segundos) e extensão final a 72°C por 5 minutos. Após as reações de PCR, os fragmentos foram purificados utilizando o kit ProNex® Size-Selective Purification System (Promega) de acordo com o protocolo do fabricante e quantificados com Qubit™ dsDNA HS Assay (Invitrogen). Estas apresentaram concentrações que variaram de 19.6 ng/ul a 58 ng/ul para a primeira biblioteca e 12,3 ng/ul a 60 ng/ul para a segunda biblioteca, sendo realizado um *pool* de amostras com concentração mínima previamente estabelecida de 19.6 ng/ul e 12,3 ng/ul respectivamente de DNA baseado na quantificação anterior.

Os *pools* foram compostos de 10 ul de cada amostra obtendo um volume final de 600ul para cada biblioteca, sendo novamente purificados utilizando-se o kit de *beads* (esferas) e o kit ProNex® Size-Selective Purification System (Promega) de acordo com o protocolo do fabricante. A quantificação dos *pools* foram realizadas com Qubit™ dsDNA HS Assay Kit (Invitrogen) obtendo a concentração de 253 ng/ul e 139 ng/ul respectivamente. Os fragmentos foram selecionados com um tamanho entre 350pb e 500pb e em seguida, purificados com o kit *Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System* (Promega, EUA), seguindo instruções do fabricante. Após a purificação dos geis, foi realizada nova quantificação de DNA com o kit Qubit™ dsDNA HS Assay (Invitrogen), obtendo a concentração final de 2.2 ng/ul e 1,6 ng/ul.

As bibliotecas finais foram quantificadas com PCR em tempo real (qPCR) com o kit NEBNext® Library Quant Kit (New England Biolabs) e posteriormente diluída a 4nM e desnaturadas seguindo instruções do fabricante do equipamento NextSeq 500 (Illumina). As bibliotecas foram sequenciadas com leituras de extremidade única (*single-end*) de 150pb, em uma célula de fluxo (*flow cell*) Mid Output, na plataforma Illumina Nextseq500 em duas corridas, no Instituto de Biotecnologia (IBTEC – UNESP, campus Botucatu/SP).

2.2.3. Análise de bioinformática, tratamento das *reads* e identificação de SNPs

Para a verificação da qualidade dos dados brutos (*raw data*), foi utilizado o programa FastQC (Andrews, 2018). Os dados obtidos por meio deste programa ilustram através de gráficos a qualidade das amostras, além de verificar se há presença de sequências dos adaptadores usados na construção da biblioteca, tamanhos das *reads* em pares de base (pb) e entre outros. Foi utilizado o *software* STACKS v2.71 (Catchen *et al.*, 2013) para identificar os loci SNP nos indivíduos sequenciados. Neste software, as sequências foram novamente filtradas por qualidade ($Q > 30$) com o módulo *process_radtags* para a busca das sequências com ambas as enzimas de restrição e posteriormente os indivíduos foram analisados com o módulo *denovo_map.pl*, visto que não há genoma de referência para espécie, assumindo todos os indivíduos como uma única população de modo a minimizar dados faltantes (*missing data*). Os dados filtrados e analisados foram exportados com o módulo *populations*, assumindo $r70$ e $--min-maf\ 0.05$.

Para a construção do catálogo de referência no módulo *denovo_map.pl*, foram realizados diferentes testes conforme descrito em Paris *et al.* (2017), com variação de $m=3$ a $m=8$, $M=1$ a $M=8$ e $n=1$ a $n=8$, para a seleção dos melhores parâmetros e número de marcadores polimórficos identificados e com $n = M$. O índice (M) controla o número de incompatibilidades permitidas entre os dois alelos de uma amostra heterozigota, o (n) verifica o número de incompatibilidade permitidas entre dois alelos da população, o parâmetro (m) controla o número de reads idênticas necessárias para iniciar um alelo putativo (Catchen *et al.*, 2013; Rochette & Catchen, 2017).

O software STACKS foi projetado para funcionar com qualquer dado baseado em enzimas de restrição, como GBS, CRoPS ou RAD de digestão simples e dupla. Ele emprega um catálogo para registrar todos os loci identificados em uma população e associa

os indivíduos a esse catálogo para determinar quais alelos de haplótipos estão presentes em cada loco em cada indivíduo (Catchen *et al.*, 2013).

Nesse sentido, uma análise *de novo* prossegue em seis estágios principais. Primeiro, as leituras são demultiplexadas e as sequências contendo ambas as enzimas de restrição filtradas pelo módulo *process_radtags*. Os próximos três estágios compreendem comandos em pipeline para construir loci (*ustacks*), criar o catálogo de loci (*cstacks*) e comparar com o catálogo (*sstacks*). No quinto estágio, o módulo *gstacks* é executado para montar e mesclar os *contigs* emparelhados, chamar sítios variantes na população e genótipos em cada amostra. No estágio final, o módulo *populations* é executado, este pode filtrar dados, calcular estatísticas de genética populacional e exportar uma variedade de formatos de dados (Catchen *et al.*, 2013).

Para a realização das análises estatísticas, foram utilizados pacotes R específicos e métodos bem estabelecidos. A Análise Discriminante por Componentes Principais (DAPC) foi executada utilizando o pacote *'ade4'* versão 2.0.0 em ambiente R, conforme proposto por Jombart (2008). Além disso, a Análise de Componentes Principais (PCA) foi conduzida para proporcionar uma ordenação dos dados, sendo amplamente aplicada em diversos campos do conhecimento, incluindo a ecologia, utilizando ferramentas estatísticas disponíveis no ambiente R (Caldeira-Junior *et al.*, 2021). Estes métodos permitiram a exploração da diversidade genética de indivíduos da espécie *Myracrodruon urundeuva*. O DAPC é implementado pela função *dapc*, que primeiro transforma os dados usando a PCA e, em seguida, realiza uma Análise Discriminante nos componentes principais retidos. Assim como o *find.clusters*, o *dapc* é uma função genérica com métodos para *data.frame* e objetos com a classe *genind* (marcadores genéticos usuais) e *genlight* (dados de SNP em larga escala no genoma). (Jombart, 2013). O DAPC permite a identificação e descrição de clusters genéticos dentro da população estudada, fornecendo direcionamento sobre a estrutura genética da espécie (Jombart *et al.*, 2010; Maduna *et al.*, 2023).

A análise DAPC destaca-se como uma ferramenta robusta e de alta confiabilidade na análise de dados genéticos de populações. Esta abordagem combina elementos da Análise de Componentes Principais com técnicas de análise discriminante, permitindo uma melhor visualização e interpretação da estrutura genética entre populações (Cruz *et al.*, 2014). Autores como Jombart *et al.* (2010) têm demonstrado a eficácia da DAPC em estudos que buscam entender a diferenciação populacional em diversas espécies, incluindo aquelas de relevância florestal. Essa técnica tem sido aplicada em contextos variados, desde estudos de conservação até investigações de processos evolutivos.

Ao avaliar a diversidade populacional utilizando DAPC, é possível identificar padrões sutis de diferenciação genética que podem passar despercebidos em outras abordagens. Esta técnica permite a representação gráfica de clusters populacionais, o que facilita a interpretação dos resultados e a visualização das relações entre grupos. Além disso, a DAPC tem a vantagem de ser uma abordagem livre de pressupostos demográficos, o que a torna aplicável em uma ampla gama de cenários. Escudero *et al.* (2015) ilustram a utilidade da DAPC ao investigar a estrutura genética em espécies de ecossistemas florestais. Ademais, esta análise tem como objetivo fornecer uma descrição eficiente de clusters genéticos usando poucas variáveis sintéticas. Estas são construídas como combinações lineares das variáveis originais (alelos) que possuem a maior variância entre grupos e a menor variância dentro de cada grupo. Os coeficientes dos alelos usados na combinação linear são chamados de ponderações, enquanto as variáveis sintéticas são elas próprias referidas como funções discriminantes (Jombart, 2013).

A análise de componentes principais (PCA) é uma técnica estatística utilizada para simplificar e representar dados complexos em um espaço de menor dimensão, enquanto mantém a maior parte da variabilidade original dos dados (Dunteman, 1989). Os autovalores na PCA são os valores que indicam a importância de cada componente principal na representação dos dados. Eles quantificam a quantidade de variância dos dados que é explicada por cada componente principal. Em termos simples, autovalores maiores indicam componentes principais mais influentes. Por exemplo, se tivermos um conjunto de dados multidimensionais e calcularmos a PCA, os autovalores nos dirão quanto de informação está contida em cada componente principal. Autovalores maiores indicarão que os componentes correspondentes capturam uma porção significativa da variação dos dados originais. Portanto, ao interpretar os autovalores na PCA, podemos identificar quais componentes são mais relevantes para representar a estrutura dos dados.

Outro método de análise de estruturação genética para dados provenientes RAD-Seq é a utilização do software fineRAD (Malinsky *et al.*, 2018), que identifica a estrutura populacional baseada na “coancestria” do haplótipo do vizinho mais próximo (nearest neighbor), calculando os haplótipos mais próximos entre si e montando uma matrix de coancestria baseada em haplótipos. Deste modo, um dendrograma de relações e um heatmap são gerados que demonstram as relações entre as amostras.

Além disso, a Análise da Variância Molecular (AMOVA) foi realizada pela implementação do pacote “poppr” para avaliar a diferenciação genética entre as populações de *M. urundeuva*. O Teste de Mantel também foi calculado para avaliar a

relação entre distâncias genéticas e geográficas, contribuindo para uma compreensão mais abrangente da estruturação populacional dessa espécie arbórea. Esta análise de isolamento por distância foi baseada nas distâncias geográficas em km e distâncias genéticas do índice de fixação entre as populações utilizando os pacotes “vegan” para cálculo Mantel e “StAMPP” para cálculo F_{st} entre populações.

A abordagem estatística de Mantel permite a avaliação da correlação espacial entre a variação genética de marcadores moleculares e a distribuição geográfica de populações. Isso proporciona uma visão refinada das influências de fatores ambientais e geográficos sobre a diversidade genética, elucidando padrões de adaptação local e fornecendo informações valiosas para estratégias de conservação e manejo genético (Diniz-Filho *et al.*, 2013; Leduc *et al.*, 1992). A Análise e Índice de Mantel emerge, portanto, como uma ferramenta analítica precisa na pesquisa genética, oferecendo uma abordagem quantitativa e rigorosa para a investigação de padrões espaciais e correlações genéticas. Sua aplicação não apenas enriquece a compreensão dos processos evolutivos e populacionais, mas também desempenha um papel fundamental na identificação de loci associados a características específicas, contribuindo para avanços significativos na genética de populações e no rastreio de SNPs (Diniz-Filho *et al.*, 2013).

O Coeficiente de Fixação (F_{st} - Weir & Cockerham 1984) foi calculado para avaliar a diferenciação genética entre as subpopulações, bem como Riqueza Alélica e Alelos Privados foram determinadas para quantificar a diversidade genética presente, destacando os alelos exclusivos de cada subpopulação. Além disso, as heterozigosidades observadas e esperadas foram calculadas para avaliar a variabilidade genética observada e esperada nas populações de *M. urundeuva*. Estes conjuntos de dados foram obtidos com uso do pacote “hierfstat” em ambiente R, com 1000 bootstraps.

O F_{st} é uma ferramenta valiosa na genética de populações, pois fornece informações sobre a estrutura e a diversidade genética de uma população (Lewtontin & Krakauer, 1973; Maiorano, 2019). Ele é frequentemente utilizado em estudos de conservação de espécies, manejo de recursos naturais e investigações de migração e dispersão de genes, notadamente em populações florestais no Hemisfério norte, como realizado por Buschbom *et al.* (2011), Moracho *et al.* (2016) e Temunovic *et al.* (2020) em Carvalho (*Quercus robur* L.). Além disso, o F_{st} também é empregado em estudos de evolução, ajudando a compreender os processos que moldam a variação genética em populações naturais (Maiorano, 2019).

A Rede de Haplótipos foi construída utilizando o “poppr” para analisar as sequências de DNA e visualizar a diversidade de haplótipos das populações estudadas. Para a estimativa do Coeficiente de Endogamia (F_{is}), utilizamos o pacote ‘hierfstat’ (v0.04-22) no ambiente R. Essa análise nos permitiu quantificar o grau de parentesco entre indivíduos dentro da população, fornecendo insights valiosos sobre a estrutura genética da mesma. A Distância Genética por Árvore Filogenética foi calculada com o auxílio do software MEGA (v11.1.1) e do pacote ‘ape’ (v5.5) no R. Utilizamos sequências de DNA alinhadas para construir uma árvore filogenética baseada em neighbor-joining, permitindo-nos visualizar a distância genética entre os grupos analisados.

Ainda, para identificação de loci com potencial envolvimento em adaptação, foram utilizados dois métodos: análise de componentes principais com o pacote “pcadapt” e para uma análise mais abrangente, a Análise de Redundância (RDA) foi aplicada utilizando os pacotes “psych” e “vegan” em ambiente R. Esta técnica estatística multivariada permitiu explorar as relações entre os fatores ambientais e genéticos que influenciam a estrutura da população de *M. urundeuva*. A RDA é uma ferramenta poderosa para investigar as interações complexas entre variáveis ambientais e genéticas, contribuindo significativamente para a compreensão da dinâmica populacional da espécie.

Dados de 19 variáveis climáticas foram extraídas do banco Worldclim e plotadas com as coordenadas geográficas no software Qgis versão 3.32.3. Variáveis correlacionadas (valores maiores que 0.80) foram retiradas da análise. Para cada indivíduo analisado, os dados foram exportados baseados em sua coordenada geográfica da população original e depois analisados em termos de diversidade genética e correlação com variáveis climáticas, de modo a selecionar SNPs altamente relacionados a uma ou mais variáveis como potencial locus em seleção de adaptabilidade local da população analisada.

As sequências dos loci identificados foram analisadas por meio de BLAST (NCBI) para identificação de possíveis genes ou regiões genômicas. A Análise de Coordenadas Principais (PCoA) foi conduzida a partir dos dados disponibilizados pelo WorldClim, permitindo uma visualização espacial das variações climáticas e sua influência sobre a distribuição das populações em estudo. Todas as variáveis climáticas utilizadas para as análises encontram-se no Anexo IV.

A Análise de Redundância (RDA) é uma técnica estatística avançada na genética de populações que visa investigar as relações entre variáveis ambientais e a variação genética em populações naturais (Capblancq & Forester, 2021). Esta metodologia estatística permite avaliar o quanto a variação genética pode ser explicada por fatores ambientais específicos,

fornecendo uma visão detalhada dos processos adaptativos e evolutivos que moldam a diversidade genética em diferentes contextos ecológicos (Jackson *et al.*, 2012).

Ao analisar a variação genética em relação a variáveis ambientais, a RDA proporciona insights valiosos sobre a adaptação das populações a diferentes condições ecológicas. Isso é de extrema importância para o entendimento dos mecanismos subjacentes à evolução e à variabilidade genética, bem como para a identificação de marcadores genéticos candidatos em estudos de genética de populações (Capblancq *et al.*, 2018). A análise “pcadapt” é uma técnica avançada de genética de populações utilizada para detectar padrões de adaptação genética em populações naturais (Fabri *et al.*, 2022). Ela se baseia na análise de Componentes Principais (PC, do inglês Principal Components) para identificar loci genéticos que apresentam desvios significativos em frequência entre diferentes grupos populacionais (Eyres *et al.*, 2017). Esta metodologia estatística oferece uma abordagem poderosa para detectar sinais de adaptação local, onde determinados alelos ou marcadores genéticos podem estar associados a características adaptativas em resposta a pressões seletivas específicas do ambiente (Vidal-Junior *et al.*, 2022).

3. RESULTADOS

3.1. Construção da biblioteca genômica e identificação de SNPs

O sequenciamento por *ddRADseq* dos diferentes biomas resultou em um *Q Score* acima de $Q \geq 30$ na maior parte dos *reads* (Gráfico 1). O *Q Score* é um indicador de qualidade baseado na probabilidade de erro na identificação de uma base, onde essa define uma acurácia na chamada da base (*base calling*). Uma acurácia de 99% tem a probabilidade de ocorrência de um erro em cada 100 leituras (0.1), ou um índice de qualidade (Q) igual à 10. Uma acurácia de 99% terá um erro em cada 100 chamadas (0.01) com um (Q) de 20, e assim sucessivamente. Valores acima de 30, demonstram a probabilidade de erros na casa de 1000 chamadas (acurácia 99.9%) ou mais e evidenciam maior qualidade do sequenciamento realizado (Ewing *et al.*, 1998; Reis, 2020).

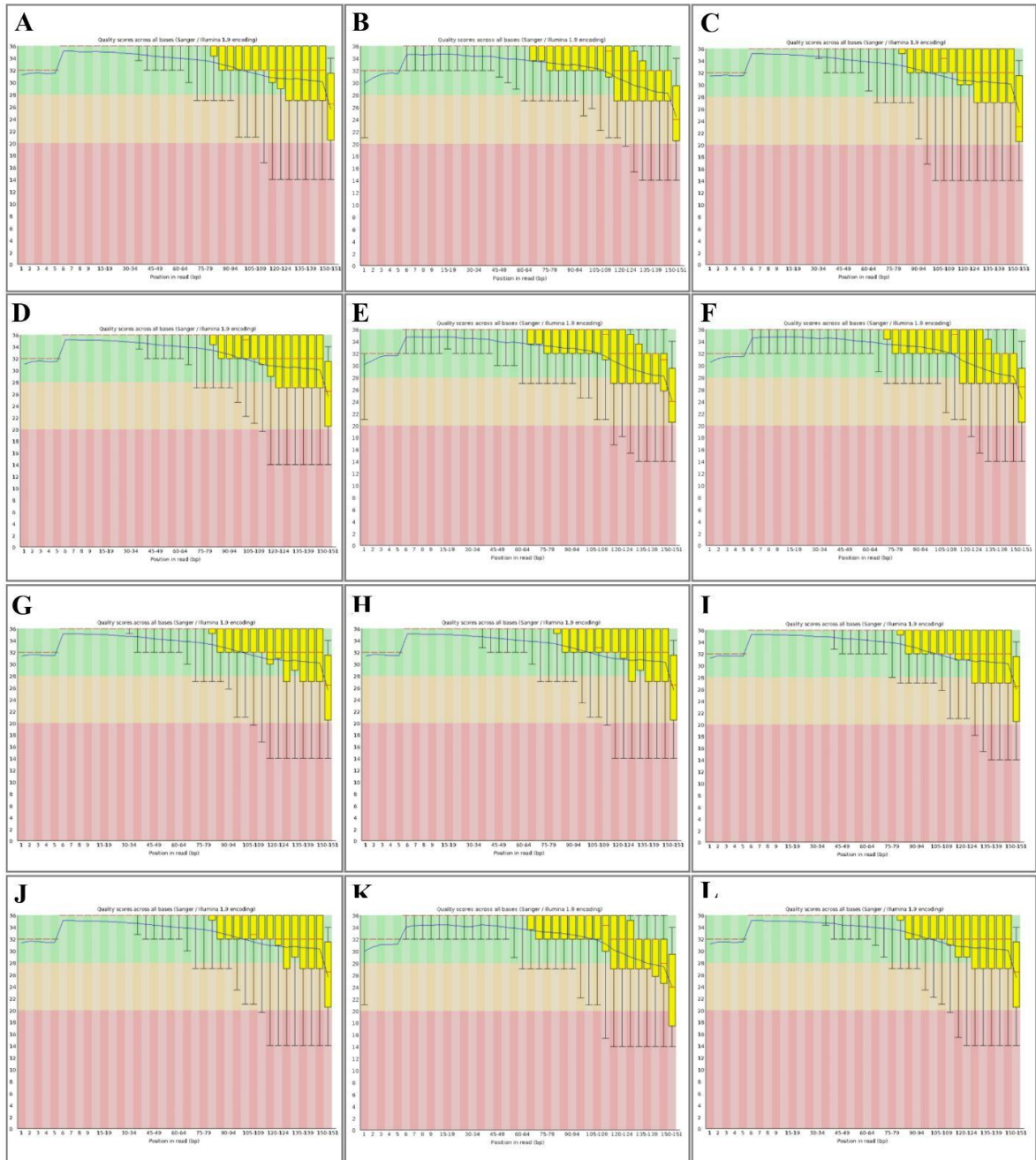


Gráfico 1. Resultados obtidos a partir do software FastQC para Sequenciamento de Nova Geração (NGS) por *Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing* (ddRADseq) em amostras de *M. urundeuva* por pares de base (1-150 pb) para as populações de: **(A)** PE: Petrolina, PE; **(B)** SE: Seridó, RN; **(C)** BU: Bauru, SP; **(D)** CB: Cuiabá, MT; **(E)** IT: Itarumã, GO. **(F)** PF: Paulo de Faria, SP; **(G)** RP: Ribeirão Preto, SP; **(H)** AQ: Aquidauana, MS; **(I)** CO: Corumbá, MS; **(J)** MI: Miranda, MS; **(K)** BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP e **(L)** SV: Selvíria, MS, provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica no Brasil.

O número de *reads* totais para os 115 indivíduos amostrados de *M. urundeuva* foi de 86,040,542 milhões, variando entre 264 e 2,667,829 milhões de *reads* por amostra (Anexo 3) quando considerados ambos os sequenciamentos. O número de *reads* com qualidade $Q > 30$ filtradas pelo módulo *process_radtags*, ou seja, com potencial para posterior análise de dados foi de 42,937,401 milhões de *reads*, aproximadamente 49,90%.

As análises realizadas a partir dos índices m (3 a 8), M (1 a 8) e n (1 a 8), revelaram uma taxa de cobertura variando em média entre 15 vezes para m_3 à aproximadamente 45 vezes para m_8 (Gráfico 2). Apesar de Paris *et al.* (2017) sugerir valores de cobertura superiores a 25x, as taxas de erros em coberturas acima de 10x se mostraram minimizadas.

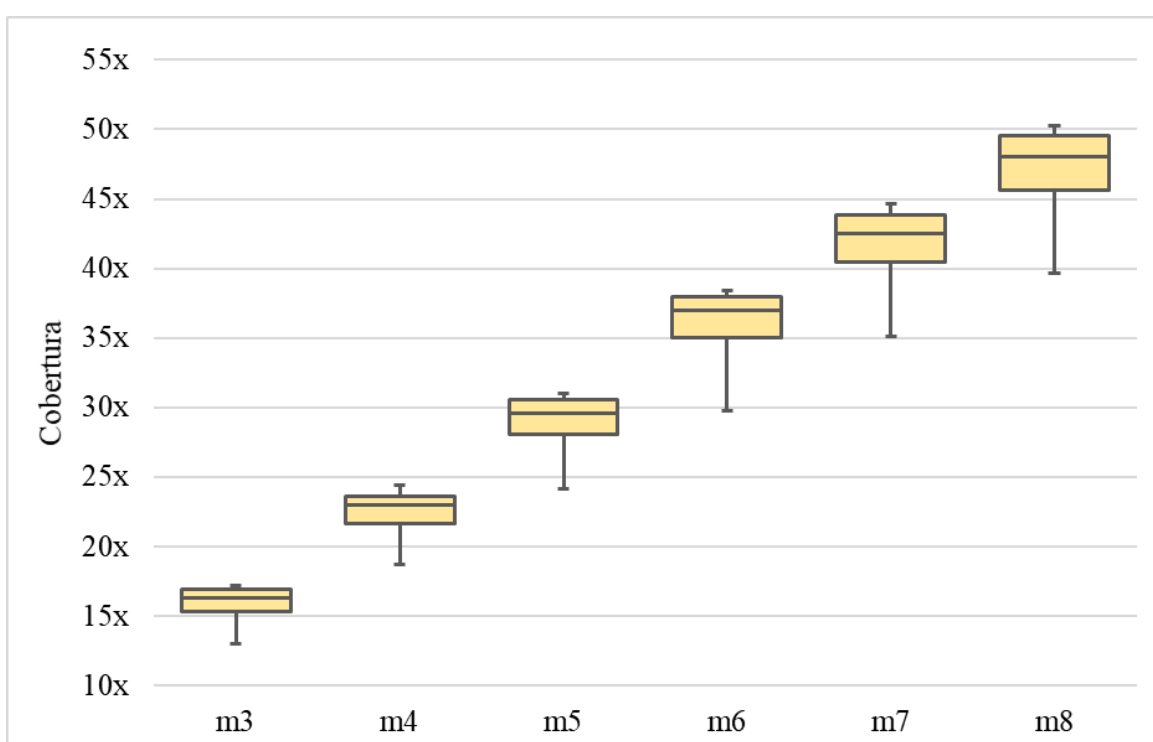


Gráfico 2. Cobertura média dos fragmentos sequenciados de *M. urundeuva* para valores crescentes de (m) com variação de 3 a 8 vezes e (M) com variação de 1 a 8 vezes, respectivamente.

A porcentagem de dados faltantes (Gráfico 3) para os loci analisados ficou abaixo de 20%. Foram utilizados apenas os indivíduos genótipos acima de 50% (Gráfico 4) e com *reads* retidas ($Q > 30$) superiores a 300,000 (trezentos mil) para o primeiro sequenciamento e 250,000 (duzentos e cinquenta mil) para a junção de ambos os sequenciamentos, excluindo-se assim 27 amostras com dados faltantes e baixo volume de *reads* e totalizando 88 indivíduos, de modo a maximizar o número de marcadores polimórficos encontrados.

Em análise para a criação do catálogo de referência com as 51 amostras do primeiro sequenciamento, houve tendência à estabilização entre os índices m5 e m6 para os sítios polimórficos com SNPs, revelando que para valores acima m7, m8 ou maiores, o resultado demonstra não ser significativo, conforme detalhado na tabela 2.

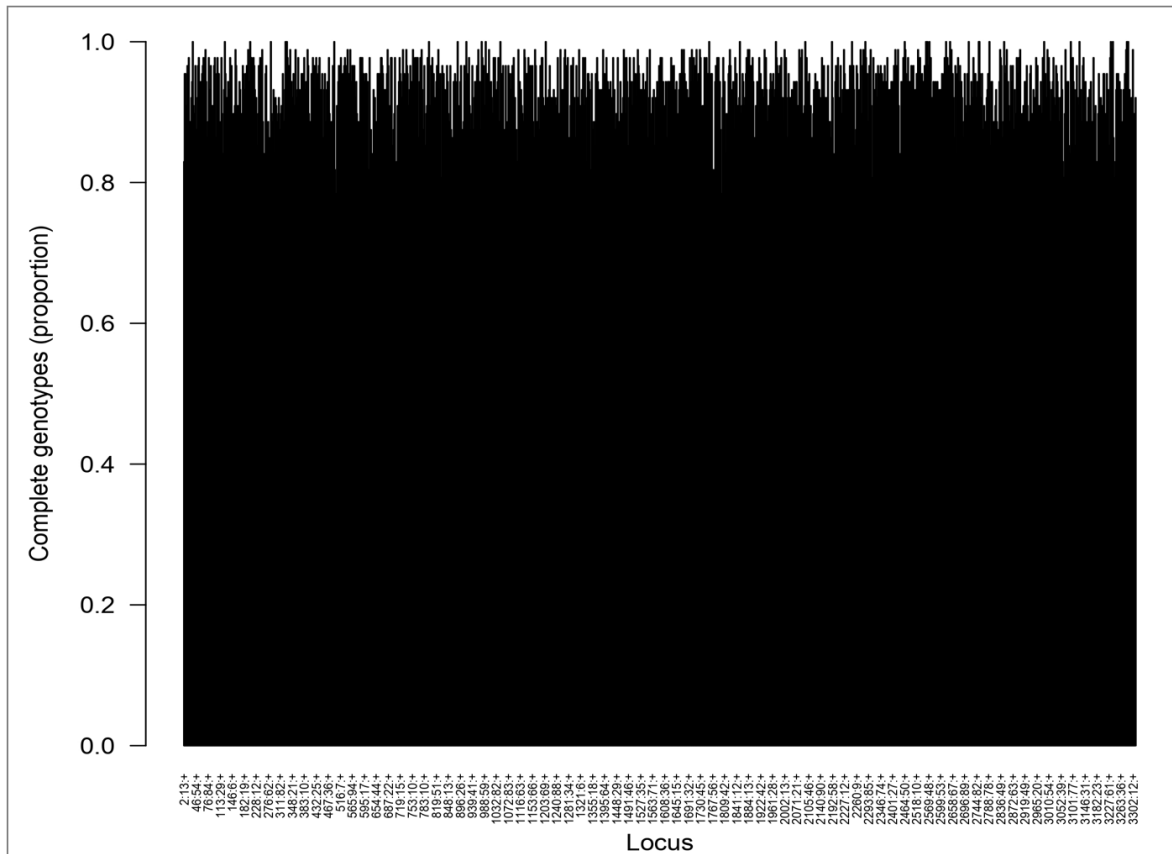


Gráfico 3. *Missing Data* em *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica.

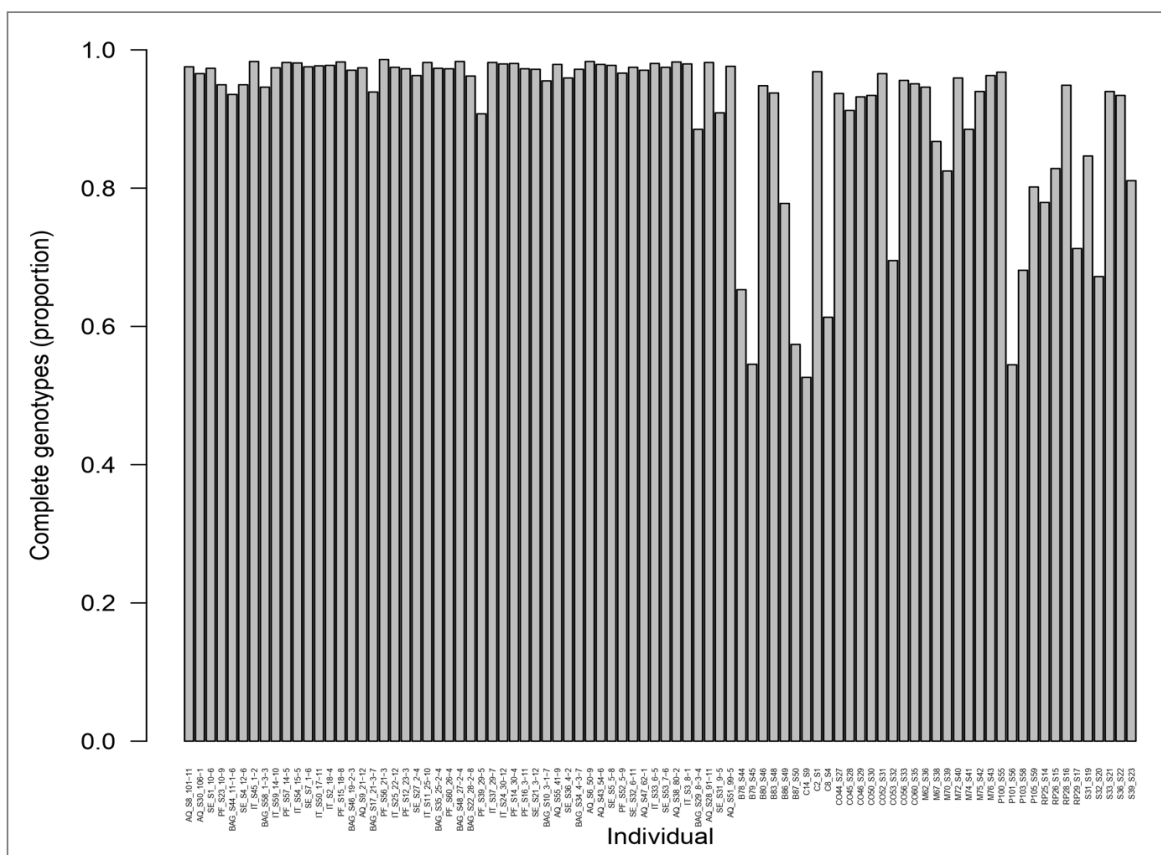


Gráfico 4. Complete genotypes em *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica.

Tabela 2. Loci totais e sítios polimórficos para *M. urundeuva* conforme analisado pelo Software STACKS, após filtragem para indivíduos com reads superiores a 300,000 e Q>30 em sequenciamento com 51 indivíduos de 5 populações.

loci Totais						
	m3	m4	m5	m6	m7	m8
M1, n1	105035	70677	52009	41377	33724	28373
M2, n2	94757	63916	47238	37691	30743	25836
M3, n3	90120	60888	45099	35985	29369	24735
M4, n4	87515	59189	43817	35035	28622	24148
M5, n5	85906	58079	43087	34520	28231	23839
M6, n6	84784	57365	42593	34100	27896	23558
M7, n7	84016	56840	42226	33806	27700	23410
M8, n8	83433	56528	41972	33600	27556	23314
Sítios Polimórficos						
	m3	m4	m5	m6	m7	m8
M1, n1	1606	1323	1066	875	672	516
M2, n2	1980	1618	1282	1045	805	632
M3, n3	2121	1729	1378	1101	858	674

loci Totais						
M4, n4	2183	1772	1413	1135	885	699
M5, n5	2207	1792	1423	1152	897	704
M6, n6	2222	1806	1439	1151	898	702
M7, n7	2226	1803	1429	1157	898	707
M8, n8	2211	1797	1434	1157	901	705

O número de loci totais variou em média de 90,120 para m3 a 23,314 para m8 (Gráfico 5-A). A construção do painel de sítios polimórficos com potenciais SNPs identificou uma média de 2195 SNPs para m3, 1782 para m4, 1418 para m5, 1143 para m6, 891 para m7 e 700 para m8 (Gráfico 5-B).

O número de sítios polimórficos encontrados foi maior com os parâmetros m=3, M=3 e n=3 a m=3, M=8 e n=8, resultando em uma média de 2195 marcadores. A escolha do M3 visou a cobertura dos loci em futuros sequenciamentos, tendo em vista que os valores de cobertura foram em torno de 15X, priorizando a inclusão dos alelos mesmo em sequenciamentos de baixa cobertura. Após a criação do catálogo de marcadores, foi realizada a junção dos demais indivíduos das populações restantes, totalizando 88 amostras após filtragens de baixa qualidade e número de reads, totalizando 1427 marcadores SNPs.

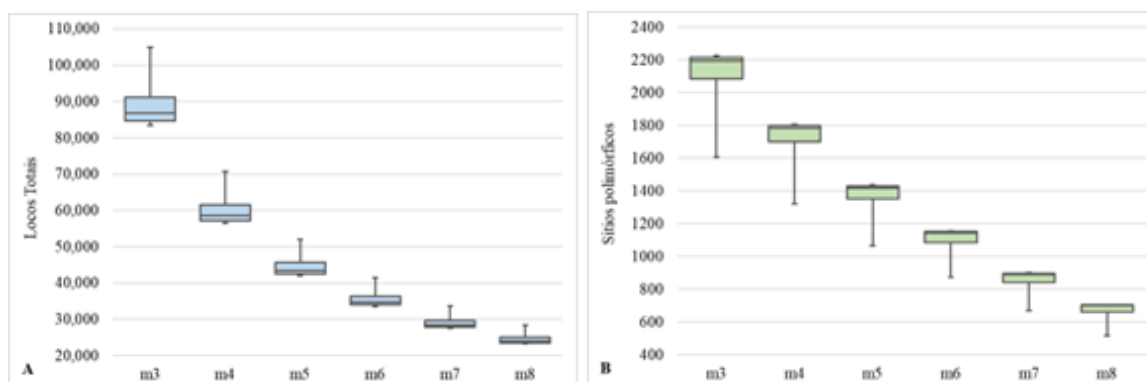


Gráfico 5. (A) Loci totais para 51 indivíduos de *M. urundeuva* para valores crescentes de (m) e (M) variando de 3 a 8 vezes e 1 a 8 vezes respectivamente e (B) Quantidade de sítios polimórficos para *M. urundeuva* para valores crescentes de (m) e (M) variando de 3 a 8 vezes e 1 a 8 vezes respectivamente.

Entre os membros de Anacardiaceae com genomas publicados, *Mangifera indica* possui tamanho estimado do genoma em aproximadamente 400Mb (Wang *et al.*, 2020) e *Pistacia vera* em 600Mb (Motalebipour *et al.*, 2016). Através dos resultados da análise de

filogenia com genomas completos de cloroplastos entre os membros de Anacardiaceae obtidos por Rossini *et al.* (2021) apontando *M. urundeuva* como grupo irmão de *P. vera*, é razoável assumir o tamanho do genoma da Aroeira como aproximadamente 0.6Gb a 0.8Gb. Resultados de citometria de fluxo indicam que o tamanho do genoma da Aroeira é próximo de 750mb (Rossini, comunicação pessoal).

3.2. Riqueza Alélica, Alelos privados e Heterozigosidade

A estimativa de alelos privados (Gráfico 6-A) para as populações de *M. urundeuva* apresentou valores apenas para a população de Seridó (SE) com um total de 134 alelos. Estes valores evidenciam a diferenciação das populações do Bioma Caatinga em Seridó, Rio Grande do Norte. A riqueza alélica foi estimada em uma média de 1.227 para as 12 populações avaliadas neste estudo. A população de Seridó (SE) obteve os menores valores de riqueza alélica, com 1.161 alelos, já a população de Paulo de Faria (PF) na Mata-Atlântica obteve os maiores valores de riqueza alélica, com 1.269 alelos.

O Coeficiente de Endogamia (F_{is}) (Gráfico 7), apresentou valores médios abaixo de 0,1 para 5 populações: 0.032 para a população de Aquidauana (AQ), 0.003 para Seridó (SE), 0.014 para Paulo de Faria (PF), 0.001 para Rosana (BAG) e 0.043 Para Itarumã (IT, Cerrado). Para as demais, o (F_{is}) obteve valores entre 0,096 (Cuiabá, CB) a 0,196 (Selvória, SV), sendo este o maior dentre todas as populações. O Coeficiente de Endogamia é uma ferramenta de grande importância na genética de populações. Essa metodologia estatística é utilizada para quantificar o grau de endogamia em uma população, isto é, a frequência de acasalamentos entre parentes próximos. Nenhuma das populações demonstrou desvios significativos do Equilíbrio de Hardy-Weinberg.

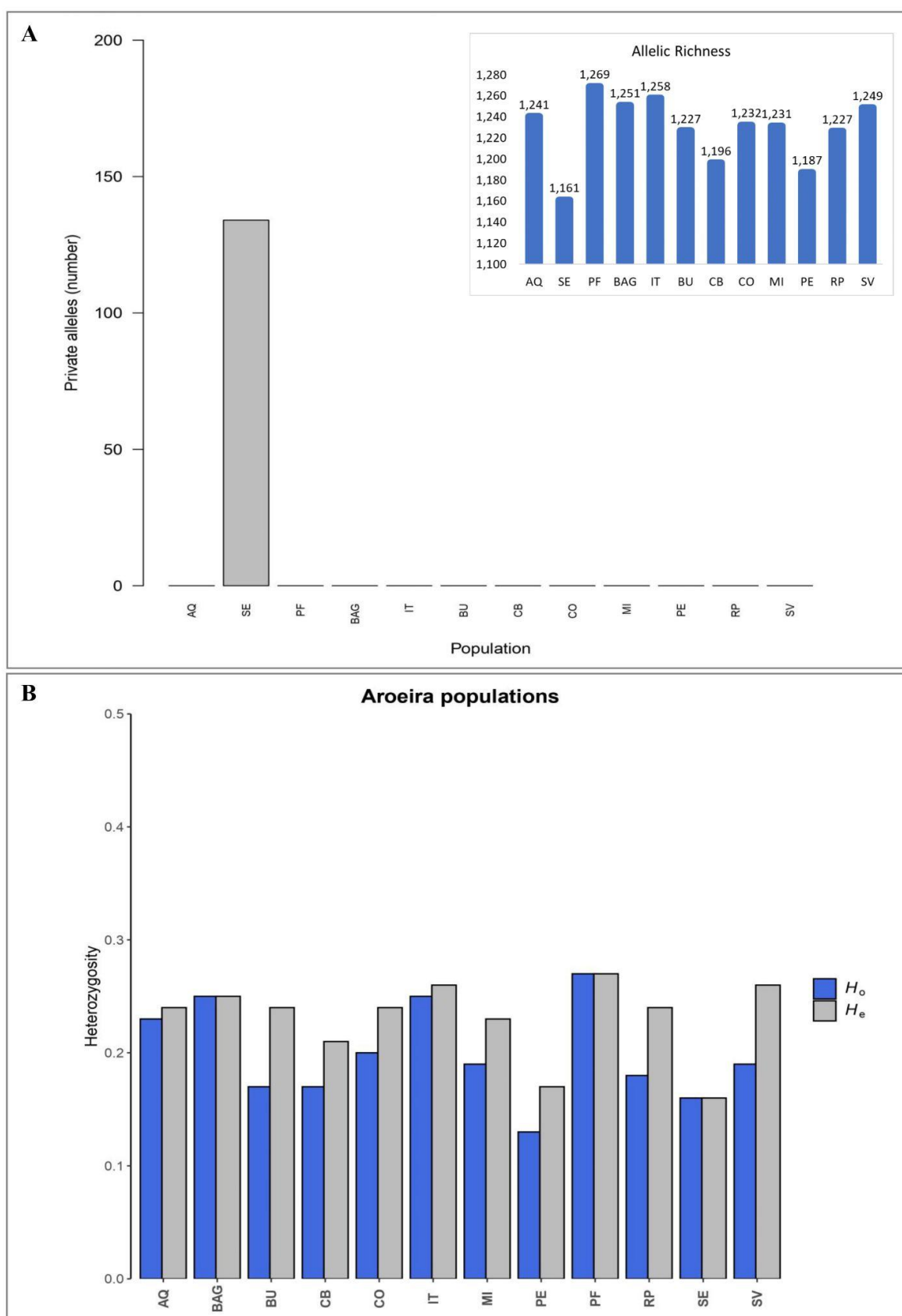


Gráfico 6. Estimativa de (A) Alelos Privados e Riqueza Alélica e (B) Heterozigose observada e esperada em *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da

espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

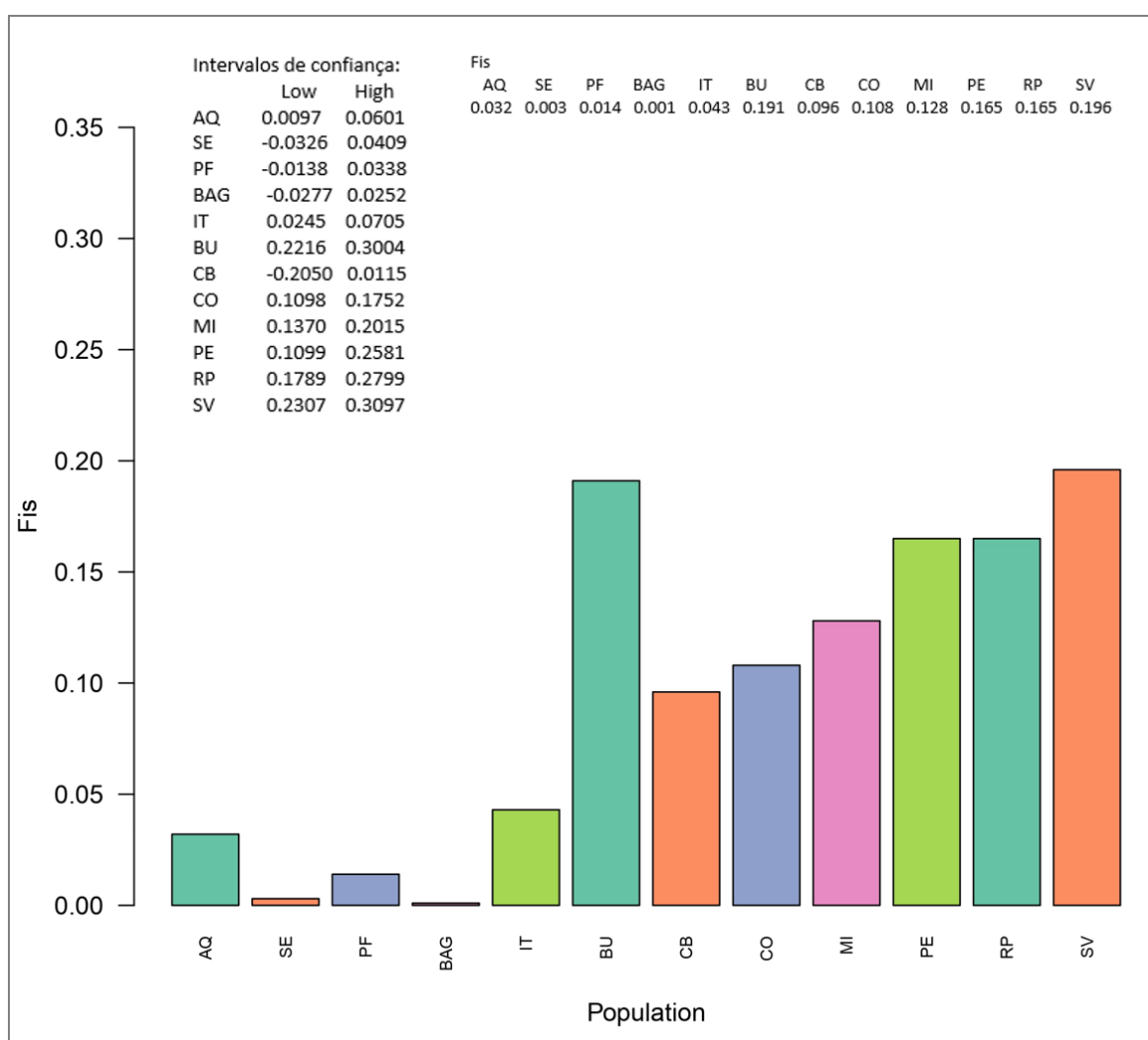


Gráfico 7. Coeficiente de Endogamia (F_{is}) em *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS.

Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS

3.3. Diversidade Genética e Estrutura Populacional

A diversidade genética para *M. urundeuva* (Gráfico 8) apresentou estruturação distinta para as populações referentes aos biomas Caatinga (Seridó, SE e Petrolina, PE), Mata-Atlântica (Paulo de Faria, PF e Ribeirão Preto, RP) e Pantanal (Aquidauana, AQ; Corumbá, CO e Miranda, MI). Para as populações de Cerrado (Bauru (BU), Cuiabá (CB) e Itarumã (IT)) e transição de biomas (Rosana, BAG e Selvíria, SV) houve a formação de um cluster miscigenado, indicando que estas populações possuem forte interação reprodutiva e troca de alelos.

A análise das populações de *M. urundeuva* por DAPC (Gráfico 9-A) e de PCA (Gráfico 9-B), revelaram clusters populacionais geneticamente distintos entre si, em especial, o isolamento entre as populações de Seridó (SE) e Petrolina (PE) evidenciando grande diferença em relação às demais populações. Essa divergência genética sugere uma história evolutiva singular para a população da Caatinga, possivelmente influenciada por fatores ambientais específicos desse bioma semiárido. As populações representativas do bioma Pantanal também se mostraram distantes dos demais clusters, indicando semelhanças entre Aquidauana (AQ), Corumbá (CO) e Miranda (MI). Um grande cluster contendo as populações de Cerrado, Mata-Atlântica e Transição foi evidenciado em ambas as análises, o que indica forte interação entre as populações destes biomas.

Do mesmo modo, a análise baseada em coancestria de haplótipos do software fineRAD revelou a presença de ao menos quatro clusters genéticos, seguindo: populações Caatinga (SE e PE), Pantanal (AQ, MI, CO e CB), Mata Atlântica (PF e RP), Cerrado e transições (BAG, SV, BU e IT) (Gráfico 10).

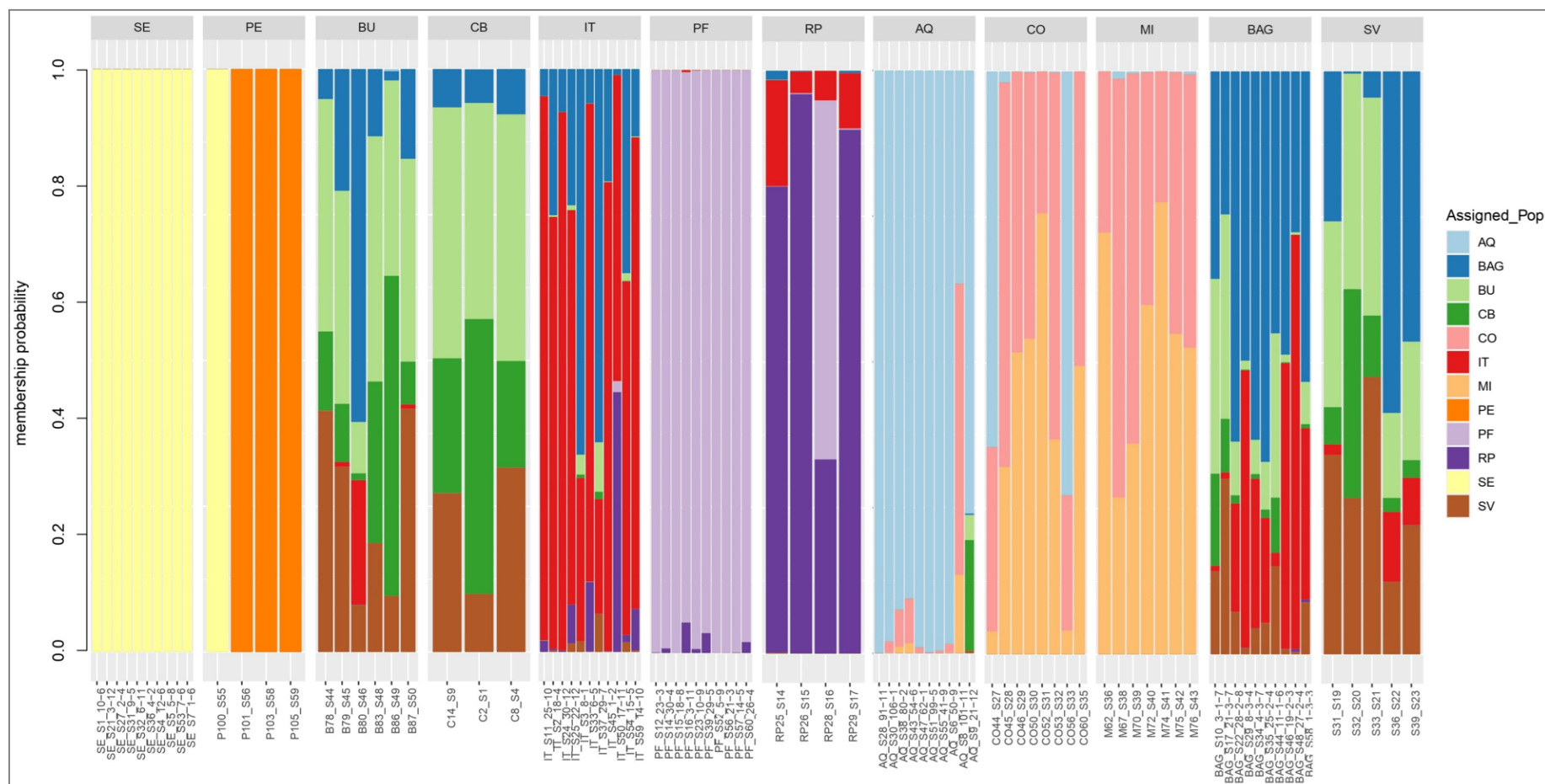


Gráfico 8. Associação de Genótipos por População em *Myracrodruon urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS

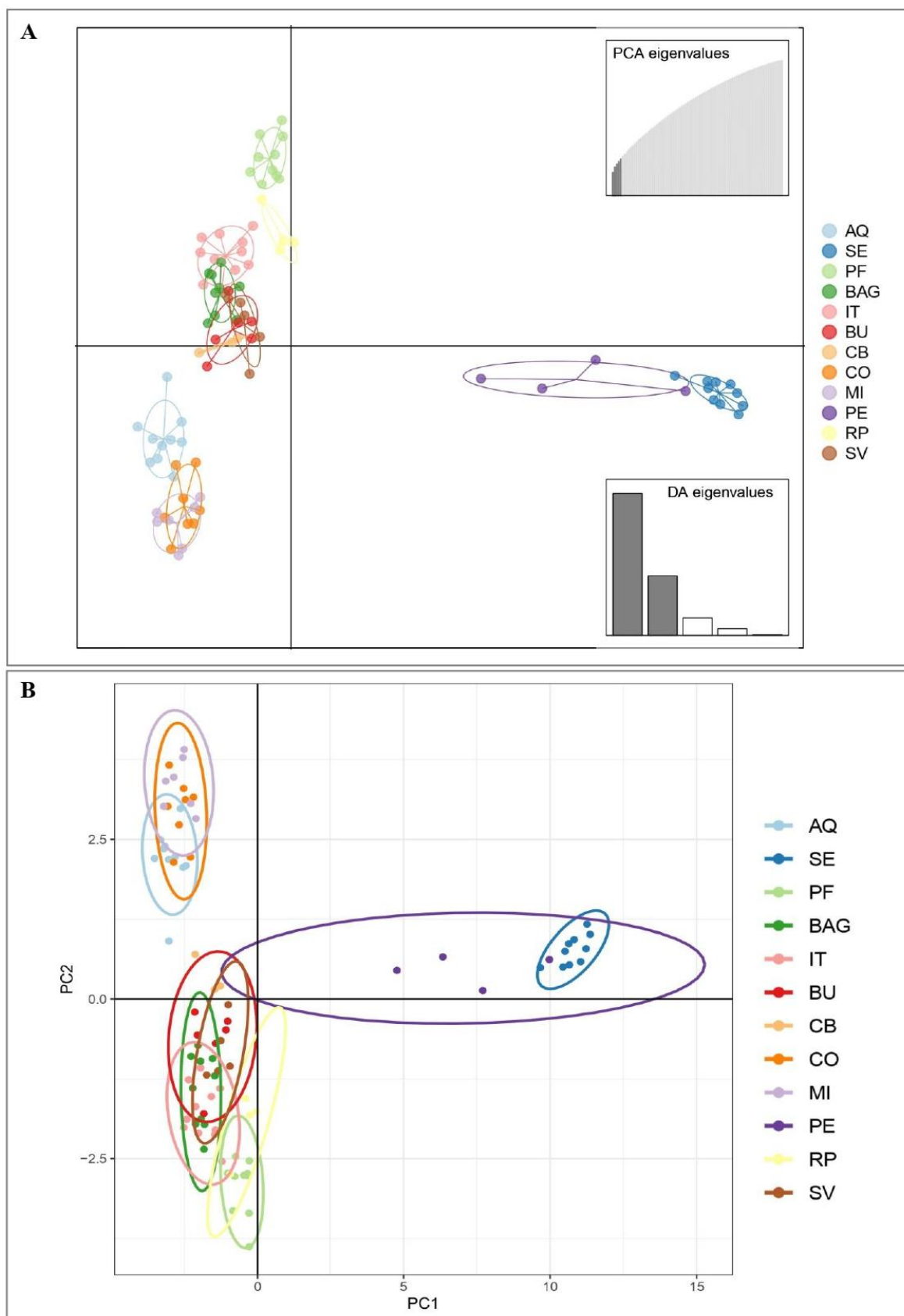


Gráfico 9. Correlação por (A) Análise Discriminante de Componentes Principais (DAPC) e (B) Análise de componentes principais (PCA) em *Myracrodruon urundeuva*

provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

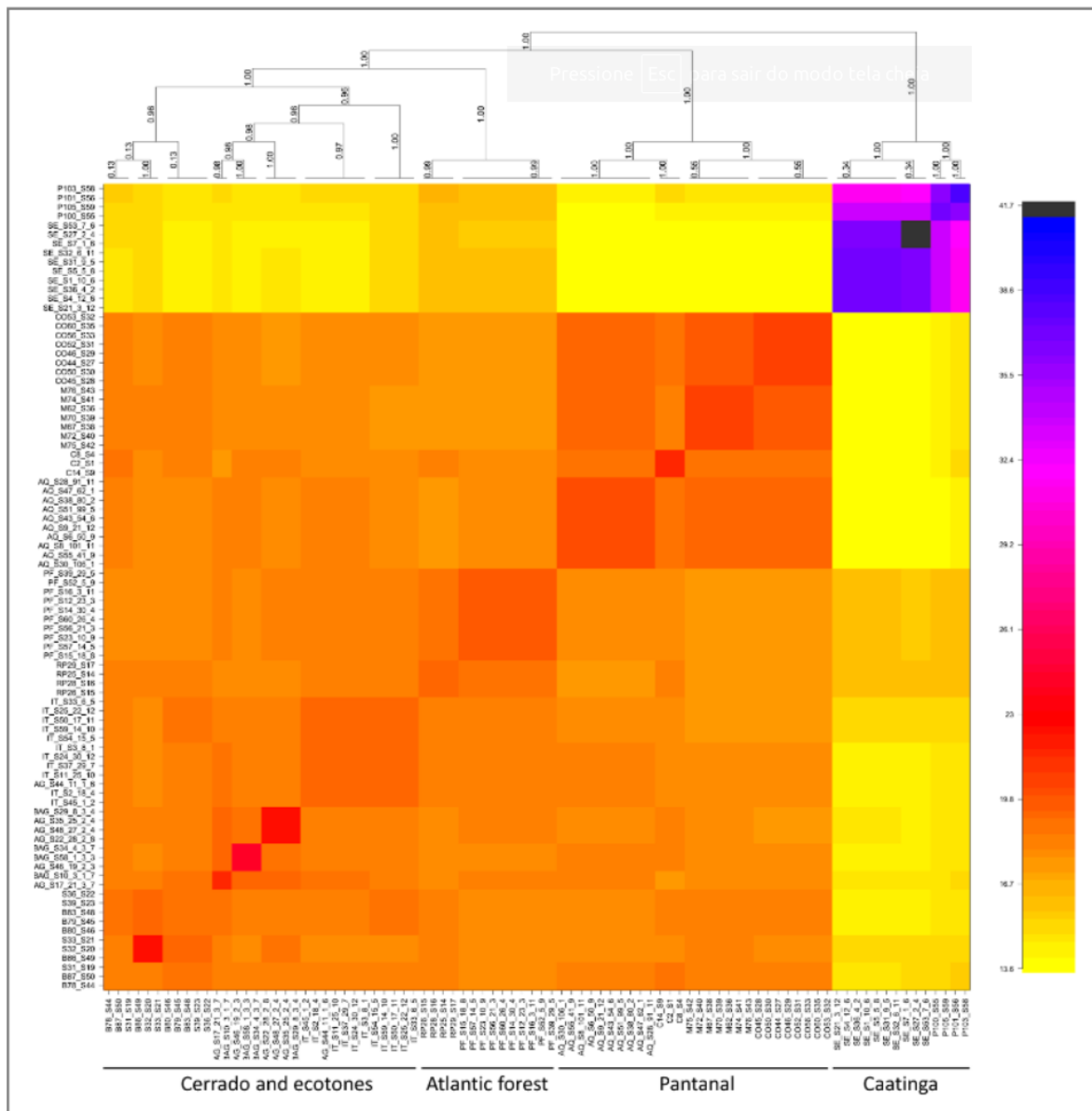


Gráfico 10. Estrutura populacional evidenciada pelo software fineRAD com a identificação de ao menos quatro clusters genéticos. Cores identificam as correlações entre amostras, do azul (mais correlacionado) ao amarelo (menos correlacionado).

A análise de isolamento por distância pelo teste de Mantel (Gráfico 11-A) ilustrou resultado semelhante, com distanciamento entre as populações de Seridó (SE) e Petrolina (PE) com as demais, evidenciando a significativa distância genética e singularidade do bioma da Caatinga. O testes de Mantel é uma metodologia estatística de grande relevância na genética de populações, sendo utilizada para investigar a relação entre diferentes conjuntos de dados genéticos ou genômicos (Mantel, 1967). Essa técnica se fundamenta na avaliação da correlação entre matrizes de similaridade genética, associando uma a uma e possibilitando a detecção de padrões de associação ou dissociação entre populações. A aplicação desta análise propicia incursões de grande valia sobre os processos de migração, fluxo gênico e estruturação populacional, contribuindo substancialmente para a compreensão da dinâmica evolutiva de espécies (Leduc *et al.*, 1992). A análise AMOVA revelou que 28.79% da variação é explicada entre as amostras, reforçando a diferenciação populacional entre os biomas analisados (Tabela 3).

A populações de *M. urundeuva* revelaram ser significativamente diferentes entre si em todas as populações, quando confrontadas ao Coeficiente de Fixação de Wright (Wright, 1931) (Gráfico 11-B), em especial, quando comparadas às populações de Seridó (SE) e Petrolina (PE) da Caatinga. O Coeficiente de Fixação (F_{st}), em genética de populações, é uma medida estatística que quantifica a diferenciação genética entre subpopulações dentro de uma população mais ampla (Wright, 1984). Ele é utilizado para avaliar o grau de estruturação genética entre grupos de indivíduos, indicando a proporção da variação genética total que é devida às diferenças entre as subpopulações (Lewontin & Krakauer, 1973).

Esse índice varia de 0 a 1, onde 0 indica ausência de diferenciação genética entre as subpopulações (ou seja, todas as subpopulações são geneticamente idênticas) e 1 indica completa diferenciação genética (ou seja, as subpopulações são geneticamente distintas (Wright, 1984) e indicou valores médios drasticamente maiores de diferenciação para as populações da Caatinga em relação às outras variando de 0,28 quando em contraste Petrolina (PE) com a população de Paulo de Faria (PF) a 0,478 quando contrastado Cuiabá (CB) e Seridó (SE) sendo esta, a maior diferenciação dentre todos os biomas. As populações de Bauru (BU) e Selvíria (SV) demonstraram a menor diferenciação dentre todas populações estudadas, com um F_{st} de 0,002. Ressalta-se que todas as comparações são significativas ($p\text{-value}<0.05$), à exceção da comparação entre a população de Bauru e Selvíria.

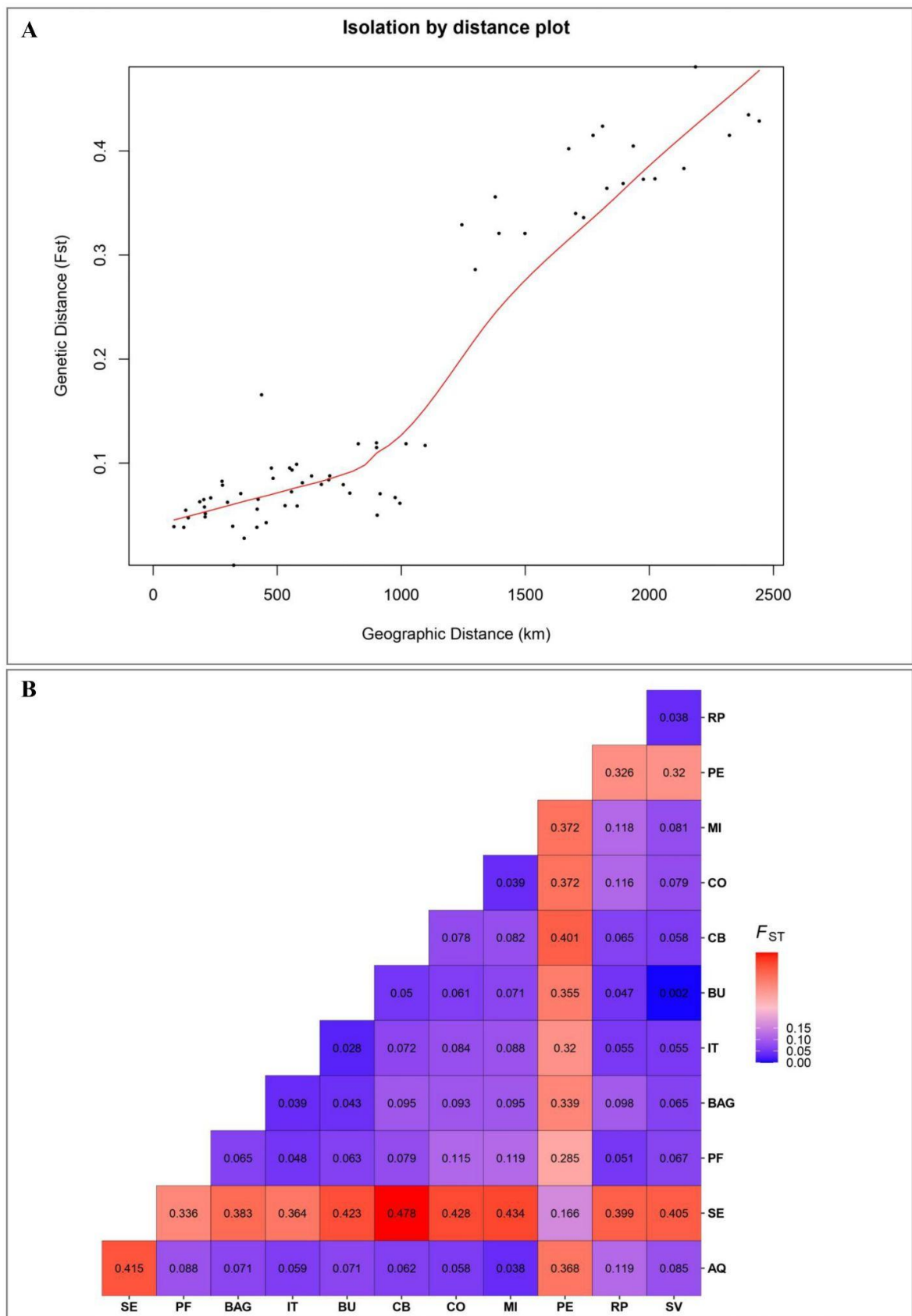


Gráfico 11. (A) Análise de isolamento por distância pelo teste de Mantel. Agrupamento significativo entre 0-1000km (comparação das distâncias genéticas entre populações centro-oeste e sudeste do Brasil) e entre acima de ~1250km-2500km de distância (comparação entre as populações nordeste Brasil). **(B)** Coeficiente de Fixação (F_{st}) em *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

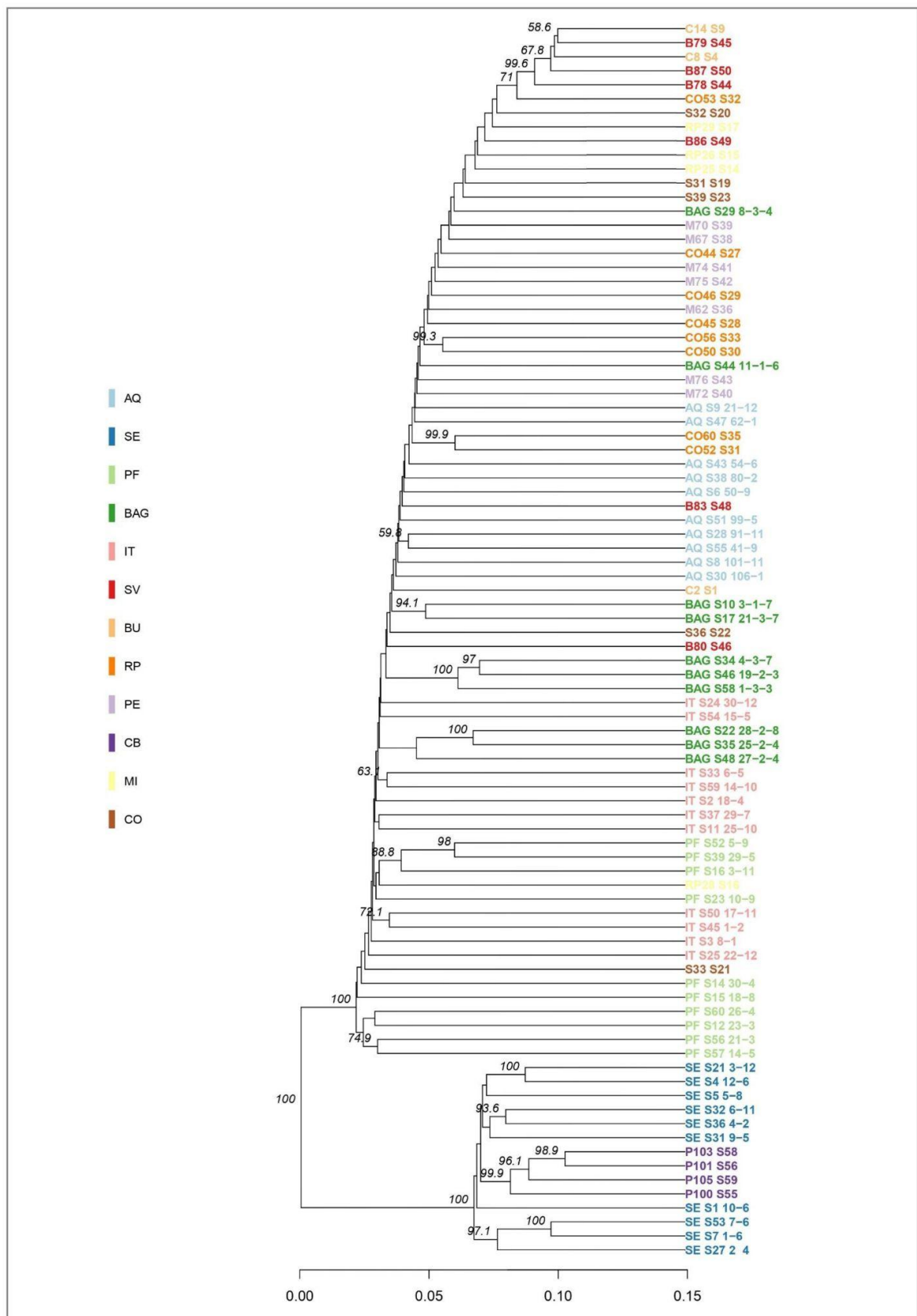
Tabela 3. Resultados da AMOVA (Analysis of molecular variance) para as populações de Aroeira deste estudo.

	Df	Sum Sq	Mean Sq
Between samples	11	7365.467	669.5879
Within samples	76	12956.283	170.4774
Total	87	20321.749	233.5833

	Sigma	%
Variations Between samples	68.94106	28.79521*
Variations Within samples	170.4774	71.20479
Total variations	239.4185	100
Based on 999 replicates		
* p-value:	0.001	

3.4. Distâncias Genéticas e Variáveis Climáticas

A distância genética dos indivíduos de *M. urundeuva* (Gráfico 12) e a rede de haplótipos (Gráfico 13) indicaram a formação de dois ramos de diferenciação, novamente entre a população de Petrolina (PE) e Seridó (SE) e as demais populações. Este resultado corrobora com os demais expostos neste trabalho, evidenciando a especificidade das populações da Caatinga. Um dendrograma de distância genética ilustra as distâncias entre diferentes populações ou espécies com base em diferenças nas sequências de DNA. A construção dessa árvore foi baseada na quantificação das distâncias genéticas entre os grupos, utilizando métodos estatísticos e algoritmos UPGMA (Método de Agrupamento de Pares Não Ponderado com Média Aritmética). Ele é empregado para a construção de dendrogramas que representam as relações filogenéticas entre diferentes sequências ou entidades biológicas. O termo "não ponderado" indica que todas as distâncias entre os elementos são consideradas igualmente, enquanto "média aritmética" refere-se ao método utilizado para calcular as distâncias médias entre grupos sucessivos durante o processo de agrupamento (Souza *et al.*, 2010). Este método fornece uma estrutura visual que permite a análise das variações genéticas (baseada no coeficiente de Nei, 1972) associadas a diferentes SNPs, revelando padrões de agrupamento e dispersão ao longo das linhagens evolutivas, como demonstrado para *M. urundeuva* e a formação de dois clusters sólidos, separando a população de Seridó das demais populações. Ao traçar as relações genéticas entre os alelos em estudo, é possível inferir processos evolutivos, como migração, seleção natural e adaptação a diferentes ambientes. Isso contribui de maneira significativa para a compreensão da dinâmica populacional e da evolução das variantes genéticas (Souza *et al.*, 2010).



Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

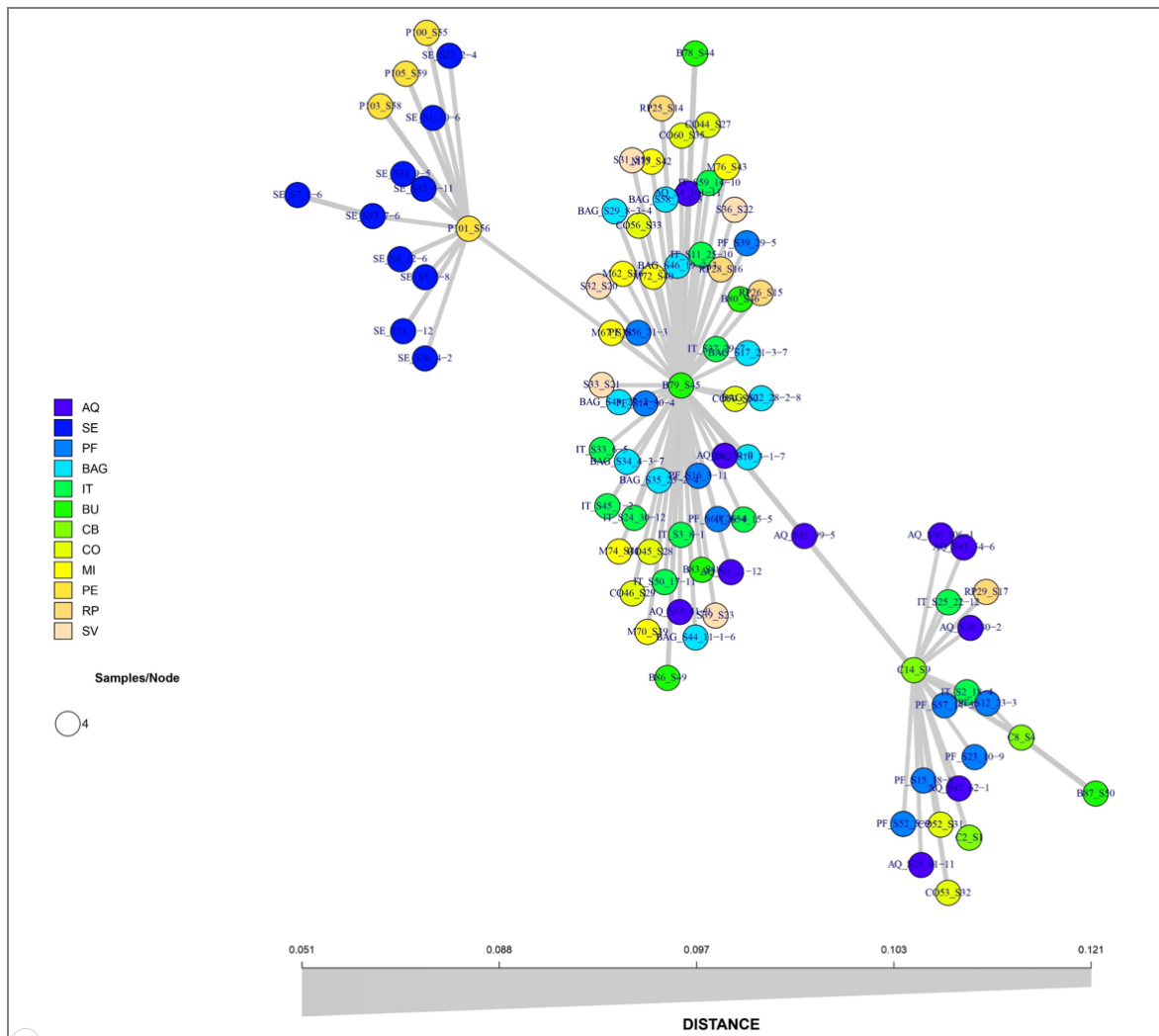


Gráfico 13. Rede de Haplótipos ou Interconexões em *Myracrodruon urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

A partir da análise de correlação entre as populações estudadas e as variáveis climáticas por PCoA (Gráfico 14) (Anexo IV), houve uma indicação e um direcionamento para características relacionadas a cada bioma de origem de suas populações. As populações representantes da Caatinga se destacaram das demais populações se associando às variáveis climáticas referentes a Temperatura Média Anual (Bio1), Temperatura Média do Trimestre Mais Seco (Bio9), Temperatura Média do Trimestre Mais Quente (Bio10). Há ainda uma proximidade aos indicadores de Isotermidade (Bio3) e Sazonalidade da Precipitação (Coeficiente de Variação) (Bio15)

Paras as populações do Cerrado e Transição, houve correlação positiva para variáveis relacionadas a temperatura: Intervalo Diurno Médio (Média mensal (temperatura máx- temperatura mín)) (Bio2), Sazonalidade de temperatura (desvio padrão $\times 100$) (Bio4) e Precipitação, representadas pelas variáveis: Precipitação Anual (Bio12), Precipitação do mês mais seco (Bio14), Precipitação do trimestre Mais Seco (Bio17), Precipitação do trimestre Mais Frio (Bio19),

As populações do Pantanal (Aquidauana, Corumbá e Miranda) se mantiveram próximas aos indicadores relacionados a Pluviosidade (Bio14 e Bio17) e também com a Sazonalidade de temperatura (Bio4). Já para Paulo de Faria e Ribeirão Preto, na Mata-Atlântica, houve relação principalmente ao relevo (ELEV), indicativo das altitudes em que se encontram as populações, Precipitação do mês mais chuvoso (Bio13) e Precipitação do trimestre mais úmido (Bio16)

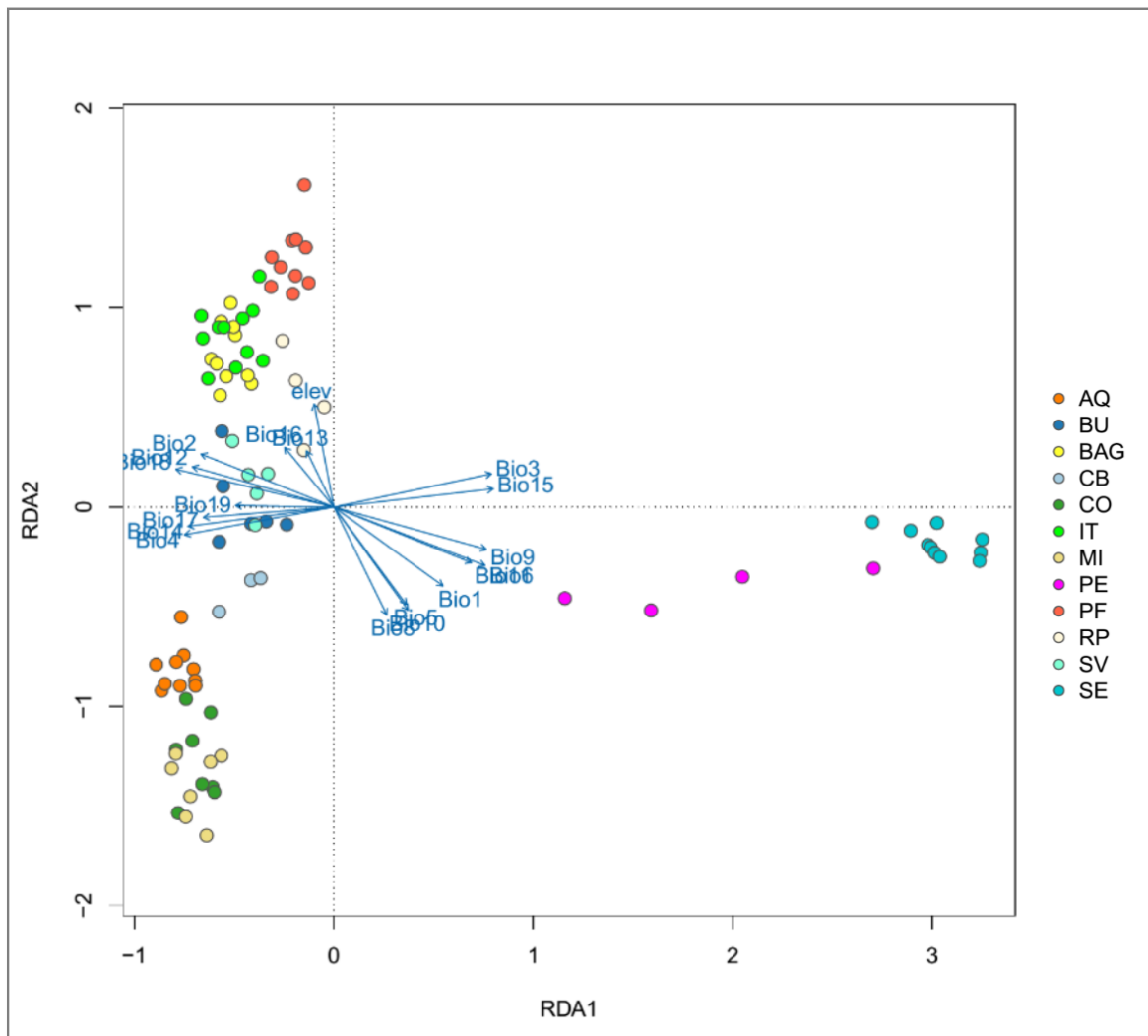


Gráfico 14. Correlação de variáveis climáticas (PCoA) em *M. urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado – Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

Através da análise de locos outliers (“pcadapt”) e da Análise de Redundância (RDA) (Gráfico 15-A), foi possível identificar SNPs indicativos de possíveis fatores ambientais com maior influência na diferenciação genética das populações em estudo, contribuindo para uma compreensão mais profunda das interações entre ambiente e população. A análise do “pcadapt” identificou 106 loci associados a adaptação ($q\text{-value} < 0.1$) e RDA com 10 loci ($p\text{-value} > 0.001$) associados a variáveis

climáticas. Destes, cinco SNPs são comuns entre as análises (Tabela 4). Os SNPs foram alocados em relação a condições de temperatura e precipitação, mais especificamente Isotermia, Temperatura média anual, temperatura no trimestre mais quente e faixa anual de temperatura. Para a precipitação, as classes foram: sazonalidade de precipitação, precipitação no mês mais seco, precipitação anual, precipitação no mês mais úmido. Também foi encontrada associação à elevação.

Com relação aos SNPs identificados nas populações para estas características climáticas (Gráfico 15-B), Aquidauana (AQ), Corumbá (CO) e Miranda (MI), relacionam-se aos fatores ambientais ligados a precipitação e precipitação no mês mais seco. As populações de Cerrado, Mata-Atlântica e Transição indicaram associação com elevação a nível geológico, precipitação anual, faixa anual de temperatura e precipitação no mês mais úmido. Vale destacar a população de Cuiabá (CB), que permanece entre as populações do Pantanal e as demais populações de Cerrado, indicando uma transição entre estes biomas. Já para Seridó (SE) e Petrolina (PE) na Caatinga, os marcadores SNPs indicaram associação com a temperatura média anual e com a temperatura média no trimestre mais úmido.

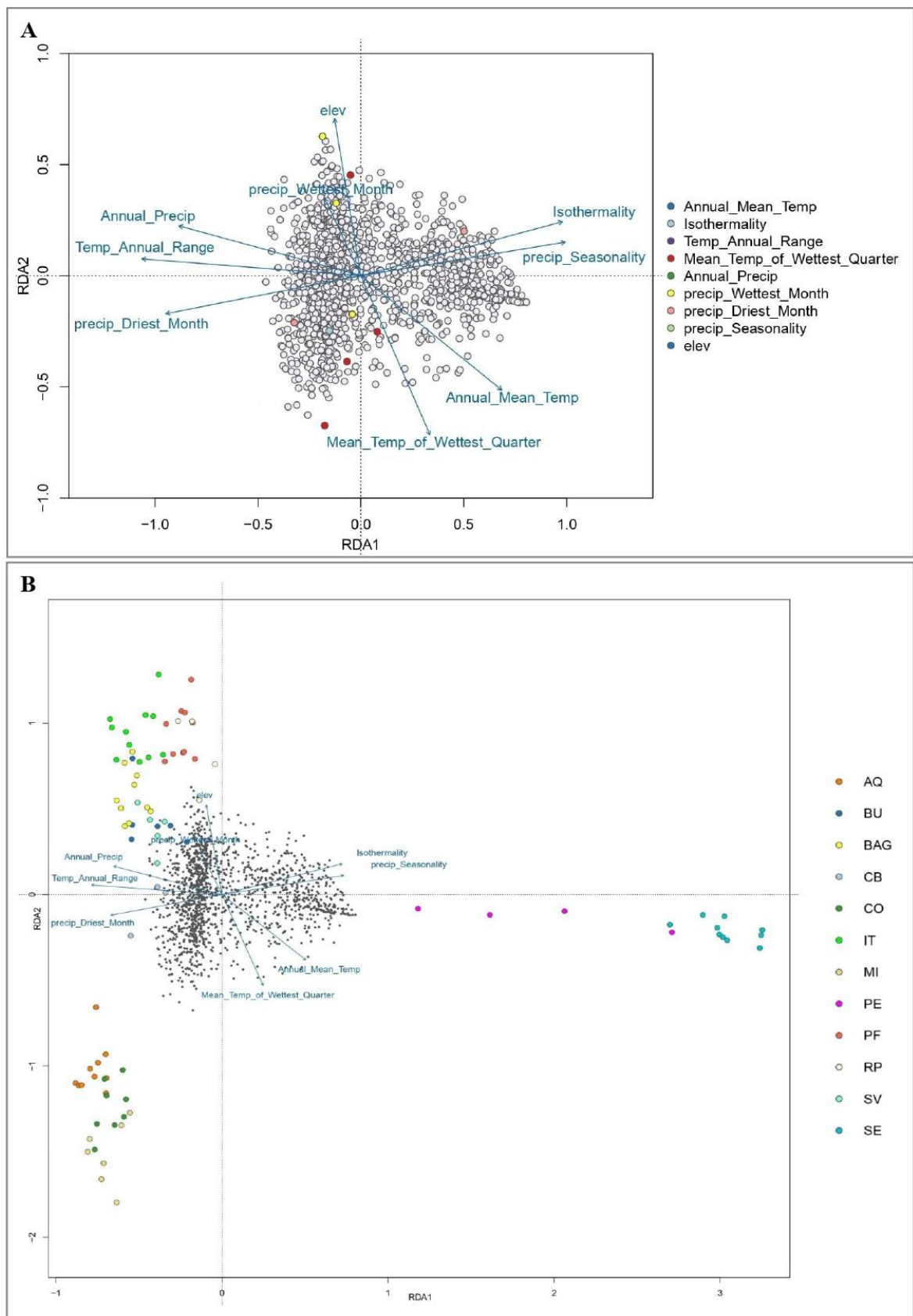


Gráfico 15. Análise de Redundância (RDA) para identificação de SNPs com influência ambiental **(A)** e influência em populações **(B)** em *Myracrodruon urundeuva* provenientes dos quatro biomas de ocorrência da espécie no Brasil e transição entre biomas Cerrado –

Mata-Atlântica. Caatinga: PE: Petrolina, PE; SE: Seridó, RN. Cerrado: BU: Bauru, SP; CB: Cuiabá, MT; IT: Itarumã, GO. Mata-Atlântica: PF: Paulo de Faria, SP; RP: Ribeirão Preto, SP. Pantanal: AQ: Aquidauana, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS. Transição Cerrado - Mata-Atlântica (ECM): BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; SV: Selvíria, MS.

Tabela 4. Loci identificados relacionados a variáveis climáticas.

Locus	Variável climática	Resultados Blast
aro_569_95	Mean_Temp_of_Wettest_Quarter	PREDICTED: Pistacia vera U-box domain-containing protein 4-like (LOC116136368), transcript variant X7, mRNA Pistacia vera 209 209 100% 1e-50 93.57% 3238 XM_031422082.1
aro_1515_100*	precip_Wettest_Month	no hits
aro_20_35*	Mean_Temp_of_Wettest_Quarter	no hits
aro_499_88	Isothermality	no hits
aro_943_95*	precip_Wettest_Month	XM_031421292.1 PREDICTED: Pistacia vera phospholipase D zeta 1 (LOC116135582), transcript variant X1, mRNA Pistacia vera 189 189 97% 1e-44 91.43% 3697 XM_031421292.1
aro_1062_32	precip_Driest_Month	PREDICTED: Pistacia vera cleavage stimulation factor subunit 77 (LOC116142023), transcript variant X2, mRNA Pistacia vera 122 122 53% 1e-24 96.00% 2176 XM_031427482.1
aro_1669_91*	precip_Wettest_Month	Rhus potaninii chloroplast, complete genome Rhus potaninii 261 261 100% 3e-66 100.00% 159616 NC_049131.1
aro_1982_40	Mean_Temp_of_Wettest_Quarter	PREDICTED: Pistacia vera MDIS1-interacting receptor like kinase 2-like (LOC116127217), mRNA Pistacia vera 165 165 100% 2e-37 87.94% 3987 XM_031412871.1
aro_2098_49*	precip_Driest_Month	Ailanthus altissima genome assembly, organelle: mitochondrion Ailanthus altissimus 73.1 73.1 31% 1e-09 95.56% 661054 OX327714.1
aro_3237_7	Mean_Temp_of_Wettest_Quarter	XM_031430331.1 PREDICTED: Pistacia vera autophagy-related protein 13b (LOC116144905), transcript variant X2, mRNA Pistacia vera 243 243 100% 1e-60 97.86% 2467 XM_031430331.1

* Loci comuns entre ambas análises “pcadapt” e RDA.

4. DISCUSSÃO

A distribuição genética das populações, seja em populações estruturadas ou não, e ainda mais, a análise desta distribuição nos biomas é de grande importância para a conservação genética da espécie. Este trabalho é o primeiro a estimar em larga escala com

marcadores SNPs a diversidade genética da espécie, de modo que foi possível identificar ao menos quatro clusters de estruturação populacional condizentes com a distribuição da espécie no território brasileiro com mais de 1400 marcadores. Ainda, a identificação de grande número de marcadores sem um genoma de referência, propiciou a montagem de um conjunto robusto de marcadores, o que demonstra grande potencial de uso para monitoramento da espécie em termos de genética populacional e avaliação dos padrões de distribuição.

Estudos em espécies brasileiras, como *Araucaria angustifolia* demonstram potencial de uso dos marcadores SNPs para avaliação da estruturação genética de populações em sua área de ocorrência, como a iniciativa de montagem de chips SNPs em plataforma da ThermoFisher Scientific (Axiom arrays; Silva *et al.*, 2020). Mais ainda, os autores montaram um chip para monitoramento de outras quatro espécies, incluindo caju, mandioca, café e eucalipto, tendo em vista o alto custo associado à montagem dos chips. Da mesma maneira, utilizando dados de sequenciamento reduzido com a estratégia RAD-Seq, outras espécies arbóreas também possuem trabalhos de descrição e uso de marcadores SNPs, como *Dipteryx* (“Cumaru”, Honório *et al.*, 2020), *Hymenaea* (“Jatobá”, Chaves *et al.*, 2018), *Handroanthus* (“Ipê”, Meyer-Sand *et al.*, 2017), entre outros. Mais ainda, com o esforço de montagem de genomas referência como do Ipê-roxo (Silva-Junior *et al.*, 2018), há possibilidade de aumento significativo no número de marcadores SNPs, de modo que a utilização do genoma como referência serve como base para alinhamento de novos sequenciamentos e busca por variantes, protocolos que podem ser utilizadas em outras espécies e assim, ampliar o número de espécies sequenciadas e avaliadas quanto a diversidade genética da distribuição nos diferentes biomas brasileiros.

Em *M. urundeuva*, a espécie parece caracterizar-se por diferenciação populacional conforme seu bioma de ocorrência, corroborando os dados aqui encontrados. Caetano *et al.* (2005), Gaino, *et al.* (2011), Freitas *et al.* (2004), Freitas *et al.* (2005); Freitas *et al.* (2006), Reis *et al.* (2004) e Souza *et al.* (2018) também relatam estas diferenças em seus estudos em diversas populações de várias procedências com marcadores moleculares microssatélites e outras técnicas, como AFLP e RAPD. As análises dos marcadores moleculares SNPs realizadas neste trabalho igualmente trazem luz a esta hipótese, demonstrando convergência entre marcadores e padrões climáticos. Estudos neste sentido e em nível de bioma se fazem necessários, uma vez que a espécie não possui genoma completo publicado ou anotações genéticas em regiões de interesse. Rossini *et al.* (2021) dá início a este propósito publicando o primeiro sequenciamento completo do genoma

cloroplastidial da espécie, iniciando assim uma nova etapa em estudos moleculares em *M. urundeuva*.

O número de loci identificados foi satisfatório, tendo em vista que quando comparados com estudos *ddRADseq* em outras espécies arbóreas com genomas completos publicados, como *Populus* e *Eucalyptus* com tamanho de genoma entre 0.43 a 0.69Gb, demonstram números preditivos de marcadores SNPs variando entre 6.57 e 14.6 mil loci respectivamente para *Populus* e *Eucalyptus* (Parchman *et al.*, 2018). Estes valores, apesar de superiores, são representativos para genomas completos conhecidos e catalogados, com ampla disponibilidade de dados, nas referidas espécies. Deste modo, os 1427 SNPs identificados após etapas de filtragem, mesmo sendo aproximadamente 1,6% do número de locos totais identificados, demonstram sucesso no uso da técnica, tendo em vista que foi baseado em uma estratégia de novo, ou seja, sem uso de genoma de referência, o que implica em identificação de regiões comuns entre pelo menos 70% dos indivíduos analisados.

A estrutura populacional em espécies florestais abrangem características como idade, tamanho, distribuição geográfica e diversidade genética da mesma população, estes fatores e características podem oferecer uma visão detalhada de sua dinâmica e saúde (Fady *et al.*, 2016; Kageyama *et al.*, 1998; Moraes *et al.*, 1999; Sebbenn *et al.*, 2004). Fady *et al.* (2016) ainda ressalta que a compreensão do que estes dados fornecem são informações essenciais para a conservação e manejo de espécies em seus habitats naturais. Além disso, a estrutura populacional desempenha um papel central em estudos de genética de populações, influenciando diretamente a diversidade genética e a distribuição de alelos. Esses fatores impactam a capacidade de adaptação e sobrevivência das espécies diante de mudanças ambientais e estresses diversos (Alberto *et al.*, 2013; Pfenninger *et al.*, 2022).

A avaliação da diversidade genética é fundamental para tomadas de decisão em programas de conservação e monitoramento de uma espécie, tendo em vista o potencial evolutivo e adaptabilidade em condições adversas, como a interferência humana e fragmentação florestal. Mais ainda, as populações de Aroeira encontram-se muito fragmentadas e escassas na natureza, o que faz-se ainda mais necessário sua avaliação quanto a sua distribuição e biomas de ocorrência (Freitas *et al.*, 2005; Gaino *et al.*, 2011; Lopes *et al.*, 2020). Assim, a manutenção de populações *ex-situ*, como em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) é uma estratégia para a conservação e deste modo, a avaliação dos níveis de heterozigosidade, riqueza alélica, alelos privados e estruturação populacional são importantes ferramentas para apoio à conservação.

A riqueza alélica refere-se à diversidade de alelos em um determinado locus ou gene dentro de uma população (Costa, 2011; Sebbenn *et al.*, 2011). Ela é medida pela contagem do número total de alelos diferentes presentes em uma população para um gene específico. Quanto maior o número de alelos em um locus, maior a riqueza alélica (Bashalkhanov *et al.*, 2009; Sebbenn *et al.*, 2011). Populações geneticamente diversas têm uma maior capacidade de adaptação a mudanças ambientais. Roque (2023) ressalta que a presença de uma ampla variedade de alelos significa que há uma maior probabilidade de alguns desses alelos conferir vantagens adaptativas em ambientes variáveis. Além disso, a riqueza alélica é um indicador da saúde e vitalidade de uma população. Para Bashalkhanov *et al.* (2009) e Costa (2011), populações com baixa diversidade alélica podem estar sujeitas a problemas de endogamia, deriva genética e forte homozigose, e têm uma menor capacidade de se adaptar a novas condições ambientais ou ameaças, como doenças ou mudanças climáticas. Em um estudo de *Casearia sylvestris* (guaçatonga) com populações naturais e reflorestadas da Mata Atlântica, a riqueza alélica para as populações naturais foi em média de 1.41 (Gomes *et al.*, 2018). Considerando os valores médios de riqueza alélica (1.161-1.269) encontrados para as populações de Aroeira em diferentes biomas, estes são menores, porém indicam que há potencial evolutivo para a espécie.

Já os alelos privados são variantes genéticas que são exclusivas de uma determinada subpopulação ou grupo de indivíduos em uma espécie. Estes alelos não são encontrados em outras populações da mesma espécie, o que significa que são distintivos e específicos para o grupo em questão (Costa, 2011; Sebbenn *et al.*, 2004; Sebbenn *et al.*, 2011). Também servem como marcadores para a identificação e caracterização de populações únicas, segundo Bussotti *et al.* (2015) ao estudar a distribuição de alelos privados, os geneticistas podem inferir informações sobre a história evolutiva das populações, incluindo padrões de migração, isolamento, eventos demográficos e principalmente respostas a adaptações destas populações com as mudanças climáticas.

Além disso, os alelos privados têm implicações significativas para a conservação biológica. Populações com alelos privados representam uma parcela única e exclusiva da diversidade genética global de uma espécie. Portanto, a preservação dessas populações torna-se importante para manter a variabilidade genética total da espécie, o que é essencial para sua capacidade de adaptação a mudanças ambientais e para garantir sua longevidade a longo prazo (Costa, 2011; Stefenon & Costa, 2012). A dispersão por vento de seus frutos e sementes aliado a polinização por abelhas (Figuerôa *et al.*, 2004; Nunes *et al.*, 2008) pode ser um fator decisivo para estes dados, uma vez que as distâncias entre as populações

estudadas é superior a 1000 (mil) quilômetros. Em espécies de clima temperado como *Quercus* e avaliação de marcadores SNPs, um máximo de 30 alelos privados por população foram identificados (Vanhove *et al.*, 2021). Para espécies brasileiras, como palmeiras, estes valores atingem até 40 alelos por população em avaliação entre cerca de mil marcadores (Costa *et al.*, 2022). Com uso de marcadores microssatélites ainda em palmeiras, estes valores não ultrapassam 28 alelos privados (10 marcadores e mais de 500 indivíduos; Pereira *et al.*, 2022). Já em espécies arbóreas como *Dalbergia nigra* (jacarandá-da-Bahia) utilizando marcadores microssatélites (10 marcadores, 140 indivíduos), a média de alelos privados entre populações não ultrapassa 1.44 (Barreto *et al.*, 2023). Assim, os valores encontrados neste trabalho demonstram estar acima da média ao menos em uma população (Seridó), mas apresentando uma homogeneização genética entre as demais populações, o que revela uma importante diferenciação genética relacionada ao bioma Caatinga com os demais para a diversidade genética da Aroeira.

Do ponto de vista morfológico, o impacto que o clima da Caatinga traz sobre *M. urundeuva* indica ter levado a espécie a adaptações como tamanho reduzido, menor produção de frutos e sementes e folhas menores, quando em comparação às populações encontradas nos demais biomas. Caracterizada por um clima semiárido, esta região experimenta longos períodos de seca, temperaturas elevadas e distribuição irregular de chuvas, apresentando desafios consideráveis para a sobrevivência das espécies vegetais conforme relatado por Alvares *et al.* (2013), Maracajá *et al.* (2003), Marangon *et al.* (2013) e demais autores. O clima em Petrolina e Seridó é marcado por uma estação seca prolongada, com duração de aproximadamente oito meses, seguida por uma estação chuvosa relativamente curta, mas intensa. Essa assimetria sazonal coloca um estresse aumentado sobre a vegetação, principalmente aquelas adaptadas para prosperar em condições áridas. Os ventos predominantes do nordeste agravam ainda mais a aridez, contribuindo para um microclima distintivo.

A heterozigosidade esperada e observada são medidas que avaliam a variabilidade genética em uma população (Duhovnikoff & Leventhal, 2016). Elas estão relacionadas à frequência de alelos diferentes em um determinado locus ou gene. A heterozigosidade observada refere-se à proporção de indivíduos em uma população que são heterozigotos em um determinado locus. A heterozigosidade observada é uma medida direta da variabilidade genética dentro da população em um ponto específico no tempo (Hedrick & Cockerham, 1986). Por outro lado, a heterozigosidade esperada é uma estimativa teórica da proporção de heterozigotos com base na frequência dos alelos na população (Duhovnikoff

& Leventhal, 2016). Ela assume que a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg, o que significa que os alelos são transmitidos de acordo com as leis da genética clássica (Andrews, 2010). A importância destas medidas na genética de populações é significativa, elas fornecem informações cruciais sobre a diversidade genética de uma população e seus índices de endogamia (Elshibli & Korpelainen, 2008; Manka *et al.*, 2011; Salla, 2019).

A proximidade entre os valores de Heterozigosidade Observada (H_o) e esperada (H_e) ressaltaram a estabilidade das populações em relação ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) para Rosana (BAG), Paulo de Faria (PF) e Seridó (SE). Estes valores podem indicar que há variabilidade dentro das populações naturais deste estudo, cruzamentos ao acaso e um N populacional potencialmente adequado (Reis, 2019; Stefanon & Costa, 2012; Vasconcelos, 2002). Para as demais populações, os valores de (H_o) se mantiveram abaixo da heterozigosidade esperada. Na literatura, Souza *et al.* (2018) também relatam valores de heterozigosidade próximos ao equilíbrio de Hardy-Weinberg em seus estudos com *M. urundeuva* de populações naturais e em testes de progênes e procedências dos diversos biomas de ocorrência da espécie. Os autores obtiveram para Cerrado, Mata-Atlântica e Pantanal valores próximos a 0,7 em média tanto para (H_o) quanto para (H_e) em ambos os biomas. Já para a população de Seridó Souza *et al.* (2018) encontrou valores próximos a 0,537 de Heterozigosidade observada em contraste a 0,567 de Heterozigosidade observada em seu estudo com marcadores moleculares Microsatélites. Níveis reduzidos de Heterozigosidade podem indicar perturbações nos fragmentos florestais quando avaliadas as populações naturais ou déficit de indivíduos amostrados e/ou coletados quando avaliados testes de progênes e procedências.

Douhovnikoff & Leventhal (2016) e Sebbenn *et al.* (2000) também inferem que populações com alta heterozigosidade tendem a ter maior variabilidade genética, o que pode resultar em uma maior capacidade de adaptação a mudanças ambientais e menor suscetibilidade a doenças e outros fatores de estresse. Ao contrário, populações com baixa heterozigosidade podem ser mais vulneráveis à perda de diversidade genética e têm maior probabilidade de enfrentar dificuldades em se adaptar a condições ambientais adversas. Assim, os resultados obtidos no presente estudo demonstram estabilidade genética em todas as populações estudadas, reforçando a saúde dos fragmentos florestais e indicando continuidade da conservação destes.

O Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) (Hardy 1908; Weinberg, 1908) é um princípio fundamental na genética de populações que descreve as frequências de alelos em uma população ideal, sob certas condições ideais (Andrews, 2010; Wigginton *et al.*, 2005).

De acordo com o princípio do Equilíbrio de Hardy-Weinberg, em uma população que atenda a certas condições (como ausência de mutação, migração, seleção natural e acasalamentos ao acaso), as frequências dos alelos permanecem constantes de uma geração para a próxima. Além disso, as frequências genotípicas também seguem uma distribuição específica (Andrews, 2010; Hedrick & Cockerham, 1986).

Ele serve como uma referência valiosa para entender como os fatores evolutivos atuam em uma população (Hedrick & Cockerham, 1986). Quando as frequências alélicas ou genotípicas observadas diferem das esperadas sob o equilíbrio de H-W, isso pode indicar a presença de forças evolutivas como seleção, deriva genética, migração ou mutação (Andrews, 2010; Sebbenn *et al.*, 2000). Também permite previsões sobre a frequência de alelos em populações, o que é concludente para determinar estratégias de manejo, identificação de paternidade e avaliação do risco de doenças hereditárias (Andrews, 2010; Hedrick & Cockerham, 1986; Salla, 2019). Nesse sentido, a importância de se encontrar o Equilíbrio de Hardy-Weinberg em populações florestais antropizadas, como é o caso de grande parte dos Biomas brasileiros é fundamental para a manutenção destas populações a longo prazo.

A estimativa de coeficiente de endogamia é calculada a partir da comparação entre a frequência observada de homozigotos em uma população e a frequência esperada em uma população de Hardy-Weinberg. Através dessa análise, é possível inferir padrões de acasalamento, identificar subpopulações e compreender os efeitos da endogamia sobre a variabilidade genética, sendo de vital importância para estudos de conservação e manejo genético. Através da avaliação do grau de endogamia nas populações neste estudo e aliado a demais dados na literatura sobre a espécie (Caetano *et al.*, 2005, Gaino *et al.*, 2011, Freitas *et al.*, 2004, Freitas *et al.*, 2005, Moraes *et al.*, 2012, Sant'Ana, 2016, Souza *et al.*, 2018; Sato, 2021), é possível inferir que a estrutura genética destas populações está próximos aos descritos na literatura, destacando a importância de estratégias de conservação que mantenham os valores atuais e minimizem os efeitos da endogamia sobre a variabilidade genética futura destas populações. No entanto, os altos valores encontrados de até 0.2 para algumas populações possivelmente são devidos ao baixo número amostral.

Para Pfenninger *et al.* (2022), a diversidade genética, representada pela variedade de alelos e genótipos em uma população, desempenha um papel crucial na adaptação e resiliência das espécies aos seus locais de incidência. Populações geneticamente diversas também possuem indivíduos com vantagens adaptativas em diferentes ambientes, sendo essencial diante das mudanças climáticas e outras características (Bussotti *et al.*, 2015)

Além disso, essa diversidade contribui para a resistência a pragas e doenças, reduzindo a susceptibilidade a epidemias. Essa variedade genética também é fundamental para a conservação da biodiversidade florestal, garantindo a sobrevivência de espécies e a manutenção de interações ecológicas complexas (Fady *et al.*, 2016; Hampe & Petit, 2005), de modo a garantir a viabilidade a longo prazo das populações de árvores, promovendo a sustentabilidade dos ecossistemas florestais (Bussotti *et al.*, 2015; Fady *et al.*, 2016).

A diferenciação genética entre as populações de *M. urundeuva* revelada por DAPC, fineRAD e ainda indicada pela AMOVA, enfatizam a complexidade da evolução e plasticidade dessa espécie em diferentes biomas, Souza *et al.* (2018), ao estudar essa diversidade em algumas populações de diferentes biomas por marcadores microssatélites, chegaram a resultados de diversidade semelhantes, corroborando com este estudo. De igual modo, Sato (2021) também chegou a resultados de diferenciação de diversidade semelhantes em estudo de duas populações de *M. urundeuva* provenientes de áreas de transição entre Cerrado e Mata-Atlântica. Além disso, Souza *et al.* (2018), ainda relatam sobre essa plasticidade e inferem na importância de mais estudos para entender as dinâmicas populacionais dentro da espécie, seu fluxo gênico e transição entre os biomas.

Assim, temos uma singularidade genética da população da Caatinga que ressalta a relevância de estratégias de conservação adaptadas a este grupo específico (Hampe & Petit, 2005). Medidas que considerem as particularidades genéticas e ambientais da Caatinga podem ser cruciais para a preservação da diversidade de *M. urundeuva* nesse bioma semiárido em especial a adaptação da espécie ao solo salino da região e sazonalidade inconsistente no período de chuvas (Nunes *et al.*, 2008). De igual modo, as populações Pantaneiras se mantiveram unidas em um cluster distinto aos demais, sugerindo ações específicas a estas populações e ao bioma do Pantanal para a conservação da espécie em Mato Grosso do Sul e Mato Grosso.

Em contrapartida, a proximidade genética entre as populações de Cerrado representadas por Bauru (BU), Cuiabá (CB) e Itarumã (IT) e das transições de Ecótono Cerrado - Mata-Atlântica em Rosana (BAG) e Selvíria (SV) sugerem uma história adaptativa próxima e de intenso intercâmbio genético entre essas regiões, principalmente entre os biomas de Cerrado e Mata-Atlântica, no estado de São Paulo, local de forte transição entre ambos (Zagatto, 2023). Estes fatores podem indicar medidas em comum ou semelhantes para a conservação da espécie nestes habitats, uma vez que a plasticidade genética e adaptativa dessas populações, embora diversa, ainda assim apresentam similaridades.

Embora mais próximas, ainda há diferenças entre as populações de Mata-Atlântica, Paulo de Faria (PF) e Ribeirão Preto (RP), com as demais populações e entre si. Estas se mostraram convergentes às populações de Cerrado e regiões de Transição, formando um cluster pela análise PCA, mas com maior diferença evidenciada pela análise DAPC e fineRAD, mostrando que o bioma Mata Atlântica é um cluster genético diferente dos demais biomas. Porém, essa proximidade pode indicar a ocorrência de fluxo gênico entre essas populações ao longo do tempo. É plausível que fatores como a conectividade dos habitats ou eventos de dispersão tenham contribuído para essa afinidade genética (D'Arrochella, 2020; Jesus *et al.*, 2019). O fator antrópico também pode estar contribuindo com a proximidades dos biomas Mata-Atlântica e Cerrado, principalmente em seus ecótonos, uma vez que a degradação destes biomas encontra-se em estado avançado restando cerca de 50% em área nativa para o Cerrado (Ribeiro & Borges, 2019; Santos & Cherem, 2023) e menos de 10% para a Mata-Atlântica (Vieira *et al.*, 2019). Esta limitação de indivíduos por habitat pode levar a um direcionamento nos cruzamentos e consequente homogeneização genética em nível populacional, como também demonstrado pelo teste de Mantel. Embora a trajetória de exploração de *M. urundeuva* esteja em um passado recente a nível histórico evolutivo, cabe ressaltar que a ação antrópica é responsável por grandes danos a diversas espécies em nível populacional, seja por exploração, predação, desmatamento ou mudanças no clima a nível regional ou global (Bussotti *et al.*, 2015; Pfenninger *et al.*, 2022).

As populações do Cerrado, por ser um bioma central no contexto geográfico brasileiro e circundado pelos demais biomas nacionais, com exceção dos Pampas, podem estar atuando como zona de homogeneização entre as demais populações. Demais estudos em populações de *M. urundeuva* provenientes de Argentina, Paraguai (Caetano *et al.*, 2008) e do Brasil (Souza *et al.*, 2018) em diversos biomas também refletiram grande diversidade populacional e diferenciações entre biomas de ocorrência. Para Jost (2008) e Stefenon & Costa, (2012) populações com baixo índice de F_{st} embora estatisticamente sejam significativamente diferentes, não possuem real diferenciação entre suas populações. Este fato pode contribuir para a indicação de proximidade genética entre as populações de Aquidauana (AQ), Corumbá (CO) e Miranda (MI), que obtiveram médias de F_{st} de 0,03 entre si.

A rede de haplótipos é uma representação gráfica das relações evolutivas entre diferentes sequências de DNA em uma população. Estes haplótipos são conjuntos de alelos adjacentes que tendem a ser herdados juntos de uma geração para a próxima. A construção

de uma rede de haplótipos é um procedimento analítico essencial na genética de populações, pois oferece uma visão detalhada das variações genéticas e das relações de parentesco entre os indivíduos de uma população. Ao representar as conexões entre diferentes haplótipos, a rede facilita a visualização de padrões de migração, diversidade genética e eventos históricos que moldaram a estrutura populacional. Elas permitem a identificação de padrões de ligação entre diferentes SNPs, revelando informações cruciais sobre a história evolutiva das variantes genéticas. Ao analisar as relações entre haplótipos associados a determinados SNPs, é possível inferir padrões de migração, fluxo gênico e até mesmo eventos de seleção natural que influenciaram a distribuição e frequência dessas variantes. Isso contribui significativamente para a compreensão da variabilidade genética e das adaptações populacionais ao longo do tempo.

A partir disso, ao mapear as interações entre distância genética e haplótipos associados aos SNPs das populações dos biomas de ocorrência de *M. urundeuva* no Brasil, a construção desta rede pode contribuir para avanços significativos na compreensão dos mecanismos subjacentes à variabilidade genética e à adaptação dessas populações a diferentes ambientes e pressões seletivas, além da história evolutiva da espécie, que indica diferenciação ao Bioma Caatinga em relação às populações do Centro do Brasil no Cerrado, Mata-Atlântica e Pantanal. Vemos que a maior parte dos haplótipos encontram-se entre os membros das populações do Cerrado e transições de biomas, corroborando os dados encontrados pela análise PCA.

Do ponto de vista de adaptabilidade das populações entre os biomas, a diferenciação genética é evidenciada a partir dos marcadores selecionados para resistência a seca, pouca ou nenhuma pluviosidade e altas temperaturas, como apontado pelas análises de RDA e “pcadapt”. As variações de temperatura no Seridó são notáveis, com temperaturas diurnas frequentemente ultrapassando 30°C, enquanto as noites tendem a ser significativamente mais frescas. Essa faixa de temperatura diurna tem implicações significativas para a fisiologia das plantas e estratégias de adaptação. Além disso, a irregularidade dos padrões de chuva exige uma exploração de espécies resistentes à seca em iniciativas de conservação, enfatizando a necessidade de estratégias adaptativas que priorizem a seleção de espécies bem adaptadas aos desafios climáticos da região. Figueirôa *et al.* (2004) demonstram essa adaptação ao estudar a associação entre parâmetros fisiológicos de crescimento e características de resposta ao estresse hídrico em populações de Aroeira, simulando o crescimento natural da espécie em regiões semiáridas. Ao relatar regimes hídricos severos e constatar crescimento de plântulas em desenvolvimento, os

autores corroboram com os indicadores apresentados neste estudo, sobre as populações de Petrolina e Seridó, no bioma da Caatinga. Em relação aos SNPs foram identificados associados a variável climática temperatura média no trimestre mais úmido, com gene relacionados a U-box domain-containing protein 4-like, que participação na degradação de proteínas reguladoras, como as que participam do ciclo celular, sinalização celular em resposta ao estresse e a sinais extracelulares, morfogênese, via secretora, reparo de DNA e biogênese de organelas (Hatakeyama *et al.*, 2001). Ainda, o gene autophagy-related protein 13b está relacionado a reciclagem de materiais celulares, como material citoplasmático, ácidos nucleicos, complexos proteicos, corpos lipídicos e organelas danificadas (Rehman *et al.*, 2021). Tais genes devem ser investigados com maior profundidade, ainda porque há regiões associadas com outras variáveis à organelas cloroplastidiais e mitocôndrias.

Em Itarumã, como em outras áreas do Cerrado central, as oscilações climáticas sazonais desempenham um papel definido na manutenção da dinâmica populacional em *M. urundeuva*. A adaptação das espécies vegetais a essas condições indica a resiliência e complexidade da flora nativa do Cerrado. A compreensão aprofundada das interações entre o clima de Itarumã e a vegetação do Cerrado é essencial para o desenvolvimento de estratégias de conservação que garantam a preservação dessa riqueza biológica para as futuras gerações nesta região fortemente antropizada.

A topografia de Itarumã, com suas elevações e depressões características, também desempenha um importante papel na modulação do clima local. As áreas mais elevadas tendem a apresentar variações térmicas mais acentuadas, enquanto as depressões acumulam água durante a estação chuvosa, criando micro ambientes propícios para a vegetação adaptada a condições mais úmidas. Essa heterogeneidade espacial associada aos índices de pluviosidade e umidade contribuem para a seleção de genes propícios ao desenvolvimento da planta nestas condições, conforme apontado pelos SNPs indicativos a variáveis topográficas relacionadas à elevação local, pluviosidade e umidade. Ademais, caracterizado como tropical sazonal, o clima de Itarumã possui duas estações bem definidas: uma estação seca, que se estende de maio a setembro, e uma estação chuvosa, de outubro a abril. Durante a estação seca, as temperaturas podem atingir níveis elevados, enquanto a umidade relativa do ar diminui, criando condições desafiadoras para a vegetação nativa. Essa sazonalidade climática exerce uma pressão seletiva significativa sobre as espécies adaptadas ao Cerrado (Nascimento & Novais, 2020; Sette, 2021)

Já para as regiões de Cerrado próximas ao Pantanal, como em Cuiabá, as populações de *M. urundeuva* experimentam maiores índices pluviométricos e de umidade.

A região atua como um corredor entre os biomas do Pantanal, situado abaixo e da Amazônia, situado acima, ambos com altos índices pluviométricos no verão e alta umidade (Coelho, 2005; Moraes *et al.*, 2021). Estas características são fundamentais para a fixação de alelos associados tanto a precipitação anual, quanto para temperaturas médias, presente nas populações de Pantanal e Cerrado-Transição, como apontado pela análise de Redundância (RDA).

As regiões Paulo de Faria e Ribeirão Preto ao norte do estado de São Paulo, embora em região de Mata-Atlântica, apresentam uma complexa interação de variáveis ambientais que moldam seu clima, relevo e solo próximas ao Cerrado. Devido à ação antrópica, estes locais apresentam forte transição, como pode ser constatado pela proximidade das populações pelos marcadores SNP. No que concerne ao clima, Alvares *et al.* (2013) relatam que essa área no estado se destaca por sua classificação como subtropical úmido, caracterizada por verões quentes e chuvosos e invernos amenos. Este regime climático é influenciado pela proximidade com a costa, o que resulta em índices pluviométricos expressivos ao longo do ano. Este fato pode ser notado pela adaptação da espécie a regimes chuvosos e verões quentes e secos, conforme evidenciado no painel de SNPs relativos a estas variáveis climáticas. A topografia local é predominantemente ondulada, com suaves declives e elevações. Essa conformação do terreno favorece a drenagem natural, contribuindo para a formação de pequenas bacias hidrográficas e a preservação de áreas de mata ciliar. Ademais, a configuração do relevo também influencia diretamente na distribuição da vegetação, com áreas de encosta propícias para a ocorrência de espécies arbóreas de maior porte como *M. urundeuva* (Kotchetkoff-Henriques *et al.*, 2005; Souza, 2004).

As regiões de Rosana - SP e Selvíria - MS estão localizadas em uma zona de transição entre o bioma Cerrado e a Mata Atlântica na divisa dos estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo. A região é banhada por todo o Rio Paraná ao longo de 600 km e marcada por possuir um número expressivo de Usinas Hidrelétricas, essa situação refletiu significativamente sobre a cobertura vegetal e microclima local. Por isso, esse ecótono é uma zona de grande importância ecológica, onde características distintas desses dois biomas se entrelaçam, gerando um ambiente de grande complexidade (Cabanne *et al.*, 2019). Originalmente, a região apresenta uma transição gradativa entre o clima tropical sazonal do Cerrado, com suas estações seca e chuvosa bem definidas, e o clima subtropical úmido da Mata Atlântica, com chuvas distribuídas ao longo do ano, o ecótono experimenta estas variações temporais influenciando diretamente na composição da flora local,

refletindo na população de *M. urundeuva*, que demonstrou estar significativamente igual às populações de Cerrado e Mata-Atlântica (Souza *et al.*, 2020). Esta Região pode ser identificada como uma grande distribuidora de alelos para as populações destes biomas, atuando como corredor de fluxo gênico, com grande diversidade.

Para o bioma do Pantanal, nota-se um distanciamento em relação às populações de Cerrado, com Aquidauana (AQ) representando uma transição entre estes biomas, conforme indicado pelas análises de DAPC e PCA. A região de Aquidauana, situada em região iniciadora do Pantanal, possui clima classificado como tropical sazonal, com duas estações bem definidas: uma estação seca e outra chuvosa (Moreira *et al.*, 2015). Já em Corumbá e Miranda, que está situada entre essas regiões, adentra-se de fato ao bioma, onde se observa uma topografia predominantemente plana, com uma suave inclinação em direção às áreas de várzea (Bergier & Assine, 2022; Freitas *et al.*, 2012). A planície pantaneira, com sua geomorfologia peculiar, constitui um dos principais elementos que caracterizam o Pantanal. Essa configuração do relevo é determinante para a formação das áreas alagadas durante a estação chuvosa, criando habitats únicos para a fauna e flora adaptadas a essas condições. No período de seca, há uma significativa redução nos níveis de água dos rios e lagoas, enquanto a estação chuvosa é marcada por precipitações intensas e a inundação das áreas mais baixas (Alho, 2008; Alho *et al.*, 2019; Bergier & Assine, 2022). Essa variação sazonal no regime hídrico exerce uma influência determinante nas populações de *M. urundeuva*, necessitando adaptações e genes de resistência a longos períodos de umidade, pluviosidade e ao mesmo tempo, clima seco e quente nos períodos de estiagem.

Entender essa dinâmica das populações é de grande importância, uma vez que faltam dados sobre grande parte das espécies florestais nativas, sobrando desafios para a conservação frente às mudanças climáticas, impactos ambientais em larga escala e antropização de áreas naturais. Também é de grande importância relatar a associação entre as populações nativas e seus respectivos biomas de ocorrência, permitindo maior compreensão entre espécie e ambiente e abrindo possibilidades para um maior entendimento na adaptação destas espécies ao clima local e possíveis inferências em dinâmicas populacionais, centro de origem e evolução.

Nesse sentido, a aplicação da “associação adaptativa” é extensa e necessária, sendo relevante em campos como a conservação de espécies ameaçadas ou para finalidades comerciais, melhoramento genético, criação de cultivares ou reflorestamento em áreas *ex-situ* às espécies de interesse. Esta, trabalha com a compreensão e a identificação de loci funcionais e a quantificação da contribuição genética para características adaptativas

complexas. Assim, compreender os fundamentos e as aplicações da associação adaptativa é essencial para a interpretação de dados genéticos em um contexto de mudanças ambientais e evolutivas (Bergelson & Roux, 2019; Bräutigam *et al.*, 2013; González-Martínez *et al.*, 2006). Desde que as populações consigam manter uma fecundidade e níveis de variação genética suficientemente elevados, a capacidade de adaptação a um clima em rápida mudança pode ser suficiente para manter árvores em toda a paisagem, embora estas populações possam sofrer algum atraso de adaptação durante várias gerações (Aitken *et al.*, 2008). As espécies generalizadas e com elevada fecundidade que ocorrem em grandes populações serão provavelmente capazes de se adaptar às alterações climáticas em relativamente poucas gerações e provavelmente sobreviverão nesse período, uma vez que os principais concorrentes enfrentarão o mesmo destino de má adaptação a curto prazo. As elevadas taxas e distâncias de dispersão de sementes e pólen também contribuirão positivamente para a sua capacidade de adaptação e migração (Aitken *et al.*, 2008).

Por outro lado, as espécies que ocorrem em populações pequenas e fragmentadas, ou aquelas com baixa fecundidade ou maturidade sexual tardia, características reprodutivas mais típicas de espécies sucessionais posteriores e habitats de altitude elevada, provavelmente sofrerão um maior atraso adaptativo (Aitken *et al.*, 2008). Por sua distribuição geográfica ampla, *M. urundeuva* demonstra plasticidade climática e ambiental para suportar desafios adaptativos vindouros. Estudos em reflorestamento e aclimação da espécie em diferentes biomas são necessários para comprovar essa teoria e, neste sentido, Canuto *et al.* (2016), Guerra *et al.* (2009), Kratka & Correia (2015), Moraes *et al.* (2005), Moraes *et al.* (2012), Pupin *et al.* (2017), Riva (2020), Rodriguez *et al.* (2017), Viegas *et al.* (2011) e Tung *et al.* (2010) têm inferido positivamente sobre a adaptabilidade da espécie sob crescimento em condições ádvenas aos biomas de origem de suas populações de estudo.

A importância nos estudos e pesquisas em genômica populacional e especiação (Marques *et al.*, 2019) é portanto fundamental, pois estas permitirão respostas mais conclusivas sobre os mecanismos atuantes na especiação e irradiação das populações florestais. No que tange *M. urundeuva*, as contribuições deste estudo aliado a futuros sobre regiões associadas a adaptabilidade, genes de resistência a doenças ou estresses e genoma completo da espécie poderão contribuir para ampliar as respostas sobre os padrões de diversidade nos respectivos biomas de ocorrência da, suas adaptações e possíveis especiações decorrentes das atuações climáticas. Embora os dados de polimorfismo dos SNPs permitam inferir sobre a diversidade e diferenciação das populações, a capacidade de

detectar níveis de seleção agindo é limitada. Lawri & Petrov, (2014) salientam que dentre diversos motivos, a baixa densidade de polimorfismos dentro de uma única espécie pode ser um fator limitante. Os autores ainda ressaltam que se pode melhorar essas questões analisando o polimorfismo de múltiplas espécies relacionadas, combinando dados de polimorfismo e divergência dessas espécies em análises únicas.

Uma análise neste escopo é possível, uma vez que *M. urundeuva* divide seu gênero dentro da família das anacardiáceas com *Myracrodruon balansae*, de incidência nos Pampas no Sul do Brasil, Argentina e Paraguai (Santin, 1989), bem como também possui parentesco próximo a *Astronium fraxinifolium*, popularmente conhecido como “Gonçalo-Alves” e *Astronium graveolens*, conhecido como “Guaritá”. à exceção do guaritá, nosso laboratório está em desenvolvimento de marcadores para as outras duas espécies. Todas estas espécies foram inicialmente classificadas sob o gênero *Astronium* e posteriormente subdivididas em subgêneros *Myracrodruon* e *Astronium*, como relata Santin, (1989). Este fato revela a grande probabilidade de proximidade genética entre os gêneros e uma possível partilha de marcadores em comum para as espécies.

CONCLUSÕES

- O sequenciamento por *ddRADseq* dos diferentes biomas encontrou um total de 1427 marcadores SNPs. Nas 12 populações em estudo. O número de loci identificados pode ser considerado satisfatório.
- A diversidade genética para *M. urundeuva* apresentou estruturação distinta para quatro clusters populacionais referentes aos biomas Caatinga, Mata-Atlântica, Pantanal e para as populações de Cerrado e ecótono de transição entre biomas, houve a formação de um único cluster.
- A populações de *M. urundeuva* revelaram ser significativamente diferentes entre si em todas as populações, quando confrontadas ao Coeficiente de Fixação de Wright. As maiores distancias se encontraram entre as populações da Caatinga e as populações do Pantanal. A populações de Bauru, São Paulo e Selvíria, Mato Grosso do Sul, obtiveram a menor diferença.
- A análise AMOVA revelou que 28.79% da variação é explicada entre as amostras, reforçando a diferenciação populacional entre os biomas analisados
- A distância genética dos indivíduos de *M. urundeuva* e a rede de haplótipos indicaram a formação de dois ramos de diferenciação, entre a população de

Petrolina (PE) e Seridó (SE) pertencentes ao bioma da Caatinga e as demais populações.

- Foram identificados nas populações SNPs associados a variáveis de características climáticas evidenciando adaptabilidade e diferenciação das populações entre os biomas em estudo.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As populações de *M. urundeuva* nos biomas Caatinga, Cerrado, Ecótono de transição, Mata-Atlântica e Pantanal revelaram uma notável diversidade genética entre essas distintas regiões. Essa variação genética significativa entre populações sugere que diferentes pressões ambientais e históricas únicas sobre essas populações, resultando em adaptações específicas. As populações de Cerrado e Mata-Atlântica mostraram-se mais próximas geneticamente, evidenciando um intercâmbio gênico entre essas duas regiões. Para as populações da Caatinga, esta divergência genética foi ainda mais acentuada, uma vez que sempre se mantiveram em clusters distintos das demais populações.

A heterozigosidade observada nas populações de *M. urundeuva* demonstrou-se dentro dos níveis descritos na literatura e passíveis da resiliência da espécie diante de desafios ambientais e pressões seletivas. Além disso, a associação positiva entre as populações de *M. urundeuva* e as variáveis climáticas específicas de cada bioma ressalta a adaptabilidade da espécie aos diferentes ambientes. Essa capacidade de resposta às condições climáticas locais é fundamental para a sobrevivência e manutenção populacional ao longo do tempo.

Diante das análises das populações da espécie nos diversos biomas de ocorrência, evidenciou-se uma notável divergência genética entre as populações presentes na Caatinga e aquelas nos demais biomas. A observação revela uma marcante dissimilaridade nas características genéticas dessas populações, sugerindo a necessidade de investigação de novas populações mais ao nordeste do Brasil.

A partir desses resultados, fica evidente a importância de considerar as particularidades genéticas e adaptativas das populações de *M. urundeuva* ao planejar estratégias de conservação e manejo. É imperativo que medidas sejam implementadas para preservar a diversidade genética e as características adaptativas dessa espécie em seus locais de ocorrência. Além disso, este estudo destaca a relevância de pesquisas adicionais para enriquecer ainda mais o entendimento sobre a biologia e genética de *M. urundeuva*.

Com abordagens moleculares inovadoras em nível de genoma, maiores coberturas no rastreio de SNPs e no desenvolvimento de estratégias de conservação e manejo sustentável, garantindo assim um futuro promissor para essa espécie nativa de importância econômica e ambiental.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pelo fomento ao aluno durante seu Doutorado. A Universidade Estadual Paulista, UNESP, por meio de seu corpo docente e técnico qualificado pelo auxílio a coletas de campo, experimentos em laboratório e geração de conhecimento. A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, pelo Fomento ao projeto 22/03320-5, ao qual este trabalho está diretamente associado.

CONTRIBUIÇÕES

Marcelo Augusto Mendes Alcantara contribuiu nas coletas de campo, análises em laboratório e redação do manuscrito. Bruno Cesar Rossini contribuiu no delineamento experimental, análises em laboratório, análises estatísticas e redação do manuscrito. Marcela Aparecida de Moraes Silvestre contribuiu com a redação do manuscrito. Romain Guyot e Andrea Garavita contribuíram com análises experimentais e redação do manuscrito. José Cambuim contribuiu nas coletas de campo. Mario Luiz Teixeira de Moraes e Celso Luis Marino contribuíram na concepção, supervisão e direcionamento do projeto e revisão do manuscrito.

CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não ter conflito de interesses neste estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alberto, FJ. *et al.* (2013) Potential for Evolutionary Responses to Climate Change - Evidence from Tree Populations. *Global Change Biology*, 19, 1645–1661, doi: 10.1111/gcb.12181.

Alho, C. (2008). Biodiversity of the Pantanal: response to seasonal flooding regime and to environmental degradation. *Brazilian Journal of Biology*, 68(4), 957–966. <https://doi.org/10.1590/S1519-69842008000500005>

Alho, C. *et al.* (2019) Threats to the biodiversity of the Brazilian Pantanal due to land use and occupation. *Ambiente & Sociedade*, São Paulo. Vol. 22, Original Article, 2019;22:e01891

Aitken, SN. *et al.* (2008) Adaptation, migration or extirpation: climate change outcomes for tree populations. doi:10.1111/j.1752-4571.2007.00013.x *Evolutionary Applications* ISSN 1752-4563 95–111

Alberto, FJ. *et al.* (2013) Potential for Evolutionary Responses to Climate Change - Evidence from Tree Populations. *Global Change Biology*, 19, 1645–1661, doi: 10.1111/gcb.12181.

Almeida, LRS. *et al.* (2020) Mapeamento Participativo das Áreas de Fundo de Pasto na Comunidade Ouricuri, Uauá, Bahia. *Cadernos de Agroecologia*, v. 15, n. 2. Anais do XI Congresso Brasileiro de Agroecologia, São Cristóvão, Sergipe. ISSN 2236-7934.

Alvares, CA. *et al.* (2013). Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22(6), 711-728.

Andrews, C. (2010) The Hardy-Weinberg Principle. *Nature Education Knowledge* 3(10):65

Andrews, KR. & Luikart, G. (2014) New recent approaches for the analysis of population genomic data. *Molecular Ecology*, 23(7), 1661–1667.

Andrews, KR. *et al.* (2016) Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews*. v. 17, p. 81 – 92.

Andrews S. (2018) FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. Babraham Bioinformatics, Babraham Institute, Cambridge, United Kingdom.

Araújo Neto, JB. *et al.* (2019) Estudo Etnobotânico de Plantas Medicinais em uma Comunidade Urbana de Juazeiro do Norte - CE. In: Anais do IV Simpósio Brasileiro de Recursos Naturais do Semiárido – SBRNS. Crato - Ceará, Brasil, 22 a 24 de maio de 2019. doi: 10.18068/IVSBRNS.2019.020. ISSN: 2359-2028.

Baird, NA. (2008) Rapid SNP Discovery and Genetic Mapping Using Sequenced RAD Markers. *PLoS ONE*. v. 3, n. 10, 7p.

Barreto, MA. *et al.* (2023) Genetic Structure and Diversity of *Dalbergia nigra* from Brazilian Atlantic Forest Fragments. *Forests*, 14, 2165. <https://doi.org/10.3390/f14112165>

Bashalkhanov, S. *et al.* (2009) A simple method for estimating genetic diversity in large populations from finite sample sizes. *BMC Genetics* 10:84 doi:10.1186/1471-2156-10-84

Bergelson, J. & Roux, F. (2019). Towards Identifying Genes Underlying Ecologically Relevant Traits in *Arabidopsis thaliana*. *Nature Reviews Genetics*, 20(8), 510-526.

Bergier I. & Assine, ML. (2022). Functional fluvial landforms of the Pantanal: Hydrologic trends and responses to climate changes, *Journal of South American Earth Sciences*. DOI: 10.1016/j.jsames.2022.103977

Bräutigam, K. *et al.* (2013) Epigenetic regulation of adaptive responses of forest tree species to the environment. *Ecology and Evolution*. 3(2): 399–415 doi: 10.1002/ece3.461

Buerkle, CA. & Gompert, Z. (2013) Population genomics based on low coverage sequencing: how low should we go?" *Molecular Ecology* 22: 3028–3035.

Buschbom, J. *et al.* (2011). Efficient long-distance gene flow into an isolated relict oak stand. *Journal of Heredity*, 102, 464–472. <https://doi.org/10.1093/jhered/esr023>

Bussotti, F. *et al.* (2015) Características Funcionais e Capacidade Adaptativa das Florestas Europeias às Mudanças Climáticas. *Environmental and Experimental Botany*, 111, 91–113.

Caetano S, *et al.* (2005) Identification of microsatellite markers in a neotropical seasonally dry Forest tree, *Astronium urundeuva* (Anacardiaceae). *Mol. Ecol. Notes*. 5(1):21-23.

Caetano, S. *et al.* (2008) The history of Seasonally Dry Tropical Forests in eastern South America: inferences from the genetic structure of the tree *Astronium urundeuva* (Anacardiaceae). *Molecular Ecology*, Oxford, v. 13, n. 17, p. 3147-3159, 2008.

Caldeira-Junior, CF. *et al.* (2021) O uso sustentável do jaborandi na FLONA de Carajás é impulsionado pelo conhecimento científico aplicado à conservação e à geração de renda para a comunidade local. *Vale e Biodiversidade*, único, 6p.

Campos, M. *et al.* (2017) Microgeographical structure in the major Neotropical malaria vector *Anopheles darlingi* using microsatellites and SNP markers. *Parasites & vectors*, p. 1-8.

Campos, JLA., & Albuquerque, UP. (2021) Indicators of conservation priorities for medicinal plants from seasonal dry forests of northeastern Brazil. *Ecological Indicators*, 121, 106993. ISSN 1470-160X. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.106993>.

Canuto, DSO. *et al.* (2016) Genetic variability in *Myracrodruon urundeuva* (Allemão) Engl. progeny tests. *Open Journal of Forestry*, v. 7, p. 1-10.

Capblancq, T. *et al.* (2018) Evaluation of redundancy analysis to identify signatures of local adaptation. bioRxiv 258988; doi: <https://doi.org/10.1101/258988>

Capblancq, T. & Forester, BR. (2021) Redundancy analysis: A Swiss Army Knife for landscape genomics DOI: 10.1111/2041-210X.13722 Methods Ecol Evol. 12:2298–2309.

Carvalho, MCCG, Silva, DCG. (2010) Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. Ciência Rural, Santa Maria, v. 40, n. 3, p. 735-744, 2010.

Catchen, J. *et al.* (2013) Stacks: an analysis tool set for population genomics. Molecular Ecology, v. 22, n. 11, p. 3124–3140.

Chaves CL. *et al.* (2018) Assessing the Ability of Chloroplast and Nuclear DNA Gene Markers to Verify the Geographic Origin of Jatoba (*Hymenaea courbaril* L.) Timber. J Hered. Jun 27;109(5):543-552. doi: 10.1093/jhered/esy017.

Coelho, DC. (2005). Ecologia e conservação da quiroptero fauna no corredor Cerrado-Pantanal. 116 f. Tese (Doutorado em Biologia Animal)-Universidade de Brasília, Brasília.

Cornacini, MR. (2021) Detection and application of novel SSR markers from transcriptome data for *Astronium fraxinifolium* Schott, a threatened Brazilian tree species. Molecular Biology Reports. v. 48, p. 3165 – 3172.

Costa, AOL. & Godoy, H. (1962) Contribuição para o conhecimento do clima do solo de Ribeirão Preto. Bragantia, 21 (unico) <https://doi.org/10.1590/S0006-87051962000100040>

Costa, LS. (2011) Conservação da biodiversidade florestal: uso de simulações no estudo de diversidade genética. Trabalho de Conclusão de Curso. Universidade Federal do Pampa. São Gabriel, RS, Brasil. 61 p.

Costa MF. *et al.* (2022) Population genomics of the neotropical palm *Copernicia prunifera* (Miller) H. E. Moore: Implications for conservation. PLoS One. Nov 3;17(11):e0276408. doi: 10.1371/journal.pone.0276408.

Costa, RB. *et al.* (2011) Avaliação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. na região do Pantanal, estado do Mato Grosso Revista Brasileira de Ciências Agrárias, vol. 6, núm. 4, outubro-diciembre, pp. 685-693

Damasceno-Junior, GA. *et al.* (2009) Florestas Estacionais no Pantanal: Considerações Florísticas e Subsídios para Conservação. Geografia, Rio Claro, v. 34, Número Especial, p. 697-707.

D'Arrochella, MLG. (2020) Fragmentação Florestal da Mata Atlântica: Conectividade Potencial via Polinização por Mariposas e Modelagem Atmosférica. Revista Geografia em Atos, Departamento de Geografia, Faculdade de Ciências e Tecnologia, UNESP, Presidente Prudente, n. 18, v. 03, p. 101-116. ISSN: 1984-1647.

Damião, JO. *et al.* (2010) Balanço hídrico da região de ilha solteira, noroeste paulista IN: XX CONIRD – Congresso Nacional de Irrigação e Drenagem. Uberaba – MG.

Davey, JW. *et al.* (2011) Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. Nature Reviews. v. 12, p. 499 – 510, 2011.

Deschamps, S. *et al.* (2012) Genotyping-by-Sequencing in Plants. Biology, v. 1, p. 460-483.

Diniz-Filho, JAF. *et al.* (2013) Mantel test in population genetics Genet. Mol. Biol. 36 (4). <https://doi.org/10.1590/S1415-47572013000400002>

Domingos, FR., & Silva, MAP. (2020) Use, knowledge and conservation of *Myracrodruon urundeuva*: a systematic review. Research, Society and Development, 9(11), e2329118851. DOI: 10.33448/rsd-v9i11.8851.

Douhovnikoff, V. & Leventhal, M. (2016) The use of Hardy–Weinberg Equilibrium in clonal plant systems. Ecology and Evolution. 6(4): 1173–1180 doi: 10.1002/ece3.1946

Doyle, JJ. & Doyle, JL. (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus, Rockville, v. 12, p. 13-15

Duarte, MR. *et al.* (2009) Anatomia foliar comparada de espécies de aroeira: *Myracrodruon urundeuva* Allemão e *Schinus terebinthifolius* Raddi. Visão Acadêmica, 10(1). ISSN 1518-5192.

Dwiningsih, Y. *et al.* (2020) Development of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Markers in Tropical Crops. Advance Sustainable Science Engineering and Technology, 2(2), 0200202. doi:<https://doi.org/10.26877/asset.v2i2.6279>

Elshibli, S. & Korpelainen, H. (2008) Excess heterozygosity and scarce genetic differentiation in the populations of *Phoenix dactylifera* L.: human impact or ecological determinants. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization 7(2); 95–104 doi:10.1017/S1479262108060905

Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA. (2006) Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (SiBCS). Brasil, Ministério da agricultura, Pecuaria e Abastecimento, 206p.

Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. (2021). Sistema Brasileiro de Classificação de Solos. Embrapa Solos. Recuperado de <https://www.embrapa.br/solos/sibcs>

Escudero, M. *et al.* (2015) Analysis of genetic diversity in forest ecosystems with stand density using inter-simple sequence repeat markers. *Forest Ecology and Management*, 347, 248-255.

Ewing, B. *et al.* (1998) Base-Calling of Automated Sequencer Traces Using Phred. I. Accuracy Assessment. *Genome Research* 8:175–185. Press ISSN 1054-9803/98

Eyres, I. *et al.* (2017) Targeted re-sequencing confirms the importance of chemosensory genes in aphid host race differentiation. *Molecular Ecology* 26, 43–58 doi: 10.1111/mec.13818

Fabbri, G. *et al.* (2022) The Role of the Environment in Shaping the Genomic Variation in an Insular Wild Boar Population. *Diversity* 14, 774. <https://doi.org/10.3390/d14090774>

Fady, B. *et al.* (2016). Evolution-based approach needed for the conservation and silviculture of peripheral forest tree populations. *Manejo e Ecologia Florestal*, 375, 66–75.

Figueirôa, JM. *et al.* (2004) Crescimento de plantas jovens de *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) sob diferentes regimes hídricos. *Acta Botanica Brasilica*, v.18, n.3, p.573-580.

Fischer, MC. *et al.* (2017) A. Estimating genomic diversity and population differentiation – an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*. *BMC Genomics*, v. 18, n. 69, 15 p.

Fouet, C.; *et al.* (2017). Extensive genetic diversity among populations of the malaria mosquito *Anopheles moucheti* revealed by population genomics. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 48, p. 27–33

Frankham, R. (2005). Genetics and Extinction. *Biological Conservation*, 191, 404-409.

Freitas MLM, *et al.* (2004) Mating system of a population of *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão using the fAFLP molecular marker. *Genet Mol Biol*. Doi: 10.1590/S1415- 47572004000300019.

Freitas MLM, *et al.* (2005) Variabilidade genética intrapopulacional em *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. por marcador AFLP. *Scientia Forestalis*. (68):21-28.

Freitas, MLM. et al. (2006) Variação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* F.F. & M.F. Allemão em três sistemas de cultivo. *Arvore*, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 319-329.

Gaino, APSC. et al. (2010) Understanding the effects of isolation on seed and pollen flow, spatial genetic structure and effective population size of the dioecious tropical tree species *Myracrodruon urundeuva*. *Conserv Genet* 11, 1631–1643. <https://doi.org/10.1007/s10592-010-0046-3>

Gaino APSC, et al. (2011) Mating system in *Myracrodruon urundeuva* (Anacardiaceae): implications for conservation genetics. *Rev. Bras. Bot.* 34(4):545-551.

Gomes, DS. et al. (2016). Uso e disponibilidade local da aroeira *Myracrodruon urundeuva* (Allemão) Engl. (Magnoliopsida: Anacardiaceae) em uma comunidade rural da Depressão Sertaneja, São José de Piranhas, Estado da Paraíba, Brasil. *Revista Brasileira de Gestão Ambiental e Sustentabilidade*, [Online], 3(6), 265-276. ISSN 2359-1412. DOI: 10.21438/rbgas.030602.

Gomes, FHF. et al. (2015) Análise da germinação de aroeira-preta (*Myracrodruon urundeuva* All.) submetida a diferentes tratamentos de quebra de dormência.

Gomes JPV. et al. (2018) Genomic diversity is similar between Atlantic Forest restorations and natural remnants for the native tree *Casearia sylvestris* Sw. *PLoS ONE* 13(3): e0192165. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192165>

González-Martínez, SC. et al. (2006) Forest-tree population genomics and adaptive evolution. *New Phytologist* (2006) 170: 227–238 doi: 10.1111/j.1469-8137.2006.01686.x

Gorjanc, G. et al. (2017) Potential of Low-Coverage Genotyping-by-Sequencing and Imputation for Cost-Effective Genomic Selection in Biparental Segregating Populations. *Crop Science*, v. 57, p. 1404-1420.

Guerra, CRSB. et al. (2009). Estratégia de seleção dentro de progênies em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. em sistema silvopastoril. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 37, p. 7-87.

Hampe, A. & Petit, RJ. (2005). Conserving Biodiversity under Climate Change: The Importance of the Rear Edge. *Ecology Letters*, 8, 461–467. doi: 10.1111/j.1461-0248.2005.00739.x

Hatakeyama S. et al. (2001) U box proteins as a new family of ubiquitin-protein ligases. *J Biol Chem*. Aug 31;276(35):33111-20.

Holmes, I. & Rabosky, ARD. (2018) Natural history bycatch: a pipeline for identifying metagenomic sequences in RADseq data. *PeerJ*. e4662, 16p.

Honorio CEN. *et al.* (2020) SNP Markers as a Successful Molecular Tool for Assessing Species Identity and Geographic Origin of Trees in the Economically Important South American Legume Genus *Dipteryx*. *J Hered.* 2020 Aug 12;111(4):346-356. doi: 10.1093/jhered/esaa011.

Instituto Brasileiro Do Meio Ambiente E Dos Recursos Naturais Renováveis - IBAMA. Portaria Nº 37-N, 3 de abril de 1992. Disponível em: <http://www.mma.gov.br/estruturas/179/_arquivos/179_05122008033627.pdf>.

Instituto Nacional de Meteorologia - NMET. (2021). Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa. Recuperado de <https://portal.inmet.gov.br/bdados/index.php?dir=/bdmep>

Jesus, JB. *et al.* (2019) Fragmentação florestal em região semiárida no Nordeste do Brasil. *Pesquisa Florestal Brasileira*, Colombo, v. 39, e201801683, p. 1-10.

Jombart, T. *et al.* (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics*, 11(1), 94.

Kageyama, PY. *et al.* (1998) Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. *Série Técnica IPEF*, Piracicaba, Vol. 12, No. 32, p. 65-70.

Konar, A. *et al.* (2017) High-quality genetic mapping with ddRADseq in the non-model tree *Quercus rubra*. *BMC Genomics*, v. 18, n. 417, 12 p.

Kotchetskoff-Henriques, O. *et al.* (2005). Relação entre o solo e a composição florística de remanescentes de vegetação natural no Município de Ribeirão Preto, SP. *Brazilian Journal of Botany*, 28(3), 541–562. <https://doi.org/10.1590/S0100-84042005000300011>

Lawri, DS. & Petrov, DA. (2014) Comparative population genomics: power and principles for the inference of functionality. *Trends in Genetics*. Vol. 30, No. 4.

Leduc, A. *et al.* (1992). Study of Spatial Components of Forest Cover Using Partial Mantel Tests and Path Analysis. *Journal of Vegetation Science*, 3(1), 69–78. <https://doi.org/10.2307/3236000>

Lewontin, JRC. & Krakauer, J. (1973) Distribution of gene frequency as a test of the theory of the selective neutrality of polymorphisms. *Genetics* 74: 175-195.

Li, HA. (2011) statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. *Bioinformatics*, v. 27, n. 21, p. 2987–2993.

Lopes JS. *et al.* (2020) Genetic diversity of potential mother trees of *Myracrodruon urundeuva* Allemão in a remnant population from Brazilian Cerrado using ISSR. *Adv For Sci*, Cuiabá, v. 7, n. 2, p. 1017-1024. <http://dx.doi.org/10.34062/afs.v6i2.5621>

Machado, AC. & Oliveira, RC. (2014) Medicamentos Fitoterápicos na Odontologia: Evidências e Perspectivas sobre o Uso da Aroeira-do-Sertão (*Myracrodruon urundeuva* Allemão). *Revista Brasileira de Plantas Medicinais*, Campinas, v.16, n.2, p.283-289.

Maduna, SN. *et al.* (2023) Genomic Signatures of Local Adaptation under High Gene Flow in Lumpfish—Implications for Broodstock Provenance Sourcing and Larval Production. *Genes*, 14, 1870. <https://doi.org/10.3390/genes14101870>

Malinsky M. *et al.* (2018) RADpainter and fineRADstructure: Population Inference from RADseq Data. *Mol Biol Evol.* May 1;35(5):1284-1290. doi: 10.1093/molbev/msy023.

Manka P. *et al.* (2011) Deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium in selected Slovak populations of *Pinus mugo* Turra, *Pinus sylvestris* L. and their putative hybrid swarms *Thaiszia - J. Bot.*, Kosice, 21: 167-175.

Mantel, N. (1967) The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res* 27:209-220

Maracajá, PB. *et al.* (2003) Levantamento florístico e fitossociológico do extrato arbustivo-arbóreo de dois ambientes na Vila Santa Catarina, Serra do Mel, RN. *Revista de Biologia e Ciências da Terra*, Belo Horizonte, MG, v. 3, n. 2, p. 20 - 33.

Marangon, GP. *et al.* (2013) Estrutura e padrão espacial da vegetação em uma área de caatinga. *Floresta*, [S.l.], v. 43, n. 1, p. 83 – 92, ISSN 1982-4688. doi:<http://dx.doi.org/10.5380/rf.v43i1.27807>.

Marques, DA. *et al.* (2019) A Combinatorial View on Speciation and Adaptive Radiation. *Trends in Ecology & Evolution*, Vol. 34, No. 6 <https://doi.org/10.1016/j.tree.2019.02.008>

Meyer-Sand, BRV. *et al.* (2018) Development of a set of SNP markers for population genetics studies of Ipe (*Handroanthus* sp.), a valuable tree genus from Latin America. *Conservation Genet Resour* 10, 779–781. <https://doi.org/10.1007/s12686-017-0928-5>

Moracho, E. *et al.* (2016). Unusually limited pollen dispersal and connectivity of Pedunculate oak (*Quercus robur*) refugial populations at the species' southern range margin. *Molecular Ecology*, 25(14), 3319–3331.

Moraes, MF. *et al.* (2021) Palm trees limit the proliferation of lianas in the forests of the Amazon-Cerrado-Pantanal ecotone. *Research, Society and Development*, [S. l.], v. 10, n. 3, p. e48310313547, 2021. DOI: 10.33448/rsd-v10i3.13547.

Moraes, MLT. *et al.* (1992) Variação genética em duas populações de aroeira (*Astronium urundeuva* (Fr. All.) Engl. - Anacardiaceae). *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v.4, n.4, p.1241-1245.

Moraes MLT, *et al.* (2004) Correlated mating in dioecious tropical tree species, *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. *Forest Genetics* 11(4):53-59

Moraes MLT, *et al.* (2005) Diversidade e estrutura espacial em duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Sob diferentes condições antrópicas. *Rev. Árvore* 29(2):281-289.

Morin, P.A. *et al.* (2009) Assessing statistical power of SNPs for population structure and conservation studies. *Molecular Ecology Resources*. v. 9, p. 66–73.

Murta, RO. *et al.* (2012) Desenvolvimento regional no Médio Rio Doce/MG: análise da viabilidade jurídica do manejo sustentável da aroeira. *Revista Direito GV*, 8(2), 455–483. <https://doi.org/10.1590/S1808-24322012000200004>

Nascimento, ART. *et al.* (2004). Florística e estrutura da comunidade arbórea de um remanescente de Floresta Estacional Decidual de encosta, Monte Alegre, GO, Brasil. *Acta botanica brasílica*, 18(3), 659-669.

Nascimento, DTF & Novais, GT. (2020) Clima do Cerrado: dinâmica atmosférica e características, variabilidades e tipologias climáticas. *Élisée, Rev. Geo. UEG – Goiás*, v.9, n.2, e922021,

Nascimento, ER. *et al.* (2016) Configuração dos remanescentes florestais em uma área da Mata Atlântica do nordeste do Brasil: orientando medidas de conservação em escala municipal. *Scientia Plena*, Aracaju, v. 12, n. 08, 10 p.

Nunes, YRF. *et al.* (2008) Aspectos Ecológicos da Aroeira (*Myracrodruon urundeuva* Allemão - Anacardiaceae): Fenologia e Germinação de Sementes. *Revista Árvore*, Viçosa-MG, v.32, n.2, p.233-243.

Parchman, TL. *et al.* (2012) Genome-wide association genetics of an adaptive trait in lodgepole pine *Molecular Ecology* 21, 2991–3005 doi: 10.1111/j.1365-294X.2012.05513.x

Paris, JR. *et al.* (2017) Lost in parameter space: a road map for STACKS. *Methods in Ecology and Evolution*. v. 8, p. 1360–1373.

Pembleton, LW. *et al.* (2013) StAMPP: an R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 946-952. doi:10.1111/1755-0998.12129.

Peterson, BK. *et al.* (2012) Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS One*, v. 7, p. 1-11.

Pereira AG. *et al.* (2022) Patterns of genetic diversity and structure of a threatened palm species (*Euterpe edulis* Arecaceae) from the Brazilian Atlantic Forest. *Heredity* (Edinb). Sep;129(3):161-168. doi: 10.1038/s41437-022-00549-7.

Pereira, G. *et al.* (2012) O estudo das unidades de paisagem do bioma Pantanal. *AmbiAgua*, Taubaté, v. 7, n. 1, p. 89-103. <http://dx.doi.org/10.4136/ambi-agua.826>

Pereira Júnior, LR. *et al.* (2014) Espécies da Caatinga como Alternativa para o Desenvolvimento de Novos Fitofármacos. *Floresta e Ambiente*, 21(4), 509-520. <http://dx.doi.org/10.1590/2179-8087.024212>.

Pfenninger, M. *et al.* (2023) Selective Effects of a Short Environmental Fluctuation in a Natural Population *Ecologia Molecular*, 32, 335–349. DOI: 10.1111/mec.16748.

Raísa RS. *et al.* (2019) The residual nature of protected areas in Brazil *Biological Conservation* 233. 152–161 <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2019.02.010>

Pott, A. & Pott, VJ. (2004) The Brazilian Pantanal: Vegetation, physiognomy, and floristic considerations. In: Junk, W. J.; da Silva, C. J. (Eds.). *The Pantanal: Ecology, biodiversity and sustainable management of a large neotropical seasonal wetland*. Pensoft Publishers, p. 223-274.

Pupin, S. *et al.* (2017) Variabilidade genética e ganhos de seleção em progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. *Nativa*, Sinop, v. 5, n. 1, p.59-65.

Reed, DH. & Frankham, R. (2015). Correlation between Fitness and Genetic Diversity. *Conservation Biology*, 29(1), 189-198.

Rehman NU. *et al.* (2021) Conserved and Diversified Mechanism of Autophagy between Plants and Animals upon Various Stresses. *Antioxidants* (Basel). Oct 29;10(11):1736.

Reis AMM & Grattapaglia D (2004) RAPD variation in a germplasm collection of *Myracrodruon urundeuva* (Anacardiaceae), an endangered tropical tree: Recommendations for conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution*. Doi: 10.1023/B:GRES.0000024159.48644.e6.

Reis, MNO. (2019) Influência da paisagem e do clima sobre os padrões de diversidade genética de plantas do Cerrado. Trabalho de Conclusão de Curso. Instituto Federal Goiano. Rio Verde. 59p.

Ribeiro, CVG., & Borges, LAC. (2021). Breve análise da evolução e status quo das unidades de conservação no cerrado brasileiro. Caminhos de Geografia, Uberlândia-MG, v. 22, n. 83. p. 133–143.

Riva, LC. et al. (2020) Genetic control of wood quality of *Myracrodruon urundeuva* populations under anthropogenic disturbance. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 20, p. 1-8.

Rochette, NC, & Catchen, JM. (2017) Deriving genotypes from RAD-seq short-read data using Stacks. Nature Protocols. v. 12, p. 2640– 2659.

Rodriguez, SC. et al. (2017) *Myracrodruon urundeuva* fr all. (aroeira tree) population dynamics, diameter growth rate and its potential for sustainable management in successional tropical dry forests of Brazil. Revista Árvore, Viçosa, v. 41, n. 3, 8 p.

Rockman, MV. (2018). The QTN Program and the Alleles That Matter for Evolution: All That's Gold Does Not Glitter. Evolution, 72(4), 637-644.

Roque, RH. (2023) Efeitos de diferentes intensidades de corte seletivo sobre a diversidade e estrutura genética de uma população natural de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze (Araucariaceae) acessada por marcadores microssatélites. Tese de Doutorado. Programa de Pós-Graduação em Recursos Florestais. Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba. 71 p.

Rolim, GS. et al. (2007) Classificação climática de Köppen e Thornthwaite e sua aplicabilidade na determinação de zonas agroclimáticas para o estado de São Paulo. Bragantia, Campinas, v. 66, n. 4, p. 711-720.

Rossini, BC. et al. (2021) Complete chloroplast genome of *Myracrodruon urundeuva* and its phylogenetics relationships in Anacardiaceae family. Physiology and Molecular Biology of Plants. v. 27, n. 4, p. 801–814.

Salla, VP. (2019) Diversidade e estrutura genética populacional em jaboticabais nativos no sudoeste do Paraná. Tese de Doutorado. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco. 98 p.

Sant’ana, VZ. (2017) Proporção Sexual Em Populações De *Myracrodruon Urundeuva* para Fins De Formação De Pomares De Sementes Por Mudas. Dissertação de mestrado. 61Programa de pós-graduação em agronomia, Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 64 p.

Santin, DA. (1989) Revisão taxomica do genero *Astronium* Jacq. revalidação do genero *Myracrodruon* Fr. (Anacardiaceae). 187. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia, Campinas, SP. Disponível em: <https://hdl.handle.net/20.500.12733/1577896>.

Santos, SA. & Cherem, LFS. (2023). Estrutura espacial e temporal das Unidades de Conservação no Cerrado: heterogeneidade combinada em prol da conservação. Soc. Nat., Uberlândia, MG, v.35, e65504. ISSN 1982-4513. DOI: 10.14393/SN-v35-2023-65504.

Sato, LM. (2021) Variabilidade e diversidade genética de populações naturais e conservadas ex situ de *Myracrodruon urundeuva* (Aroeira). Tese de Doutorado. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP. Ilha Solteira, SP. Brasil. 137 p.

Sette, MD. (2021). Os Climas do Cerrado Do Centro-Oeste. Revista Brasileira De Climatologia, 1. <https://doi.org/10.5380/abclima.v1i1.25225>

Sebbenn, AM. *et al.* (2000) Sistema de cruzamento em populações de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze: implicações para a conservação e o melhoramento genético. Scientia Forestalis, Piracicaba, n. 58, p. 25-40.

Sebbenn, AM. *et al.* (2009) Comportamento da variação genética entre e dentro de procedências e progênies de *Gallesia integrifolia* Vell. Moq. para caracteres quantitativos. Revista do Instituto Florestal, São Paulo, v.21, n.2, p.151-63, 2009.

Sebbenn, AM. *et al.* (2011) Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. Heredity, v. 106 p. 134-145.

Silva, DAO. *et al.* (2019). Evolução Espaço-Temporal do Risco de Degradação da Cobertura Vegetal de Petrolina-PE. Revista Brasileira De Meteorologia, 34(1), 89–99. <https://doi.org/10.1590/0102-7786334018>

Silva, LLH. *et al.* (2017) Características Dendrométricas, Físicas e Químicas da *Myracrodruon urundeuva* e da *Leucaena leucocephala*. Floresta e Ambiente, 24, e20160022. <https://doi.org/10.1590/2179-8087.002216>

Silva PIT. *et al.* (2020) A 3K Axiom SNP array from a transcriptome-wide SNP resource sheds new light on the genetic diversity and structure of the iconic subtropical conifer tree *Araucaria angustifolia* (Bert.) Kuntze. PLoS One. Aug 31;15(8):e0230404.

Silva, FP. & Santos, CAB. (2020) Impactos sobre a conservação de recursos naturais em áreas de exploração mineral. Revista Brasileira de Gestão Ambiental e

Sustentabilidade, [Online]. 7(17), 1471-1482. ISSN 2359-1412. DOI: 10.21438/rbgas(2020)071727.

Silva, TS. *et al.* (2020) Calogênese em *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. Ciência Florestal, 30(3), 700–717. <https://doi.org/10.5902/1980509831689>.

Silva-Junior OB. *et al.* (2018) Genome assembly of the Pink Ipê (*Handroanthus impetiginosus*, Bignoniaceae), a highly valued, ecologically keystone Neotropical timber forest tree. Gigascience. 2018 Jan 1;7(1):1-16. doi: 10.1093/gigascience/gix125.

Silvino-Pereira, P. *et al.* (2014) Uso da *Myracrodruon urundeuva* Allemão (aroeira do sertão) pelos agricultores no tratamento de doenças. Revista Cubana de Plantas Medicinales. 19(1).

Sousa, RF. *et al.* (2012) Estudo etnobotânico de *Myracrodruon urundeuva* Allemão no Vale do Piancó (Paraíba, Nordeste, Brasil). ISSN 1983-4209. Volume 07, Número 01.

Souza, AP. *et al.* (2013) Classificação climática e balanço hídrico climatológico no estado de Mato Grosso. Nativa, 1(1), 34–43. <https://doi.org/10.31413/nativa.v1i1.1334>

Souza, DCL., *et al.* (2018) Development of microsatellite markers for *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão), a highly endangered species from tropical forest based on next-generation sequencing. Mol Biol Rep 45, 71–75. <https://doi.org/10.1007/s11033-017-4142-z>

Souza, SA. (2004). Mapeamento da cobertura vegetal urbana de Ribeirão Preto-SP utilizando técnicas de sensoriamento remoto (Dissertação (Mestrado). Universidade de São Paulo, São Carlos.

Souza, WCL. *et al.* (2020). Influência do efeito de borda na herbivoria foliar de *Ziziphus joazeiro* Mart. em Floresta Tropical Sazonal Seca. Diversitas Journal, 5(4), 2746–2758. <https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v5i4-976>

Stapley, J. *et al.* (2010) Adaptation genomics: the next generation. Trends in Ecology and Evolution Vol.25 No.12 705-712 doi:10.1016/j.tree.2010.09.002

Stefenon, VM. & Costa, LS. (2012) A simulation study on the behavior of allelic richness and inbreeding coefficient over generations in fragmented populations of tree species. Ann. For. Res. 55(1): 3-10.

Temunović, M. *et al.* (2020) Candidate gene single nucleotide polymorphism variation in floodplain populations of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) near the species' southern range margin: Weak differentiation yet distinct associations with water availability. Mol Ecol. 29: 2359–2378. <https://doi.org/10.1111/mec.15492>

Thrasher, DJ. *et al.* (2018) Double-digest RAD sequencing outperforms microsatellite loci at assigning paternity and estimating relatedness: A proof of concept in a highly promiscuous bird. *Molecular Ecology Resources*. v. 18, p. 953–965.

Tung, ESC. *et al.* (2010) Variação genética para caracteres silviculturais e anatômicos da madeira em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. *Scientia Forestalis*, Piracicaba, v. 38, n. 87, p. 499- 508.

Tung, ESC. *et al.* (2011) Variação, divergência e correlações genéticas entre caracteres silviculturais e densidade básica da madeira em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 1–12. DOI: 10.24278/2178-5031.2011231281.

Vanhove M. *et al.* (2021) Using gradient Forest to predict climate response and adaptation in Cork oak. *J Evol Biol*. Jun;34(6):910-923. doi: 10.1111/jeb.13765.

Vianna, LS. (2015) Caracterização da diversidade genética de duas populações naturais de *Vochysia bifalcata* WARM no Parque Nacional Do Caparaó/ES. *Nucleus*, Ituverava, v. 12, n. 1.

Vidal Junior, J. *et al.* (2022) Differential Adaptive Potential and Vulnerability to Climate-Driven Habitat Loss in Brazilian Mangroves. *Front. Conserv. Sci*. 3:763325. doi: 10.3389/fcsc.2022.763325

Viégas, MP. *et al.* (2011) Diversidade genética e tamanho efetivo de duas populações de *Myracrodruon urundeuva* FR. ALL., sob conservação genética ex situ. *Revista Árvore*, Viçosa, MG, v. 35, n. 4, p. 769-779, 2011.

Vieira, G. *et al.* (2011) Avaliação de técnicas de armazenamento de sementes de aroeira (*Myracrodruon urundeuva* ALLEMÃO) de baixo custo. *Enciclopédia Biosfera*, 7(13).

Vieira, RRS. *et al.* (2019) A natureza residual das áreas protegidas no Brasil. *Conservação Biológica*, 233, 152–161. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2019.02.010>

Wright, S. (1931) Evolution in Mendelian Populations. *Genetics*;16(2):97-159. doi: 10.1093/genetics/16.2.97. PMID: 17246615; PMCID: PMC1201091.

Wright, S. (1984) *Evolution and the Genetics of Populations*, Volume 4: Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press, 15 de jun. de 1984 - 590 p.

Wang, Y. *et al.* (2020) Identify QTLs and candidate genes underlying source-, sink-, and grain yield-related traits in rice by integrated analysis of bi-parental and natural populations. *PLoS ONE* 15(8): e0237774. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237774>

Wigginton, JE. et al. (2005). A Note on Exact Tests of Hardy-Weinberg Equilibrium. *American Journal of Human Genetics*, 76, 887–883.

Yeaman, S. (2015). Local Adaptation by Alleles of Small Effect. *The American Naturalist*, 186(S1), S74-S89.

Zhang, HW. *et al.* (2015) Development and validation of single nucleotide polymorphism markers in *Odontobutis potamophila* from transcriptomic sequencing. *Genetics and Molecular Research*. v. 14, n. 1, p. 2080-2085.

ANEXO I

Lista de indivíduos de *M. urundeuva* amostrados para sequenciamento provenientes dos biomas brasileiros Caatinga, Cerrado, Mata-Atlântica, Pantanal e do ecótono entre Cerrado e Mata-Atlântica (ECM).

	Ind.	Local	Bioma	Cordenadas		
				Zon.	Eas.	Nor.
1	1.3.3	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
2	3.1.7	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
3	4.3.7	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
4	8.3.4	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
5	11.1.6	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
6	16.3.7	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
7	19.2.3	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
8	21.3.7	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
9	25.2.4	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
10	27.2.4	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
11	28.2.8	Rosana - SP	ECM	22 K	298838,960	7509325,010
12	3.11	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	655152,212	7795948,329
13	5.9	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	655001,437	7796044,673
14	10.9	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	655042,956	7796231,937
15	14.5	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	654993,590	7796110,643
16	18.8	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	654780,938	7796325,698
17	21.3	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	654720,789	7796446,166
18	23.3	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	654717,776	7796486,578
19	25.7	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	655141,215	7795846,881
20	26.4	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	655079,473	7795916,887
21	29.5	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	655080,057	7795854,523
22	30.4	Paulo de Faria - SP	Mata-Atlântica	22K	654971,078	7795916,071
23	21.12	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	614510,146	7733573,471
24	41.9	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	615036,803	7734430,895
25	50.9	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	615187,895	7734102,709
26	54.6	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	615367,973	7733676,947
27	62.1	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	615468,996	7733558,103
28	80.2	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	615021,879	7733431,940
29	86.8	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	614525,333	7735880,708
30	91.11	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	615065,881	7734442,714
31	99.5	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	617509,169	7732494,807
32	101.11	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	619491,622	7732290,133

	Ind.	Local	Bioma	Cordenadas		
				Zon.	Eas.	Nor.
33	106.1	Aquidauana - MS	Pantanal	21K	623150,990	7732792,394
34	1.2	Itarumã - GO	Cerrado	22K	474764,119	7927360,466
35	6.5	Itarumã - GO	Cerrado	22K	475021,841	7927456,961
36	8.1	Itarumã - GO	Cerrado	22K	475329,600	7927339,844
37	14.10	Itarumã - GO	Cerrado	22K	475471,161	7927626,122
38	15.5	Itarumã - GO	Cerrado	22K	475024,924	7927265,843
39	17.11	Itarumã - GO	Cerrado	22K	474493,775	7927388,002
40	18.4	Itarumã - GO	Cerrado	22K	474397,496	7927507,166
41	22.12	Itarumã - GO	Cerrado	22K	474179,626	7927624,982
42	25.10	Itarumã - GO	Cerrado	22K	474134,740	7927776,874
43	29.7	Itarumã - GO	Cerrado	22K	466279,372	7914443,205
44	30.12	Itarumã - GO	Cerrado	22K	466286,219	7914414,136
45	1.6	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
46	2.4	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
47	3.12	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
48	4.2	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
49	5.8	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
50	6.11	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
51	7.6	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
52	8.7	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
53	9.5	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
54	10.6	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
55	12.6	Seridó - RN	Caatinga	24M	692758,000	9272464,000
56	C2	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
57	C5	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
58	C6	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
59	C8	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
60	C9	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
61	C11	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
62	C12	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
63	C13	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
64	C14	Cuiabá - MT	Cerrado	21 L	616831,950	8264900,970
65	RP17	Ribeirão Preto - SP	Mata- Atlântica	23K	204092,314	7656388,414
66	RP18	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	210125,852	7653310,286
67	RP19	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	215454,832	7672698,332
68	RP23	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	213244,635	7671195,099
69	RP25	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	206464,589	7652619,369

	Ind.	Local	Bioma	Cordenadas		
				Zon.	Eas.	Nor.
70	RP26	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	210899,387	7668787,449
71	RP28	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	202319,647	7655408,298
72	RP29	Ribeirão Preto - SP	Mata-Atlântica	23K	206831,900	7669916,065
73	S30	Selviria - MS	ECM	22K	458636,163	7744943,876
74	S31	Selviria - MS	ECM	22K	441583,294	7725906,973
75	S32	Selviria - MS	ECM	22K	457783,341	7745525,977
76	S33	Selviria - MS	ECM	22K	440327,774	7726295,648
77	S36	Selviria - MS	ECM	22K	458773,133	7744777,983
78	S39	Selviria - MS	ECM	22K	442172,752	7725705,351
79	S40	Selviria - MS	ECM	22K	442127,904	7725907,655
80	S42	Selviria - MS	ECM	22K	457207,155	7745597,572
81	S43	Selviria - MS	ECM	22K	439608,607	7725845,456
82	CO44	Corumbá - MS	Pantanal	21K	437687,402	7889082,181
83	CO45	Corumbá - MS	Pantanal	21K	436739,946	7889215,279
84	CO46	Corumbá - MS	Pantanal	21K	435810,558	7888566,171
85	CO50	Corumbá - MS	Pantanal	21K	439016,169	7892294,497
86	CO52	Corumbá - MS	Pantanal	21K	435730,783	7888455,902
87	CO53	Corumbá - MS	Pantanal	21K	435810,558	7888566,171
88	CO56	Corumbá - MS	Pantanal	21K	439016,169	7892294,497
89	CO58	Corumbá - MS	Pantanal	21K	437576,173	7889092,095
90	CO60	Corumbá - MS	Pantanal	21K	435730,783	7888455,902
91	M62	Miranda - MS	Pantanal	21K	505934,606	7811005,325
92	M64	Miranda - MS	Pantanal	21K	505666,009	7811512,889
93	M67	Miranda - MS	Pantanal	21K	505675,114	7811490,754
94	M70	Miranda - MS	Pantanal	21K	505226,450	7812367,078
95	M72	Miranda - MS	Pantanal	21K	505107,616	7812555,230
96	M74	Miranda - MS	Pantanal	21K	505624,764	7811586,268
97	M75	Miranda - MS	Pantanal	21K	505983,919	7810948,874
98	M76	Miranda - MS	Pantanal	21K	505951,876	7810968,692
99	B78	Bauru - SP	Cerrado	22K	719859,062	7531602,141
100	B79	Bauru - SP	Cerrado	22K	719558,837	7532019,104
101	B80	Bauru - SP	Cerrado	22K	719971,773	7533398,522
102	B82	Bauru - SP	Cerrado	22K	719690,254	7531938,935
103	B83	Bauru - SP	Cerrado	22K	719946,466	7533314,586
104	B86	Bauru - SP	Cerrado	22K	719961,253	7533310,611
105	B87	Bauru - SP	Cerrado	22K	720662,331	7534540,946
106	B89	Bauru - SP	Cerrado	22K	719978,006	7533380,046

Ind.		Local	Bioma	Cordenadas		
				Zon.	Eas.	Nor.
107	B90	Bauru - SP	Cerrado	22K	720718,282	7534662,661
108	P97	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
109	P98	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
110	P100	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
111	P101	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
112	P102	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
113	P103	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
114	P105	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030
115	P106	Petrolina - PE	Caatinga	24 L	331399,040	8965871,030

ANEXO II

Indexação dos indivíduos amostrados de *M. urundeuva* para sequenciamento de nova geração (NGS) por meio de *Double Digest Restriction Associated DNA Sequencing* (ddRADseq).

	Indivíduo	Bioma	Local	Adaptador P5	Adaptador P7
1	1.3.3	ECM	Rosana - SP	ATAGAGAG	TAAGGCGA
2	3.1.7	ECM	Rosana - SP	AGAGGATA	TAAGGCGA
3	4.3.7	ECM	Rosana - SP	CTCCTTAC	TAAGGCGA
4	8.3.4	ECM	Rosana - SP	TATGCAGT	TAAGGCGA
5	11.1.6	ECM	Rosana - SP	TACTCCTT	TAAGGCGA
6	16.3.7	ECM	Rosana - SP	AGGCTTAG	TAAGGCGA
7	19.2.3	ECM	Rosana - SP	ATTAGACG	TAAGGCGA
8	21.3.7	ECM	Rosana - SP	CGGAGAGA	TAAGGCGA
9	25.2.4	ECM	Rosana - SP	ATAGAGAG	CGTACTAG
10	27.2.4	ECM	Rosana - SP	AGAGGATA	CGTACTAG
11	28.2.8	ECM	Rosana - SP	CTCCTTAC	CGTACTAG
12	3.11	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	TATGCAGT	CGTACTAG
13	5.9	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	TACTCCTT	CGTACTAG
14	10.9	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	AGGCTTAG	CGTACTAG
15	14.5	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	ATTAGACG	CGTACTAG
16	18.8	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	CGGAGAGA	CGTACTAG
17	21.3	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	ATAGAGAG	AGGCAGAA
18	23.3	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	AGAGGATA	AGGCAGAA
19	25.7	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	CTCCTTAC	AGGCAGAA
20	26.4	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	TATGCAGT	AGGCAGAA
21	29.5	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	TACTCCTT	AGGCAGAA
22	30.4	Mata-Atlântica	Paulo de Faria - SP	AGGCTTAG	AGGCAGAA
23	21.12	Pantanal	Aquidauana - MS	ATTAGACG	AGGCAGAA
24	41.9	Pantanal	Aquidauana - MS	CGGAGAGA	AGGCAGAA
25	50.9	Pantanal	Aquidauana - MS	ATAGAGAG	TCCTGAGC
26	54.6	Pantanal	Aquidauana - MS	AGAGGATA	TCCTGAGC
27	62.1	Pantanal	Aquidauana - MS	CTCCTTAC	TCCTGAGC
28	80.2	Pantanal	Aquidauana - MS	TATGCAGT	TCCTGAGC
29	86.8	Pantanal	Aquidauana - MS	TACTCCTT	TCCTGAGC
30	91.11	Pantanal	Aquidauana - MS	AGGCTTAG	TCCTGAGC
31	99.5	Pantanal	Aquidauana - MS	ATTAGACG	TCCTGAGC
32	101.11	Pantanal	Aquidauana - MS	CGGAGAGA	TCCTGAGC
33	106.1	Pantanal	Aquidauana - MS	ATAGAGAG	GGACTCCT
34	1.2	Cerrado	Itarumã - GO	AGAGGATA	GGACTCCT

	Indivíduo	Bioma	Local	Adaptador P5	Adaptador P7
35	6.5	Cerrado	Itarumã - GO	CTCCTTAC	GGACTCCT
36	8.1	Cerrado	Itarumã - GO	TATGCAGT	GGACTCCT
37	14.10	Cerrado	Itarumã - GO	TACTCCTT	GGACTCCT
38	15.5	Cerrado	Itarumã - GO	AGGCTTAG	GGACTCCT
39	17.11	Cerrado	Itarumã - GO	ATTAGACG	GGACTCCT
40	18.4	Cerrado	Itarumã - GO	CGGAGAGA	GGACTCCT
41	22.12	Cerrado	Itarumã - GO	ATAGAGAG	TAGGCATG
42	25.10	Cerrado	Itarumã - GO	AGAGGATA	TAGGCATG
43	29.7	Cerrado	Itarumã - GO	CTCCTTAC	TAGGCATG
44	30.12	Cerrado	Itarumã - GO	TATGCAGT	TAGGCATG
45	1.6	Caatinga	Seridó - RN	TACTCCTT	TAGGCATG
46	2.4	Caatinga	Seridó - RN	AGGCTTAG	TAGGCATG
47	3.12	Caatinga	Seridó - RN	ATTAGACG	TAGGCATG
48	4.2	Caatinga	Seridó - RN	CGGAGAGA	TAGGCATG
49	5.8	Caatinga	Seridó - RN	ATAGAGAG	CTCTCTAC
50	6.11	Caatinga	Seridó - RN	AGAGGATA	CTCTCTAC
51	7.6	Caatinga	Seridó - RN	CTCCTTAC	CTCTCTAC
52	8.7	Caatinga	Seridó - RN	TATGCAGT	CTCTCTAC
53	9.5	Caatinga	Seridó - RN	TACTCCTT	CTCTCTAC
54	10.6	Caatinga	Seridó - RN	AGGCTTAG	CTCTCTAC
55	12.6	Caatinga	Seridó - RN	ATTAGACG	CTCTCTAC
56	C2	Cerrado	Cuiabá - MT	ATAGAGAG	ACTCGCTA
57	C5	Cerrado	Cuiabá - MT	AGAGGATA	ACTCGCTA
58	C6	Cerrado	Cuiabá - MT	CTCCTTAC	ACTCGCTA
59	C8	Cerrado	Cuiabá - MT	TATGCAGT	ACTCGCTA
60	C9	Cerrado	Cuiabá - MT	TACTCCTT	ACTCGCTA
61	C11	Cerrado	Cuiabá - MT	AGGCTTAG	ACTCGCTA
62	C12	Cerrado	Cuiabá - MT	ATTAGACG	ACTCGCTA
63	C13	Cerrado	Cuiabá - MT	CGGAGAGA	ACTCGCTA
64	C14	Cerrado	Cuiabá - MT	ATAGAGAG	GGAGCTAC
65	RP17	Mata- Atlântica	Ribeirão Preto - SP	AGAGGATA	GGAGCTAC
66	RP18	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	CTCCTTAC	GGAGCTAC
67	RP19	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	TATGCAGT	GGAGCTAC
68	RP23	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	TACTCCTT	GGAGCTAC
69	RP25	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	AGGCTTAG	GGAGCTAC
70	RP26	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	ATTAGACG	GGAGCTAC
71	RP28	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	CGGAGAGA	GGAGCTAC
72	RP29	Mata-Atlântica	Ribeirão Preto - SP	ATAGAGAG	GCGTAGTA
73	S30	ECM	Selvíria - MS	AGAGGATA	GCGTAGTA

	Indivíduo	Bioma	Local	Adaptador P5	Adaptador P7
74	S31	ECM	Selvíria - MS	CTCCTTAC	GCGTAGTA
75	S32	ECM	Selvíria - MS	TATGCAGT	GCGTAGTA
76	S33	ECM	Selvíria - MS	TACTCCTT	GCGTAGTA
77	S36	ECM	Selvíria - MS	AGGCTTAG	GCGTAGTA
78	S39	ECM	Selvíria - MS	ATTAGACG	GCGTAGTA
79	S40	ECM	Selvíria - MS	CGGAGAGA	GCGTAGTA
80	S42	ECM	Selvíria - MS	ATAGAGAG	CGGAGCC
81	S43	ECM	Selvíria - MS	AGAGGATA	CGGAGCC
82	CO44	Pantanal	Corumbá - MS	CTCCTTAC	CGGAGCC
83	CO45	Pantanal	Corumbá - MS	TATGCAGT	CGGAGCC
84	CO46	Pantanal	Corumbá - MS	TACTCCTT	CGGAGCC
85	CO50	Pantanal	Corumbá - MS	AGGCTTAG	CGGAGCC
86	CO52	Pantanal	Corumbá - MS	ATTAGACG	CGGAGCC
87	CO53	Pantanal	Corumbá - MS	CGGAGAGA	CGGAGCC
88	CO56	Pantanal	Corumbá - MS	ATAGAGAG	TACGCTGC
89	CO58	Pantanal	Corumbá - MS	AGAGGATA	TACGCTGC
90	CO60	Pantanal	Corumbá - MS	CTCCTTAC	TACGCTGC
91	M62	Pantanal	Miranda - MS	TATGCAGT	TACGCTGC
92	M64	Pantanal	Miranda - MS	TACTCCTT	TACGCTGC
93	M67	Pantanal	Miranda - MS	AGGCTTAG	TACGCTGC
94	M70	Pantanal	Miranda - MS	ATTAGACG	TACGCTGC
95	M72	Pantanal	Miranda - MS	CGGAGAGA	TACGCTGC
96	M74	Pantanal	Miranda - MS	ATAGAGAG	ATGCGCAG
97	M75	Pantanal	Miranda - MS	AGAGGATA	ATGCGCAG
98	M76	Pantanal	Miranda - MS	CTCCTTAC	ATGCGCAG
99	B78	Cerrado	Bauru - SP	TATGCAGT	ATGCGCAG
100	B79	Cerrado	Bauru - SP	TACTCCTT	ATGCGCAG
101	B80	Cerrado	Bauru - SP	AGGCTTAG	ATGCGCAG
102	B82	Cerrado	Bauru - SP	ATTAGACG	ATGCGCAG
103	B83	Cerrado	Bauru - SP	CGGAGAGA	ATGCGCAG
104	B86	Cerrado	Bauru - SP	ATAGAGAG	TAGCGCTC
105	B87	Cerrado	Bauru - SP	AGAGGATA	TAGCGCTC
106	B89	Cerrado	Bauru - SP	CTCCTTAC	TAGCGCTC
107	B90	Cerrado	Bauru - SP	TATGCAGT	TAGCGCTC
108	P97	Caatinga	Petrolina - PE	TACTCCTT	TAGCGCTC
109	P98	Caatinga	Petrolina - PE	AGGCTTAG	TAGCGCTC
110	P100	Caatinga	Petrolina - PE	ATTAGACG	TAGCGCTC
111	P101	Caatinga	Petrolina - PE	CGGAGAGA	TAGCGCTC
112	P102	Caatinga	Petrolina - PE	ATAGAGAG	ACTGAGC

Indivíduo		Bioma	Local	Adaptador P5	Adaptador P7
113	P103	Caatinga	Petrolina - PE	AGAGGATA	ACTGAGC
114	P105	Caatinga	Petrolina - PE	CTCCTTAC	ACTGAGC
115	P106	Caatinga	Petrolina - PE	TATGCAGT	ACTGAGC

ECM: Ecótono entre Cerrado e Mata-Atlântica

ANEXO III

Quadro geral de sequenciamento *ddRADseq* e processamento em *M. urundeuva* proveniente dos biomas brasileiros Caatinga, Cerrado, Mata-Atlântica e Pantanal e do Ecótono entre Cerrado e Mata-Atlântica (ECM).

	Indivíduo	Local	<i>Reads</i> totais	<i>Reads</i> Retidas*	<i>Reads</i> Eliminadas*	Total (%)
1	1.3.3	BAG	1,154,399	379,355	739,118	32.86
2	3.1.7	BAG	862,825	309,942	525,277	35.92
3	4.3.7	BAG	891,059	378,310	488,267	42.46
4	8.3.4	BAG	1,158,361	332,306	796,468	28.69
5	11.1.6	BAG	846,273	321,913	489,207	38.04
6	16.3.7	BAG	384,617	129,861	236,195	33.76
7	19.2.3	BAG	1,043,413	417,767	605,091	40.04
8	21.3.7	BAG	785,412	344,191	409,223	43.82
9	25.2.4	BAG	1,231,292	441,509	767,385	35.86
10	27.2.4	BAG	2,667,829	756,360	1,865,204	28.35
11	28.2.8	BAG	1,120,878	379,856	721,879	33.89
12	3.11	PF	1,110,308	433,203	654,822	39.02
13	5.9	PF	1,099,720	466,633	612,105	42.43
14	10.9	PF	1,217,115	448,376	741,386	36.84
15	14.5	PF	1,032,282	563,149	439,670	54.55
16	18.8	PF	1,126,744	558,990	544,897	49.61
17	21.3	PF	900,852	524,128	353,789	58.18
18	23.3	PF	687,547	347,260	320,376	50.51
19	25.7	PF	434,676	173,608	238,866	39.94
20	26.4	PF	813,828	418,769	369,194	51.46
21	29.5	PF	1,074,191	488,368	551,740	45.46
22	30.4	PF	1,124,918	617,750	475,976	54.92
23	21.12	AQ	865,664	521,413	325,382	60.23
24	41.9	AQ	419,486	317,672	78,286	75.73
25	50.9	AQ	1,068,110	589,561	453,044	55.20
26	54.6	AQ	1,089,300	699,874	360,976	64.25
27	62.1	AQ	779,646	381,456	369,137	48.93
28	80.2	AQ	919,101	539,443	359,538	58.69
29	86.8	AQ	300,222	178,460	88,267	59.44
30	91.11	AQ	986,836	520,325	440,593	52.73
31	99.5	AQ	429,807	362,518	48,298	84.34
32	101.11	AQ	431,320	355,901	49,762	82.51
33	106.1	AQ	965,160	498,709	449,200	51.67
34	1.2	IT	1,043,420	561,382	460,974	53.80

	Indivíduo	Local	<i>Reads</i> totais	<i>Reads</i> Retidas*	<i>Reads</i> Eliminadas*	Total (%)
35	6.5	IT	853,021	461,578	367,244	54.11
36	8.1	IT	972,325	572,120	380,335	58.84
37	14.10	IT	1,243,464	744,208	473,296	59.85
38	15.5	IT	983,162	553,615	408,853	56.31
39	17.11	IT	941,935	488,547	432,490	51.87
40	18.4	IT	764,737	407,447	336,039	53.28
41	22.12	IT	1,370,574	811,368	526,664	59.20
42	25.10	IT	866,303	456,543	387,880	52.70
43	29.7	IT	663,531	385,572	249,508	58.11
44	30.12	IT	680,851	407,343	255,018	59.83
45	1.6	SE	703,553	415,867	270,035	59.11
46	2.4	SE	713,533	429,434	265,778	60.18
47	3.12	SE	756,537	364,698	375,796	48.21
48	4.2	SE	654,844	316,771	314,650	48.37
49	5.8	SE	1,000,893	493,608	487,814	49.32
50	6.11	SE	970,095	593,792	345,457	61.21
51	7.6	SE	651,424	399,715	230,520	61.36
52	8.7	SE	130,398	56,215	61,703	43.11
53	9.5	SE	856,122	363,342	466,669	42.44
54	10.6	SE	768,911	454,610	288,221	59.12
55	12.6	SE	969,303	370,958	570,672	38.27
56	C2	CB	429930	318423	111507	74,06
57	C5	CB	336484	256022	80462	76,09
58	C6	CB	595112	214383	380729	36,02
59	C8	CB	634844	466740	168104	73,52
60	C9	CB	731798	135496	596302	18,52
61	C11	CB	643756	424706	219050	65,97
62	C12	CB	434377	368350	66027	84,80
63	C13	CB	134745	125583	9162	93,20
64	C14	CB	286222	243231	42991	84,98
65	RP17	RP	347606	293481	54125	84,43
66	RP18	RP	192354	177005	15349	92,02
67	RP19	RP	270777	209697	61080	77,44
68	RP23	RP	514701	440321	74380	85,55
69	RP25	RP	683768	136191	547577	19,92
70	RP26	RP	159680	99603	60077	62,38
71	RP28	RP	167377	132534	34843	79,18
72	RP29	RP	371754	305179	66575	82,09

	Indivíduo	Local	<i>Reads</i> totais	<i>Reads</i> Retidas*	<i>Reads</i> Eliminadas*	Total (%)
73	S30	SV	237506	216232	21274	91,04
74	S31	SV	829965	250218	579747	30,15
75	S32	SV	755060	310942	444118	41,18
76	S33	SV	813550	297540	516010	36,57
77	S36	SV	996158	400540	595618	40,21
78	S39	SV	1145704	257815	887889	22,50
79	S40	SV	468486	156725	311761	33,45
80	S42	SV	1144682	305784	838898	26,71
81	S43	SV	26026	6071	19955	23,33
82	CO44	CO	727725	301758	425967	41,47
83	CO45	CO	918859	431761	487098	46,99
84	CO46	CO	105864	17323	88541	16,36
85	CO50	CO	653572	461275	192297	70,58
86	CO52	CO	589848	266300	323548	45,15
87	CO53	CO	2168231	447639	1720592	20,65
88	CO56	CO	435270	112379	322891	25,82
89	CO58	CO	338698	103592	235106	30,59
90	CO60	CO	869114	168428	700686	19,38
91	M62	MI	1158108	36123	1121985	3,12
92	M64	MI	485509	367303	118206	75,65
93	M67	MI	873310	756859	116451	86,67
94	M70	MI	805730	668406	137324	82,96
95	M72	MI	639352	429697	209655	67,21
96	M74	MI	311344	285740	25604	91,78
97	M75	MI	326908	22217	304691	6,80
98	M76	MI	187208	109154	78054	58,31
99	B78	BU	264	185	79	70,08
100	B79	BU	289516	232464	57052	80,29
101	B80	BU	2076	1189	887	57,27
102	B82	BU	376225	345995	30230	91,96
103	B83	BU	364746	249054	115692	68,28
104	B86	BU	617374	403106	214268	65,29
105	B87	BU	512492	248140	264352	48,42
106	B89	BU	436910	237424	199486	54,34
107	B90	BU	177288	108439	68849	61,17
108	P97	PE	280196	143696	136500	51,28
109	P98	PE	778742	438461	340281	56,30
110	P100	PE	833935	388625	445310	46,60

	Indivíduo	Local	<i>Reads</i> totais	<i>Reads</i> Retidas*	<i>Reads</i> Eliminadas*	Total (%)
111	P101	PE	750123	442322	307801	58,97
112	P102	PE	563050	331536	231514	58,88
113	P103	PE	138752	83481	55271	60,17
114	P105	PE	278878	201890	76988	72,39
115	P106	PE	314411	242240	72171	77,05
Total			86040542	42937401	43103141	49,90

BAG: Banco Ativo de Germoplasma, Rosana, SP; PF: Paulo de Faria, SP; AQ: Aquidauana, MS; IT: Itarumã, GO; SE: Seridó, Serra Negra do Norte, RN.; CB: Cuiabá, MT; RP: Ribeirão Preto, SP; Selvíria, MS; CO: Corumbá, MS; MI: Miranda, MS; BU: Bauru, SP; PE: Petrolina, PE; * *Reads* Retidas e Eliminadas de acordo com filtragem pelo *Software* STACKS (Catchen *et al.*, 2013).

ANEXO IV

Variáveis climáticas providas pelo WorldClim para análise de Correlação de variáveis climáticas (PCoA).

Código	Variável
BIO1	Temperatura Média Anual
BIO2	Intervalo Diurno Médio (Média mensal (temperatura máx- temperatura mín))
BIO3	Isotérmidade (BIO2/BIO7) ($\times 100$)
BIO4	Sazonalidade de temperatura (desvio padrão $\times 100$)
BIO5	Temperatura máxima do mês mais quente
BIO6	Temperatura mínima do mês mais frio
BIO7	Faixa anual de temperatura (BIO5-BIO6)
BIO8	Temperatura Média do Quarto Mais Úmido
BIO9	Temperatura Média do Trimestre Mais Seco
BIO10	Temperatura Média do Trimestre Mais Quente
BIO11	Temperatura Média do Bairro Mais Frio
BIO12	Precipitação Anual
BIO13	Precipitação do mês mais chuvoso
BIO14	Precipitação do mês mais seco
BIO15	Sazonalidade da Precipitação (Coeficiente de Variação)
BIO16	Precipitação do trimestre mais úmido
BIO17	Precipitação do trimestre Mais Seco
BIO18	Precipitação do trimestre mais quente
BIO19	Precipitação do trimestre Mais Frio