**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE
JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO (*Caiman latirostris*), UTILIZANDO
MARCADORES MICROSSATÉLITES**

PRISCILLA MARQUI SCHMIDT VILLELA

Dissertação apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de
São Paulo, para obtenção do título em Mestre em
Ecologia de Agroecossistemas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo – Brasil
Abril - 2004

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE
JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO (*Caiman latirostris*), UTILIZANDO
MARCADORES MICROSSATÉLITES**

PRISCILLA MARQUI SCHMIDT VILLELA
Bacharel em Ciências Biológicas

Orientador: Prof. Dr. **LUIZ LEHMANN COUTINHO**
Co-Orientador: Prof. Dr. **LUCIANO MARTINS VERDADE**

Dissertação apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de
São Paulo, para obtenção do título em Mestre em
Ecologia de Agroecossistemas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo – Brasil
Abril - 2004

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Villela, Priscilla Marqui Schmidt

Caracterização genética de populações de jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), utilizando marcadores microssatélites / Priscilla Marqui Schmidt Villela. - - Piracicaba, 2004.
114 p. : il.

Dissertação (mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2004.
Bibliografia.

1. Economia animal 2. Distribuição geográfica animal 3. Genética animal 4. Jacaré- de
papo-amarelo 5. Marcador molecular 6. Populações animais 7. Proteção animal
8. Reprodução animal 9. Variação genética I. Título

CDD 639.394

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

A meus pais, Claudemir e Ivone,
pelo amor e incentivo.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos que colaboraram direta ou indiretamente para a realização desse trabalho. Em especial :

Ao Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho, pela orientação, apoio e compreensão.

Ao Prof. Dr. Luciano Martins Verdade, pelas valiosas contribuições e pelo seu entusiasmo.

À Dra. Maria Imaculada Zucchi, pela amizade, atenção e valiosas sugestões.

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky e Prof. Dr. Alexandre Guedes Coelho pelas sugestões e direcionamento das análises estatísticas.

À FAPESP, pela concessão da bolsa de estudo e pelo apoio financeiro à pesquisa.

À equipe National geographic, ao Zoológico Arruda Câmara de João Pessoa e ao Aquário de Natal pela ajuda na coleta de material.

Aos meus irmãos, Patrícia e José Antonio pelo incentivo durante toda a minha vida.

Ao Daniel pelo amor, carinho e paciência durante a realização deste trabalho, sempre me animando e me apoiando nos momentos mais difíceis.

Aos colegas do laboratório de Ecologia Animal, em especial ao André, Cantarelli, Pedro, Claudia, Graziela, Raquel pela troca de idéias e amizade.

Aos colegas do laboratório de Biotecnologia Animal, em especial aos técnicos Jorge e Nirlei pela amizade e pelo suporte oferecido, ao Rodrigo pela ajuda na coleta de dados, a Mirian, Érika Jorge, Érika Baron, Karen e Matheus, pela convivência e troca de experiência durante estes anos.

Aos meus amigos, Ana Paula (Flipper), Anderson, Bel, Dri, Carla, Clarissa, Marina, Dani, Telmo, Rogério, Urha, Folha, Mim, Barizon, pelo apoio, grande amizade e momentos de descontração.

A todos os demais colegas, que de alguma forma contribuíram para realização deste trabalho, o meu muito obrigado.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELA	ix
RESUMO	x
SUMMARY	xii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Jacaré-de-papo-amarelo	4
2.2 Marcadores Microsatélites	12
2.3 Utilização de marcadores microsatélites: estudos com animais	15
2.4 Parâmetros populacionais, Estrutura populacional e Parentesco	19
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1 Captura e imobilização de jacarés e conservação de sangue	24
3.2 Sítios de coleta e amostragem	24
3.3 Extração do DNA	27
3.4 Otimização da Amplificação	27
3.5 <i>Primers</i> utilizados	28
3.6 Precipitação dos produtos da PCR	29
3.7 Eletroforese em sequenciador automático e genotipagem dos animais	30
3.8 Análise dos dados	31
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
4.1 Variação Genética	34
4.2 Diferenciação gênica e genotípica	36

4.3 Heterozigosidade observada (H_o), diversidade gênica (H_e) e teste exato para equilíbrio de Hardy-Weinberg	36
4.4 Estrutura Genética	38
4.5 Correlação entre distância geográfica e variação genética	45
5 CONCLUSÕES	60
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS	62
ANEXOS	64
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	78
APÊNDICES	94

LISTA DE FIGURAS

		Página
1	Foto <i>Caiman latirostris</i>	4
2	Distribuição geográfica de <i>Caiman latirostris</i>	6
3	Mapa do Brasil indicando os sítios de coleta das populações de <i>Caiman latirostris</i>	26
4	Número de alelos exclusivos, identificados por microssatélites, em nove populações de <i>Caiman latirostris</i>	35
5	Padrão de diferenciação genética obtido pela estatística <i>Rho</i> entre as populações de <i>Caiman latirostris</i> definidos pelo critério de agrupamento UPGMA	44
6	Gráfico de correlação entre as matrizes de distância geográfica e diferenciação genética (<i>Rho</i>)	46
7	Parentesco entre as populações de <i>Caiman latirostris</i> de João Pessoa (PB) e Natal (RN)	49
8	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> da Ilha do Cardoso (IC)	51
9	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> de João Pessoa (PB)	52
10	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> do Banhado do Taim (RS)	53
11	Parentesco dentro da População de <i>Caiman latirostris</i> de Natal (RN)	54
12	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> da Lagoa Vermelha (AL)	55
13	Parentesco dentro da População de <i>Caiman latirostris</i> de Pantanal (Pt)	56
14	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> de duraflora (DuF)	56
15	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> de Charqueada (CH)	57
16	Parentesco dentro da População de <i>C. latirostris</i> de Porto de Areia (PoA)	57
17	Parentesco entre os indivíduos da colônia em cativeiro da ESALQ	58

LISTA DE TABELAS

	Página
1 Populações de <i>Caiman latirostris</i> analisadas e suas coordenadas	25
2 <i>Primers</i> e condição de amplificação	29
3 Alelos exclusivos encontrados nas nove populações de <i>Caiman latirostris</i>	34
4 Estimativa da diversidade gênica (h), heterozigosidade observada (H_o) e Índice de fixação (f)	37
5 Estatísticas <i>Rho</i> para as populações estudadas	39
6 Resultados das estatísticas <i>Rho</i> sobre os componentes de variação	40
7 Valores de <i>Rho</i> e $\delta^2\mu$ comparando as populações de <i>Caiman latirostris</i>	41
8 Resultados das estatísticas <i>Rho</i> calculados sobre os componentes de variação para as populações de <i>Caiman latirostris</i> estudadas	43
9 Médias dos parentescos encontrado nas nove populações de <i>Caiman latirostris</i> estudadas	48
10 Dados de campo dos indivíduos da população da Ilha do Cardoso (IC)	51
11 Dados de campo dos indivíduos da população de João Pessoa	52

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO (*Caiman latirostris*), UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES

Autora: PRISCILLA MARQUI SCHMIDT VILLELA

Orientador: Prof. Dr. LUIZ LEHMANN COUTINHO

Co-Orientador: Prof. Dr. LUCIANO MARTINS VERDADE

RESUMO

Um componente considerado crítico para o manejo bem sucedido de populações silvestres é a manutenção da variação genética. No intuito de avaliar a magnitude e a distribuição da variabilidade genética existente em populações de *Caiman latirostris*, nove populações distribuídas ao longo do eixo latitudinal da distribuição da espécie no Brasil e uma população em cativeiro foram estudadas com auxílio de onze locos microsatélites. A diversidade gênica média ($H_e=h$) e a heterozigosidade média observada (H_o) apresentaram valores elevados, 0,628 e 0,567, respectivamente, denotando existência de elevada variabilidade genética para esta espécie nas regiões de estudo. A população paulista mesmo estando na zona intermediária de distribuição geográfica no Brasil não possui a maior variabilidade genética. O valor F_{ST} estimado foi 0,270 e o R_{ST} foi 0,342. Ambas as medidas de diferenciação entre as populações foram significativas ($P<0,05$). As altas estimativas de F_{ST} e R_{ST} sugerem a ausência

ou fluxo gênico restrito entre essas populações, exceção feita entre as populações de Natal (RN) e João Pessoa (PB), onde não houve diferenciação significativa entre as populações, sugerindo assim que há fluxo gênico entre elas, fato confirmado pelo coeficiente de parentesco.

Pôde-se concluir neste trabalho que a distância genética entre a população do litoral é afetada pela existência da Serra do Mar como barreira geográfica pelo fato desta população apresentar as maiores diferenciações genéticas e não se agrupar a nenhuma população pelo método de agrupamento UPGMA, mesmo estando próxima das populações paulista.

A distância genética entre as populações parece não acompanhar a distância geográfica, em termos de gradiente latitudinal ($r=0,206$). Entretanto quando retiramos a população da Ilha do Cardoso esta correlação aumenta significativamente ($r=0,540$), indicando haver um certo padrão espacial da variabilidade genética entre as populações. O coeficiente médio de parentesco foi baixo entre e dentro das populações estudadas. Com estes resultados podemos começar a entender a dinâmica e estrutura social de populações de *Caiman latirostris*, e quanto mais se compreende sobre a biologia destes animais mais precisa serão decisões visando condições que permitam a existência continua da espécie .

GENETIC CHARACTERIZATION OF BROAD-SNOURED CAIMAN (*Caiman latirostris*) POPULATIONS BY MICROSATELLITES MARKERS

Author: PRISCILLA MARQUI SCHMIDT VILLELA

Adviser: Prof. Dr. LUIZ LEHMANN COUTINHO

Co-Adiviser: Prof. Dr. LUCIANO MARTINS VERDADE

SUMMARY

A component considered critical for the management well succeed of wild populations it is the maintenance of genetic variation. In the intention of evaluating the extend and the distribution of the existent genetic variability in populations of *Caiman latirostris*, nine populations distributed along the latitudinal axis of the distribution of the species in Brazil and a population in captivity they were studied with aid of eleven locos microsatellite. The genic mean diversity ($H_e=h$) and the observed mean heterozygosity (H_o) across all loci for all populations ranged from 0,628 and 0,567, respectively, denoting existence high genetic variability. The population from São Paulo being in the intermediate zone of geographical distribution in Brazil doesn't possess the largest genetic variability. The value dear F_{ST} was 0,270 and R_{ST} it was 0,342. Both

differentiation measures among the populations were significant ($P < 0,05$). The higher estimates of F_{ST} and R_{ST} suggested a absence or low gene flow among those populations, exception done between the populations of Natal (RN) and João Pessoa (PB), where there was not significant differentiation among the populations, suggesting a gene flow pattern among them, fact confirmed by the related coefficient.

It could be concluded in this work that the genetic distance among the population of the coast is affected by the existence of the Mountain of the Sea as geographical barrier for the fact of this population to present the largest genetic differentiations and not to group the any population for the grouping method UPGMA, same being close of the populations from São Paulo.

The genetic distance among the populations seems not to accompany the geographical distance, in terms of latitudinal gradient ($r=0,206$). However when we removed the population of Cardoso's Island this correlation it increases significantly ($r= 0,540$), indicating there to be a certain space pattern of the genetic variability among the populations. The medium coefficient of related was low among and inside of the studied populations. With these results we can begin to understand the dynamics and it structures social of populations of *Caiman latirostris*.

1 INTRODUÇÃO

A exploração desordenada do território brasileiro é uma das principais causas de extinção de espécies. O desmatamento e degradação dos ambientes naturais, o avanço da fronteira agrícola, a caça de subsistência e a caça predatória, a venda de produtos e animais procedentes da caça, capturas ilegais (tráfico) na natureza e a introdução de espécies exóticas em território nacional são fatores que participam de forma efetiva do processo de extinção.

A proteção e o manejo ordenado da fauna silvestre na busca de sua conservação podem e devem ser feitos pelo Governo e a Sociedade de forma integrada no sentido de defender o que é de todos: o patrimônio natural, bem de uso comum de todos e garantia para as futuras gerações.

Existem vários fatores que contribuem para viabilidade das populações ou espécies, entre eles fatores estocásticos, demográficos, ambientais e genéticos. Planos de conservação devem levar em conta todos os fatores, inclusive a manutenção de níveis adequados de diversidade genética.

O estudo das estruturas populacionais por meio de técnicas moleculares talvez seja a parte mais importante da genética da conservação e tem sido útil tanto no estudo de populações exploradas comercialmente (ou seja, abundante, mas com riscos populacionais devido a superexploração), como nas espécies já ameaçadas de extinção. O entendimento dos níveis de diferenciação populacional, por meio de estimativas de heterozigosidade e frequência gênica, pode levar a medidas mais acuradas sobre esforços na recuperação de certas espécies.

Marcadores genéticos apropriados devem ser desenvolvidos para que haja perspicácia no acesso da estrutura genética da população de interesse para o seu

manejo, com meta de manter a diversidade genética. Os dados fornecidos por estes marcadores podem ainda fornecer importantes pistas sobre a história evolutiva da espécie, padrões de fluxo gênico e parentesco entre subpopulações.

Uma vez elucidada a estrutura populacional e a dinâmica reprodutiva de populações, estas informações podem ser usados em conjunto com o que se sabe sobre ecologia e biologia da espécie. Desta maneira decisões mais adequadas de manejo podem ser tomadas.

O jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) é um dos animais que vem sendo fortemente prejudicado em sua permanência na natureza e esteve por muito tempo na lista oficial do IBAMA como ameaçado de extinção. Atualmente, conforme a lista publicada pelo IBAMA em 2003 a espécie não se encontra ameaçada, mas ainda sofre devido a declínio populacional em determinados locais e fragmentação de sua área de distribuição. O foco de conservação do jacaré-de-papo-amarelo tem sido sua criação em cativeiro. No entanto, este esforço pode ser comprometido se não for acompanhado por estudos da espécie na natureza (Verdade, 1998).

O Programa de conservação do Jacaré-de-papo-Amarelo do laboratório de Ecologia Animal inclui a manutenção e reprodução de animais em cativeiro na ESALQ/USP (Piracicaba/SP) e o estudo da bacia do Rio Tietê, na região do Estado de São Paulo.

O Laboratório de Ecologia Animal e o Laboratório de Biotecnologia Animal, ambos da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ/USP (Piracicaba, Estado de São Paulo, Brasil), vêm de forma interdisciplinar coordenando esforços para o estudo da biologia, manejo e conservação do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*). Esta cooperação resultou em estudos de genética de populações selvagens da região de Piracicaba e teste de maternidade em uma população em cativeiro da espécie (Zucoloto, 1998), pela utilização de marcadores microssatélites desenvolvidos para *Alligator mississippiensis* (Glenn et. al., 1998) e testados para *Caiman latirostris*. Mais recentemente, marcadores microssatélites específicos para *Caiman latirostris* (Zucoloto, 2002) foram desenvolvidos para ampliar a capacidade da metodologia de teste de maternidade, estudo da diversidade de populações

selvagens de jacaré-de-papo-amarelo na região Piracicaba/SP e para a determinação do coeficiente de parentesco entre indivíduos. (Zucoloto, 2003).

A conservação e o manejo de populações naturais de *Caiman latirostris* será mais eficiente através do conhecimento da genética de suas populações remanescentes. Com base nesse propósito principal os marcadores desenvolvidos para *Caiman latirostris* (Zucoloto et al., 2002) e marcadores desenvolvidos para *Alligator mississippiensis* (Glenn et. al., 1998) foram utilizados no atual trabalho para realizar a caracterização genética de nove populações de *Caiman latirostris* distribuída ao longo do eixo latitudinal da distribuição da espécie no Brasil. Para tanto, procedeu-se a avaliação da estrutura, magnitude e distribuição da variabilidade existente entre e dentro das populações, bem como foi estimado o coeficiente de parentesco entre os indivíduos.

O uso sustentável é visto como um importante aspecto para programas de conservação de vários crocodilianos (Ross, 1998) e a avaliação da magnitude da variabilidade genética, fluxo gênico e parentesco entre populações contribui para programas mais eficazes. Sendo assim o objetivo deste trabalho é estender a avaliação da diversidade genética da espécie ao longo de sua distribuição no Brasil e quantificar a variabilidade genética e o parentesco, descrevendo como se apresentam entre e dentro de populações

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Jacaré-de-papo-amarelo

O *Caiman latirostris* (jacaré-de-papo-amarelo), é um crocodiliano sul americano de porte médio. O comprimento total máximo alcançado é de 3,5 m, mas na natureza são raros os animais maiores que 2,0 m (Verdade, 1998). O focinho é mais largo que em outros crocodilianos. O corpo é de cor verde escura, com manchas mais escuras na cabeça e pescoço.

Figura 1 - Foto *Caiman latirostris*

O *Caiman latirostris* é uma espécie altamente aquática e habita as várzeas associadas a rios. Sua distribuição geográfica (Figura 2) é restrita à América do Sul e inclui: norte da Argentina (províncias de Corrientes, Chaco, Entre Ríos, Formosa, Jujuy, Misiones, Salta, e Santa Fe), Brasil (Estados de Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Rio de Janeiro, Minas Gerais, Espírito Santo, Mato Grosso do Sul, Goiás, Bahia, Sergipe, Alagoas, Pernambuco, Paraíba, e Rio Grande do Norte, inclui as bacias hidrográficas dos Rios Paraná e São Francisco), nordeste do Uruguai (departamentos de Artigas, Salto, Paysandú, Rocha, Tacuarembó, Cerro Largo e Lavalleja), sudeste da Bolívia (rio de Pilcomayo e departamento de Beni) e sul do Paraguai (Chaco).

A espécie apresenta uma extensa distribuição latitudinal, de 5° S para 34° S e abrange um grande número de pequenas bacias costeiras a partir de Natal, no nordeste do Brasil, até o nordeste do Uruguai (Verdade, 1998).

O jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) é um dos animais que vem sendo fortemente prejudicado em sua permanência na natureza e seu nome esteve por muito tempo na lista oficial do IBAMA como um dos animais ameaçados de extinção. A espécie foi considerada como ameaçada de extinção tanto a nível internacional (Groombridge, 1982 e Verdade, 1998), como nacional (Vanzolini, 1972 e Bernardes et al., 1990).

Atualmente o táxon não se enquadra na categoria ameaçada de extinção biológica pelo IBAMA. Entretanto está listado no Apêndice I do CITES (exceção feita a população Argentina que mudou para Apêndice II em 1997). A densidade populacional é altamente variáveis ao longo da distribuição, de quase extinto em algumas áreas antrópicas do Brasil para populações atualmente conservadas em Santa Fé, Argentina (Verdade e Piña, no prelo).

Por estar presente junto a áreas marginais de rios, lagoas, várzeas e pântanos, a espécie sofre grande pressão frente ao constante crescimento da população humana, que muitas vezes desprezam os crocodilianos e todo resto da fauna e flora locais.

Figura 2 - Distribuição geográfica de *Caiman latirostris* (Verdade e Piña, no prelo)

As principais causas do declínio de suas populações são a destruição sistemática de seu habitat e a caça ilegal. A pele do *Caiman latirostris* é, entre as do gênero *Caiman*, a mais valorizada, por apresentar produtos manufaturados de melhor qualidade (King & Brazaitis, 1971 e Brazaitis, 1987), apesar de não ser considerada como pele clássica (Verdade, 1997b).

As várzeas e lagoas marginais de rios, o habitat da espécie, tem sofrido uma grande redução de área pela ocupação para agricultura (Verdade, 1997a). O jacaré-de-papo-amarelo possivelmente apresenta a situação mais complexa, para a conservação, entre os crocodilianos brasileiros, pois suas populações encontram-se fragmentadas em grande parte de sua área de distribuição original. O estado de São Paulo encontra-se na zona central da distribuição geográfica da espécie, e mantém atualmente apenas 5 % de sua cobertura vegetal original (Victor, 1975). Devido a este acentuado distúrbio, a ocupação de ambientes antrópicos por parte do *C. latirostris* poderá ser a alternativa para sua conservação (Verdade & Lavorenti, 1990 e Verdade, 1997a), pois a espécie aparentemente apresenta alta capacidade para colonizar ambientes antrópicos (i.e., açudes), que podem ser relevantes para sua colonização (Verdade e Pina, no prelo).

Programas de auto-repovoamento, baseados na coleta de ovos em ambiente natural (*ranching*) e posterior soltura dos filhotes, como é feito na Argentina (Larriera, 1993 e Pina et al., 2002) são considerados de difícil realização para as populações brasileiras da espécie, pela falta de informações sobre distribuição atual e sobre sítios significativos de nidificação (Verdade, 1997a). Verdade (2001) evidencia que a condição para a criação em sistema *ranching* é a ocorrência de grandes agregados populacionais, o que não ocorre na maior parte da distribuição geográfica da espécie, pois não há áreas úmidas tão extensas quanto no Pantanal do Mato Grosso. A propagação em cativeiro tem sido defendida como uma importante forma de conservação para a espécie (Verdade, 1997a).

A criação em cativeiro, desde as etapas de reprodução *farming*, sistema onde ocorre o ciclo completo de vida do animal, incluindo a reprodução em cativeiro

(Ashley, 1996), tem sido preconizado como o melhor sistema para a conservação e manejo do jacaré-de-papo-amarelo, no Brasil. A falta de sítios consideráveis de nidificação e a falta de populações grandes o suficiente para suportar a pressão de coleta de ovos e filhotes na natureza, faz com que o sistema *ranching* seja inviável, sobretudo no estado de São Paulo, onde há uma considerável fragmentação dos habitats originais da espécie.

O modelo de manejo do tipo *farming* tem sido utilizado na colônia em cativeiro da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP). De acordo com Verdade (1997b), a criação em cativeiro poderia gerar recursos para a conservação da espécie na natureza e para as pesquisas necessárias sobre sua biologia e manejo.

A criação em cativeiro de espécies nativas também pode diminuir o interesse pela criação de espécies exóticas, como é o caso do *Crocodylus niloticus* trazido para o Rio Grande do Sul, atividade considerada como potencialmente danosa à conservação de espécies endêmicas (Verdade, 1997a). Mas não deve ser considerada como substituta do manejo de populações selvagens (Magnusson, 1984).

O programa experimental de criação em cativeiro da espécie da ESALQ foi implantado em 1988 e o crescimento de sua colônia em cativeiro vem sendo monitorado através do *Studbook* regional da espécie, sendo o seu manejo genético organizado pelo sistema SPARKS – *Single Population Animal Record Keeping System* (ISIS, 1989) maximizado para manter o nível de consangüinidade o mais baixo possível (Verdade, 2001). O programa monitora populações remanescentes do jacaré-de-papo-amarelo do Estado de São Paulo (Verdade, 2001), do ponto de vista de sua ecologia e do ponto de vista genético (Zucoloto, 1998).

Na colônia em cativeiro da ESALQ foi observada a idade de aproximadamente cinco anos para o início da reprodução entre jacarés-de-papo-amarelo (Verdade, 2003). Esta observação é um importante aspecto da dinâmica populacional, pois quanto maior o tempo para os indivíduos de uma população entrarem em reprodução, maior o tempo de geração e menor a taxa de incremento

populacional (Caughley, 1977). Este número relaciona-se ao número de indivíduos migrantes por geração como demonstrado em Verdade *et al.* (2002).

Diferente do que ocorre com aves e mamíferos, cuja determinação do sexo é genética, em crocodilianos o sexo dos embriões é determinado pela temperatura de incubação dos ovos (Wibbels *et al.*, 1998), não apresentando, cromossomos sexuais heteromórficos (Bull, 1980).

A diferenciação das gônadas deve ser controlada pela temperatura direta ou indiretamente, havendo um período crítico na embriogênese relacionando a temperatura com a determinação do sexo nos aligátors. Entretanto os mecanismos moleculares e fisiológicos essenciais neste processo são desconhecidos (Smith & Joss, 1993). O período sensível à temperatura para a determinação do sexo em aligátors ocorre entre o sétimo e vigésimo primeiro dia de incubação dos ovos (Ferguson & Joanen, 1982). Webb *et al.* (1987) verificaram que o nascimento de fêmeas ocorria em temperaturas baixas (28-31°C) e mais altas (33-34 °C), enquanto que em temperaturas intermediárias (31-33 °C) ocorria nascimento de machos

Piña (2003), determinou que para *Caiman latirostris* os ovos incubados à 29°C (N = 52) e 31°C (N = 54) produziram 100% fêmeas. Incubações à 33°C (N = 58) produziram 100% machos. Tratamentos com alta temperatura (34,5°C) produziram ambos os sexos, em uma taxa de 6 machos para 4 fêmeas (N=10), observando assim um padrão diferente do fêmea-macho-fêmea constatado por Lang & Andrews (1994) para aligátor americano e por Ewert (1994) para tartarugas.

O período de incubação é de 65 a 87 dias; o sucesso na eclosão dos ovos, obtido na colônia em cativeiro da ESALQ/USP, varia de 40 a 86 %, com média de 67 %; a mortalidade após o nascimento é baixa, sendo este índice de 0,75 % (Verdade & Sarkis, 1998). O período de eclosão dos filhotes vai de meados de fevereiro a meados de abril (Verdade *et al.*, 1993). Os primeiros sinais de eclosão são as rachaduras na casca, que na incubação natural é facilitada pela ação dos ácidos fracos liberados pelo material vegetal constituinte do ninho.

O jacaré-de-papo-amarelo é conhecido por ter o rostro mais largo em relação ao comprimento entre todos os crocodilianos e seu hábito alimentar generalista possivelmente está relacionado a esta característica.

A maior parte da sua dieta é constituída de caracóis ampularídeos (Diefenbach, 1979). Melo (2002) analisou a dieta de *Caiman latirostris* na Estação Ecológica do Taim (EET), Rio Grande do Sul, Brasil. A autora separou os animais em duas categorias de tamanhos: jovens (seis machos e oito fêmeas, comprimento total <120 cm) e adultos (22 machos e oito fêmeas, comprimento total ≥ 120 cm) em três diferentes habitats: várzea, uma pequena lagoa e um grande lago. Os invertebrados foram comuns na dieta dos jacarés dos três ambientes, sendo o caracol *Ampullaria caniculata* o mais consumido, estando de acordo com Diefenbach (1979).

Segundo Melo (2002) jacarés com tamanho inferior a 100 cm de comprimento total consumiram principalmente insetos, sendo *Belostoma sp.* o inseto mais consumido com 1,6 indivíduos por estômago. Tartarugas e anfíbios foram encontrados em apenas dois estômagos. Peixes e serpentes foram consumidos principalmente no grande lago, entretanto a autora ressalta que isso poderia estar relacionado à época em que foram feitas as coletas, pois com a diminuição do nível da água houve uma concentração de aves aquáticas na pequena lagoa, facilitando talvez sua captura pelos jacarés. Somente os machos capturaram mamíferos, sendo o rato-do-banhado (*Myocastor coypus*), uma espécie abundante na área estudada, o mamífero mais consumido. À medida que os jacarés crescem passam a selecionar presas maiores e não a consumir mais presas, um padrão que esta de acordo com o observado para outras espécies de crocodilianos (Taylor *et al.*, 1978; Webb *et al.*, 1982). A presença de vertebrados na dieta foi diretamente proporcional ao tamanho dos jacarés, o consumo de peixes foi considerado baixo (29%). Pássaros foram os únicos vertebrados consumidos nos períodos de nível de água mais baixo, entretanto aves não foram muito consumidas fora deste período. Melo (2002) conclui que seus resultados não sustentam a queixa dos pescadores locais de que o *C. latirostris* estaria reduzindo o estoque de peixes disponível.

O conhecimento científico sobre a espécie vem aumentando desde a implantação do programa de propagação em cativeiro e conservação da espécie na natureza implementada pela ESALQ. Zucoloto (2003) evidencia que o estabelecimento de parceria com criadores particulares credenciados pelo programa colabora com a preservação da espécie visando viabilizar a produção de matrizes, para a formação de novas fazendas de criação e comercialização. Até o momento, foram credenciados criadores nos Estados de São Paulo (5), Minas Gerais (1), Goiás (1), Alagoas (1), Santa Catarina (1) e Rio Grande do Sul (1) e desde a implantação destas criações estima-se que foram produzidos no total 1190 ovos, resultando em 950 filhotes (Verdade, 2001).

Estes criatórios estão contribuindo indiretamente no combate da retirada clandestina de animais na natureza. Com o aumento no número de animais nascidos em cativeiro, que serão futuros reprodutores e matrizes de novos criatórios, poderá ocorrer um aumento do número de peles e carnes legais disponíveis para o mercado consumidor, advindas do abate de animais criados para este fim, proporcionando inclusive qualidade superior. Isto poderá causar enfraquecimento do comércio ilegal, com uma conseqüente queda na procura por estas peles e carnes clandestinas.

Marcadores microssatélites foram desenvolvidos por Zucoloto (2002), podendo atender a necessidade da certificação das matrizes e organização do manejo reprodutivo da espécie em cativeiro, possibilitando assim a formações de casais não aparentados para o fornecimento aos criadores.

Estes marcadores podem acessar com eficácia a estrutura genética da população de interesse para o seu manejo com meta em manter a diversidade genética. As informações fornecidas por estes marcadores podem ainda fornecer importantes pistas sobre a historia evolutiva da espécie, padrões de fluxo gênico e parentesco entre subpopulações.

2.2 Marcadores Microssatélites

Marcadores moleculares codominantes têm sido usados nos estudos genéticos de populações naturais. Entre as classes de marcadores moleculares existentes, os marcadores microssatélite são os que mais se aproximam do marcador ideal para estudos de genética de populações (Rafalski et al., 1996). Isto se deve ao fato de tais marcadores possuírem as características extremamente favoráveis para este fim, dentre elas destacam-se: são abundantes e uniformemente distribuídos por todo genoma; são tipicamente codominantes; são altamente multialélicos, apresentando o maior conteúdo informativo por loco entre todas as classes de marcadores moleculares.

Microssatélite ou STR (Short Tandem repeat), são sequência repetitiva em tandem (em “fila”) de sequências curtas de DNA, geralmente com 1-6 pares de bases, que se repetem até algumas dezenas de vezes (Tautz & Renz, 1984). Estes marcadores podem ser classificados em quatro classes, os microssatélites perfeitos, em que há apenas um tipo de unidade de repetição; os microssatélites compostos, onde existem dois tipos de unidades de repetição; os microssatélite complexos, onde existem mais de dois tipos de unidade de repetições; e os imperfeitos (interrompidos), em que existem uma ou mais unidades simples não repetidas dentro do arranjo do microssatélite (Weber, 1990).

O polimorfismo de um determinado loco microssatélite depende do número de motivos repetidos. Os diferentes alelos de um loco de microssatélite distinguem-se uns dos outros pelo número de unidades de repetições que apresentam. Tomemos como exemplo os locos em que o dinucleotídio “CA” é a unidade de repetição. O polimorfismo irá resultar da presença de números variáveis dessas unidades de repetição. Um alelo é definido pela ocorrência de, por exemplo, 17 unidades de repetição “CA” enfileiradas, ao passo que outro alelo desse loco consiste de apenas 16 repetições.

O que define a identidade de um loco, uma vez que o polimorfismo é apenas de extensão, é a sequência que flanqueia o trecho repetitivo. As sondas usadas nessas

análises são dirigidas a essas seqüências flanqueadoras e permitem detectar quantas unidades de repetições estão presentes na seqüência repetitiva.

Para ser considerado um microsatélite Chambers e MacAvoy (2000) sugerem que no mínimo oito nucleotídeos repetidos em tandem são necessários para iniciar o processo de origem de um microsatélite. Assim um dinucleotídeo precisa estar repetido pelo menos 4 vezes, um trinucleotídeo precisa se repetir 3 vezes e um tetranucleotídeo 2 vezes. Conhecendo as regiões que flanqueiam as seqüências de microsatélites pode-se desenhar oligonucleotídeos iniciadores específicos para um determinado loco, possibilitando sua amplificação por meio de reação de polimerase em cadeia ("PCR - Polymerase Chain Reaction"). Esta estratégia combina o alto valor informativo dos microsatélites com a facilidade da PCR.

O “desaparecimento” de um alelo ou loco de um microsatélite segundo Chambers e MacAvoy (2000) pode ocorrer devido a uma única ou várias mutações que ocorrem nas regiões flanqueadoras, impedindo a ligação dos oligonucleotídeos nas reações de amplificação por PCR. As taxas de mutações da maioria dos locos microsatélite são muito mais altas que as de locos de outros marcadores dentro do mesmo genoma. Embora muitos tipos de mutações ocorram no microsatélite, as taxas elevadas de mutações são causadas primariamente por alterações no comprimento das unidades de repetição. Os diferentes alelos de um loco de microsatélite são caracterizados pelos seus tamanhos, determinados pelo número de repetições (Estoup e Cornuet, 1999).

As altas taxas de mutações nos microsatélites são explicadas por dois modelos principais:

- a. *Crossing-over* desigual entre moléculas de DNA (Jeffreys et al., 1994), resultado da combinação entre cromossomos homólogos que não estão alinhados corretamente, podendo ocorrer em taxas elevadas nos microsatélites, pois a presença das repetições aumenta a probabilidade de perda de alinhamento entre cromossomos homólogos.

- b. Mecanismo de replicação *slippage* (Levinson e Gutman, 1987) que ocorre em regiões do DNA que contém seqüências repetidas curtas em tandem. Durante a replicação este mecanismo pode ocorrer devido à perda de pareamento entre seqüências vizinhas repetidas, com isto há formação de *loop*, dependendo da direção que ocorre pode resultar tanto em deleção como duplicação de um segmento de DNA durante a replicação (Li e Graur, 1991).

O mecanismo de replicação *slippage* é o mais aceito atualmente. Contudo, alguns dos erros no DNA *slippage* são corrigidos por enzimas exonucleases que fazem a leitura da fita de DNA recém sintetizada à procura de erros da polimerase. Se erros são encontrados, as exonucleases degradam a fita recém sintetizada e a DNA polimerase copia novamente.

Outra forma de reparo do DNA *slippage* é chamado reparo *mismatch* (reparo da perda de alinhamento na fita de DNA). Os *loops* formados na fita de DNA devido ao mecanismo *slippage* são reconhecidos e as bases nitrogenadas presentes nestes *loops* da fita molde são incorporadas na fita sintetizada. Desta maneira, a instabilidade dos microssatélites pode ser considerada um balanço entre a geração de erros de replicação ocasionados pelo DNA *slippage* e a correção de alguns dos erros por exonucleases ou pelo reparo *mismatch* (Eisen, 1999).

A alta taxa de mutação nos marcadores microssatélite, entretanto, constitui uma limitação, pois há grande chance de ocorrência de convergências (resultando em homoplasias), quando comparações são realizadas entre populações de parentesco mais remoto, ou entre espécies.

Os segmentos de microssatélites são uniformemente distribuídos pelo genoma dos eucariotos, com exceção dos telômeros, e são mais raros nas regiões codificadora. Devido a esta distribuição preferencial nas regiões não codificadora, os microssatélites podem não sofrer ação da seleção natural, sendo um marcador seletivamente neutro muito útil para estudos da genética das populações naturais. Os alelos de um loco microssatélite diferem de tamanho em função do número de

repetições das seqüências básicas. Quando estas seqüências básicas se repetem mais que dez vezes, os microssatélites usualmente são muito polimórficos. Estudos caracterizando mutações em coleções de pedigree humano sugerem que as mutações em locos microssatélites envolvem mais ganhos do que perda de repetições (Weber e Wong, 1993). Do ponto de vista prático, seqüências de microssatélite representam importantes ferramentas da biologia molecular. O estudo dessas seqüências tem revolucionado algumas áreas da genética, como a identificação de indivíduos, confirmação de paternidade e estudos de populações (Farah, 1997).

Dois modelos para o processo mutacional dos locus microssatélite tem sido aplicado: o modelo de alelo infinito (IAM-Infinite Allele Model, Kimura e Crow, 1964), e o modelo Stepwise (SMM, Stepwise Mutation Model, Kimura e Ohta, 1978). O modelo IAM considera que mutações nas seqüências de microssatélite resulta em perda ou ganho de uma ou mais unidade de repetição, sempre gerando um estado alélico não encontrado anteriormente na população. O modelo SMM é o mais aceito para microssatélite e admite que a mutação em alelos resulta na perda ou ganho de uma única unidade de repetição, e os alelos poderiam variar através de estados alélicos anteriormente presente na população

2.3 Utilização de marcadores microssatélites: estudos com animais

A técnica de DNA microssatélite vêm sendo aplicada com sucesso em vários animais e tem sido usada para teste de paternidade em programas de melhoramento de gado (Arranz *et. al.*, 1996; Regitano, 1996; Ron *et. al.*, 1996 e Rosa, 1997) e para identificação de paternidade de rotina em cães (Fredholm & Wintero, 1996 e Pihkanen *et. al.*, 1996) e eqüinos (Binns *et. al.*, 1995, Bowling *et. al.*, 1997).

Microssatélites têm sido usados ainda para medir sucesso reprodutivo, como no estudo do invertebrado *Limulus polyphemus* (Brockmann *et. al.*, 1994) e de famílias de urso pardo, *Ursus arctus* (Craighead *et. al.*, 1995); para testar os efeitos do sistema de acasalamento e da deriva genética sobre a estrutura de populações,

como foi estudado com o caracol hermafrodita *Bulinus truncatus* (Viard *et al.*, 1996); para entender mecanismos do comportamento sexual em pássaros (Lifjeld *et al.*, 1997 e Saino *et al.*, 1997); para organizar programas de conservação como o do lobo mexicano *Canis lupus baileyi* (Garcia-Moreno *et al.*, 1996) e dos coalas (Houlden *et al.*, 1996) e para estudar a estrutura genética de populações selvagens, como em *Drosophila melanogaster* (England, 1996; Michalakis & Veuille, 1996 e Schötterer, 1997), cetáceos (Buchanan *et al.*, 1996), cavalos (Ellegren *et al.*, 1992), lobos (Roy *et al.*, 1994), cervídeos (Broders *et al.*, 1999) e cobras (Prosser *et al.*, 1999).

No dragão de Komodo (*Varanus komodoensis*), com análise de 10 locos de microssatélites foi possível observar baixas taxas de fluxo gênico entre populações de ilhas isoladas (Ciofi e Bruford, 1999).

Em ursos marrons (*Ursus arctos*), foi identificada estrutura populacional em algumas populações de ilhas mais isoladas e foi verificado que nessas populações insulares, a dispersão pode ser reduzida ou eliminada por barreiras aquáticas de 2 a 7 Km (Paetkau *et al.*, 1998).

Marcadores microssatélites vêm proporcionando grandes avanços ao estudo da genética de crocodilianos. Glenn (1998), Davis *et al.* (2001a), Davis *et al.* (2001b) realizaram caracterização de marcadores microssatélites e diversidade genética de *Alligator mississippiensis*; FitzSimmons *et al.* (2001) realizaram estudos genéticos em *Crocodylus porosus* e *Crocodylus johnstoni*; Zucoloto (1998), Zucoloto *et al.* (2002) e Verdade *et al.* (2002) desenvolveram marcadores microssatélites e estudaram diversidade genética em *Caiman latirostris*.

Os locos aos quais Glenn *et al.* (1996) se referem foram renomeados em Glenn *et al.* (1998). Estes marcadores foram otimizados e caracterizados para a espécie utilizando 19 amostras de alligátore do *Rockfeller Wild Refuge* (RWR) no Estado da Louisiana e 14 amostras de alligátore do *Everglades National Park* no Estado da Florida. Os autores observaram que os microssatélites desenvolvidos foram a classe mais polimórfica de marcadores utilizada para caracterizar a variação em alligátore americanos. Estudos de parentesco usando microssatélites foram

considerados promissores por Queller *et al.* (1993). Aliado ao progresso na biometria de marcadores genéticos como os obtidos recentemente (Ritland, 1996; Lynch & Ritland, 1999; Lynch, 1999; Ayres, 2000; Carlini- Gracia *et al.*, 2001; Coelho, 2001 e 2002) estes estudos tanto em nível de cativeiro como na natureza estão obtendo um notável sucesso (Zucoloto, 1998; Zucoloto, 2003; Smith *et al.*, 2001; Bentzen *et al.*, 2001; DeWoody *et al.*, 2000; Olsen *et al.*, 2001; Davis *et al.*, 2001a e Verdade *et al.*, 2002).

Glenn *et al.* (1998), caracterizou 11 locos microssatélite para alligátors americano e análises preliminares de amostras de alligátors do sul de Louisiana (SWL) e do “Everglades National Park” (ENP) revelaram 4 -12 alelos por locos para 43 indivíduos, a média de heterozigosidade foi 0,47 e houve diferenciação genética entre as populações de SWL e ENP para todos os locos examinados.

Davis (2001), utilizou cinco marcadores microssatélite desenvolvidos por Glenn *et al.* (1998) para examinar a estrutura genética em seis populações de *Alligator mississippiensis* ao longo de sua distribuição geográfica. Um total de 128 indivíduos foram analisados a heterozigosidade variou de 0,52 – 0,76 e foi encontrada diferenciação genética entre todas as populações estudadas, sugerindo subdivisão e baixo fluxo gênico. A autora também encontrou uma correlação positiva entre a distância genética e distância geográfica.

Zucoloto (1998), utilizando 14 dos microssatélites desenvolvidos por Glenn *et al.* (1998) nas mesmas condições de amplificação descritas para *Alligator mississippiensis* encontrou polimorfismo com os marcadores *Ami-8*, *Ami-11*, *Ami-13* e *Ami-20*. Com estes marcadores pode ser estabelecido o teste de maternidade para a colônia em cativeiro do jacaré-de-papo-amarelo da ESALQ, onde a probabilidade de exclusão combinada calculada segundo Weir (1996) foi 86 %.

Neste estudo concluiu-se que através de regressão linear utilizando uma população com genealogia conhecida, a colônia em cativeiro da ESALQ, foi possível correlacionar o coeficiente de parentesco de Van Vleck *et al.* (1987) com o índice de similaridade genética de Ciampolini *et al.* (1995) com $r^2 = 0,629$ e $p \leq 0,001$ e pela utilização do modelo desenvolvido ($r = 0,297 + 0,772 P$, onde r é o

coeficiente de parentesco e P a similaridade genética), foi possível calcular o coeficiente de parentesco entre animais selvagens.

A similaridade genética de Ciampolini *et al.* (1995) foi utilizada ainda para comparar e agrupar indivíduos através do método UPGMA. Foi observado que os indivíduos de três grupos próximos geograficamente na natureza, apresentaram-se mesclados, indicando que este método poderia ser usado em conjunto com as estatísticas F , para entender a estrutura de populações selvagens do jacaré-de-papo-amarelo e seus mecanismos de dispersão usando marcadores microssatélites.

A estrutura genética de populações naturais de jacaré-de-papo-amarelo, *Caiman latirostris* remanescentes do Estado de São Paulo começou a ser estudada por Zucoloto (1998) e sua interpretação abordada em Verdade *et al.* (2002) com base na teoria de metapopulações e considerando a escala microgeográfica da amostragem realizada.

Neste trabalho os autores observaram que há uma variação genética entre cinco populações estudadas onde a distância média entre quatro delas é 15 km e que a mobilidade da espécie pode alcançar 150 km. O número médio de indivíduos migrantes por geração, uma medida do fluxo de indivíduos observado entre as cinco populações estudadas, estimado em 1,09 indivíduos por geração foi considerado baixo em função da maturidade sexual ser atingida na espécie ao redor dos 10 anos (Verdade & Sarkis, 1998).

A variação encontrada foi estimada para cada par de populações através das estatísticas Rho usando o programa RSTcalc, e foi concluído que a variação observada entre as populações é provavelmente causada por auto nível de parentesco dentro de cada grupo, o que foi demonstrado pela determinação do coeficiente de parentesco par a par entre os indivíduos dessas populações pelo método desenvolvido por Coelho (2001).

2.4 Parâmetros populacionais, Estrutura populacional e Parentesco

Do ponto de vista genético, uma população pode ser definida como um conjunto de indivíduos que compartilham seus genes através de reprodução (Falconer, 1989). As frequências alélicas e as frequências genotípicas são parâmetros descritivos de uma população. Estas se referem, respectivamente, à quantidade observada de um determinado alelo, frente ao total de alelos da população e à quantidade observada de indivíduos com um determinado genótipo, frente ao total de indivíduos da população. A heterozigosidade esperada e observada e a diversidade genética são medidas da variabilidade genética da população (Weir, 1996). Saber quantos indivíduos heterozigotos existem em uma população é interessante, pois esses indivíduos são portadores de diferentes alelos, entretanto, em populações onde não estejam presentes indivíduos heterozigotos, a diversidade genética também é uma medida de interesse, pois refere-se à quantidade de homozigotos diferentes na população (Weir, 1996). Do ponto de vista da conservação, o estudo da heterozigosidade e da variabilidade genética são mais relevantes que a comparação entre a diversidade genética entre diferentes populações (Caughley e Sinclair, 1994).

Quando a reprodução em uma população se dá ao acaso, os gametas produzidos pela população são combinados aleatoriamente (Crow & Kimura, 1970). Nesta situação existe uma relação simples e constante ao longo das gerações entre as frequências alélicas e genotípicas, chamada de lei de Hardy-Weinberg. Entretanto, esse princípio aplica-se apenas a grandes populações com cruzamentos ao acaso e pressupõe ausência de seleção, mutação e migração.

Em um dado momento finito no tempo, em que uma população tenha sido amostrada, é possível saber se as proporções das frequências alélicas, genotípicas, ou particularmente a heterozigosidade correspondem às esperadas para o equilíbrio de Hardy-Weinberg, através de um teste de aderência (*goodness of fit*). Isso não quer dizer que essa população esteja em equilíbrio de Hardy-Weinberg e sim que suas proporções de alelos ou genótipos, correspondem ao esperado por esse modelo naquele momento. Para saber se o equilíbrio de Hardy-Weinberg se mantém nessa

população é necessário avaliar várias gerações pelo teste de aderência (Falconer, 1989). Populações que não atendem às restrições do princípio de Hardy-Weinberg podem ter suas proporções de alelos e genótipos alteradas ao longo das gerações. Em populações pequenas, pode ocorrer uma alteração do equilíbrio de Hardy-Weinberg chamada de endogamia, resultante de um maior número de acasalamentos entre indivíduos aparentados do que aconteceria em populações grandes, onde a probabilidade de acasalamentos entre indivíduos aparentados é menor.

Em uma população em situação de endogamia, a probabilidade de que dois indivíduos dessa população tenham alelos idênticos por descendência aumenta, pois a possibilidade de que esses dois indivíduos tenham um ancestral em comum também é maior. Quando dois indivíduos, que têm um alelo idêntico por descendência, se cruzarem, alguns dos seus filhotes poderão ser homozigotos para o alelo originário do ancestral comum, estes indivíduos são chamados de autozigotos. Uma consequência da endogamia é que o número de indivíduos com alelos idênticos por descendência entre eles aumenta a cada geração, aumentando assim a ocorrência de indivíduos autozigotos. Isso acarreta um aumento progressivo de genótipos homozigotos ao final de cada geração (Falconer, 1989).

A variação populacional resulta de um balanço de forças produzindo homogeneidade genética e forças tendendo a produzir diferenciação genética local. Fluxo gênico ou migração provocando a homogenização e no oposto estariam mutação, deriva genética e seleção natural favorecendo adaptações às condições ambientais locais que podem levar à diferenciação genética de populações (Futuyma, 1998). A estrutura populacional parece ser influenciada por vários fatores intrínsecos à história de vida de um organismo particular, como sistema de cruzamento e regime de fluxo gênico, mas também são influenciados pela história biogeográfica e fatores demográficos (Encalada et al., 1996). Organismos altamente dispersivos, apresentam níveis significativamente menores de estruturação populacional do que animais sedentários. A eficiência do fluxo gênico é determinada pela habilidade espécie-específica bem como por barreira geográfica e distância isolando populações (Kvist et al., 1998).

O grau de diferenciação populacional pode ser medido de varias maneiras: pelas distâncias genéticas; e pelas estatísticas F de Wright ou estatísticas θ s de Cockerham: índice de fixação total (F), índice de fixação intrapopulacional (f), diversidade entre populações (θ_p) e mais recentemente as estatísticas R_{ST} um análogo do θ_p de Cockerham.

Pelo que é conhecido sobre o modo de evolução de microssatélite, o emprego das distâncias genéticas como de Nei e Renolds não são as mais adequadas. Alelos desses marcadores surgem por processos bastante peculiares: os alelos são produzidos por sucessivas adições e perdas de unidades básicas (por exemplo, de dinucleotídio “CA”) e imagina-se que os alelos se originem segundo o modelo “Stepwise mutation model” (Strand et al., 1993). Conseqüentemente, a informação sobre as diferenças entre tamanho de alelos pode ter valor para inferência, além da informação sobre as frequências de alelos. Por exemplo, seqüências contendo 14, 16 ou 30 unidades de repetição definem alelos distintos. Porém, o conhecimento sobre como esses alelos surgem, é razoável supor que os de 14 e 16 resultariam de mudanças ocorridas mais recentemente, ou seja, a análise de locos de microssatélite deve também utilizar informações sobre as características dos alelos.

A estatística R_{ST} é especialmente utilizada para marcadores microssatélites por comportarem em seu cálculo o *stepwise model* proposto por Slatkin (1995), onde a mutação para um novo alelo de um determinado marcador microssatélite ocorre em passos, assim alelos com tamanhos mais próximos são considerados mais similares do que alelos com tamanhos mais distantes. Na prática a estatísticas R_{ST} é calculada pela formula:

$$R_{ST} = \frac{\bar{S} - S_w}{\bar{S}}$$

onde S_w é duas vezes a média da variância estimada do tamanho do alelo encontrado dentro de cada população e $\bar{S}$ é duas vezes a variância estimada do

tamanho do alelo encontrado em todas populações. A distância baseada na estatística *Rho* é calculada por :

$$\delta^2\mu = (m_x - m_y)$$

onde m_x e m_y são as médias dos tamanhos dos alelos nas populações x e y .

Locos que apresentam frequências semelhantes em diferentes populações apresentam baixos valores de R_{ST} , enquanto que aqueles com frequências gênicas muito distintas entre populações apresentam valores altos (se aproximando de 1 à medida que a população se aproxima da fixação de alelos distintos para um loco).

O coeficiente de parentesco entre dois indivíduos é facilmente estimado quando a genealogia entre eles é conhecida. Contudo, quando esta é desconhecida, a única maneira de se estimar o coeficiente de parentesco é através de marcadores moleculares (Lynch & Ritland, 1999; Ritland, 1989; Ritland, 2000).

O grande avanço proporcionado pelos marcadores moleculares neste contexto, foi a possibilidade de se estimar o parentesco entre indivíduos, sem a necessidade de experimentos com progêies para que um modelo particular possa ser estabelecido durante as estimativas (Ritland, 1996b; Gaiotto, 2001).

Diferentes métodos podem ser utilizados para obtenção de estimativas de coeficiente de parentesco com auxílio de marcadores moleculares. Lynch (1999) descreve alguns estimadores como o de Lynch (1988) para uso com DNA fingerprinting, e os de Ritland (1996) e Lynch & Ritland (1999) para uso com microsatélites. Este autor destaca que o uso de métodos de reamostragem (*bootstrap*) sobre indivíduos parece solucionar a construção de intervalo de confiança para a obtenção do coeficiente de parentesco para populações naturais.

Outro método para obtenção do coeficiente de parentesco é o método da Informação (Coelho, 2001), que define os pesos para as estimativas dos parentescos médios com base na contribuição de cada alelo para o conteúdo de informação total (*sensu* Shannon) e possui características semelhantes ao método de Ritland (1996).

O método *bootstrap* foi utilizado por Coelho (2001) no desenvolvimento do programa de computador Sancho: Sistema de análise para o cálculo do coeficiente de herdabilidade e outros parâmetros, com o qual é possível calcular simultaneamente os coeficientes de parentesco de Ritland (1996), de Lynch & Ritland (1999) e o coeficiente desenvolvido pelo autor baseado no método da informação.

Este método apresenta vantagens sobre os demais quando ocorre endogamia nas populações em estudo (Coelho, comunicação pessoal). A expressão do estimador de parentesco por este método é dada por:

$$\hat{r}_{xy(\text{inf})} = \sum_l w_l \sum_i w_{il} \hat{r}_{xy(\text{inf})il}$$

Onde :

$$w_l = \frac{-\sum_i \hat{p}_{il} \log \hat{p}_{il}}{-\sum_{i,l} \hat{p}_{il} \log \hat{p}_{il}} \quad w_{il} = \frac{-\hat{p}_{il} \log \hat{p}_{il}}{-\sum_i \hat{p}_{il} \log \hat{p}_{il}}$$

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Captura e imobilização de jacarés e conservação de sangue

A captura desses animais provenientes da natureza foi feita à noite, manualmente ou com o auxílio de laço de cabo de aço, após visualização com fecho de luz intensa do tipo *sealed beam* e aproximação em barco, conforme descrito por Hutton *et. al.* (1987) e Walsh (1987). A imobilização foi mecânica, dispensando-se o uso de anestésicos ou relaxantes musculares, conforme realizado por Verdade (1997b). A marcação é realizada por anilhamento, entre os dois primeiros dedos do membro posterior direito, na membrana interdigital. O sangue foi coletado através de punção do ramo dorsal da veia cava superior, que corre no interior da coluna vertebral, conforme descrito por Olson (1975), para grandes répteis. Após a coleta, o sangue foi conservado em tampão de lise (Hoelzel, 1992), cuja composição é: 100 mM Tris-HCl, pH 8,0; 100 mM EDTA, pH 8,0; 10 mM NaCl; 0,5 % SDS (p/v).

3.2 Sítios de coleta e amostragem

Os locais de coleta de animais foram: **Banhado do Taim** no Rio Grande do Sul trata-se reconhecidamente do extremo meridional de distribuição da espécie (Medem, 1983); Rio Pereque, **Ilha do Cardoso**, Litoral Sul de São Paulo, trata-se de uma população insular, podemos considerá-la como limite oriental de distribuição da

espécie, limitada pelo oceano Atlântico; **Natal** no Rio Grande do norte, os indivíduos foram coletados no Aquário de Natal e foram encontrados a um raio de 5Km do local, **João Pessoa** na Paraíba, os indivíduos foram coletados no Zoológico de João Pessoa e foram encontrados em raio de aproximadamente 20Km do local; Lagoa Vermelha em **Alagoas**. Na região de Piracicaba/SP os indivíduos foram coletados em pequenas várzeas e açudes associados ao Rio Piracicaba e seus tributários na região centro-leste do Estado de São Paulo. Os sítios de campo, previamente estudados por Verdade (1997b) e Zucoloto (2003) foram utilizados: **Porto de Areia**, lagoa de aproximadamente 200 ha associada ao Rio Piracicaba; **Pantanal**, lagoa de aproximadamente 10 ha associada ao Riacho Aracua; **Charqueada**, açude artificial de aproximadamente 2 ha associado ao Riacho Aracua; e **Duraflora** açude artificial de aproximadamente 5 ha associado ao Riacho Pederneiras.

O número de laboratório de cada indivíduo, o número de anilhamento e o sexo dos animais estão descritos no APÊNDICE1.

Tabela 1. Populações de *Caiman latirostris* analisadas e suas coordenadas

Localidade	População	Indivíduos	Coordenadas
Lagoa vermelha - AL	AL	25	10°04'S, 36°21'W
Banhado do Taim-RS	RS	17	32°32'S, 52°23'W
Ilha do Cardoso-SP	IC	9	25°04'S, 47°55'W
João Pessoa-PB	PB	12	25°04'S, 47°55'W
Natal-RN	RN	5	5° 43' S, 35°12' W
Porto de Areia-SP	PoA	9	22° 39' S, 47°58 W
Pantanal-SP	PT	20	22° 35S, 47° 51W
CharqueadaSP	CH	12	22° 30'S, 47° 48'W
Duraflora-SP	DuF	23	22° 26'S, 48° 52' W

Figura 3 - Mapa do Brasil indicando os sítios de coleta das populações de *Caiman latirostris*

3.3 Extração do DNA

As amostras de sangue coletadas, tiveram seu DNA extraído segundo o método CTAB, que consiste em adicionar 50 µl de NaCl 5M e 40 µl do produto CTAB 10% em 200 µl da mistura (2ml de sangue em 8 ml de solução tampão). Aquecimento da solução por 10 min. à 65°C para que as proteínas sejam precipitadas enquanto o DNA fica adsorvido ao CTAB. Adiciona-se 300 µl de clorofórmio e centrifuga-se à 12000 rpm por 10 min., o sobrenadante é retirado para um tubo eppendorf limpo sem tocar na fase orgânica. O DNA é precipitado dessa solução com 300 µl isopropanol absoluto, centrifugando-se à 12000 rpm por 10 min., descartando o sobrenadante. Faz-se duas lavagens com 250 µl Etanol 70%, com centrifugações de 5 min. à 12000 rpm em cada lavagem. O pellet é seco em estufa a 37°C por 30 min. e suspenso em 50 µl de H₂O MilliQ e guardado em *freezer* à -20°C. Após a extração as amostras foram lidas em espectrofotômetro para sabermos a quantidade de DNA extraída e assim proceder as devidas diluições para proceder em seguida o PCR. O espectrofotômetro (HITACHI U-2000) foi utilizado segundo instruções do aparelho. As amostras extraídas para a genotipagem, com o protocolo de CTAB obtiveram uma média de 100 ng/µL, sendo então padronizado para a diluição de 20 ng/µL, sendo utilizados em seguida a quantidade de 5 µL em cada reação de PCR.

3.4 Otimização da Amplificação

Devido a falta de especificidade encontradas em algumas amplificação foi utilizado o *PCR optimizer Kit* (Invitrogen). O kit é constituído por tampões com concentrações de magnésio e pH diferentes, sendo que todos os tampões têm em comum 300 mM de Tris-HCl e 75 mM de Sulfato de amônio. Todos os marcadores foram testados com os tampões A, B, C, D, F, J e N, referentes ao estágio um do Kit. As condições da PCR por reação de 25µl foram padronizadas para todos os marcadores

como sendo: 1 X o tampão específico ; 0,1 mM de dNTP mix; 0,4 μ M de cada *primer*; 1U de *Taq DNA polimerase*; 100 ng de DNA e 12,77 μ l de H₂O deionizada. O termociclador foi programado segundo os passos: (1) 94°C por 3 min.; (2) 94°C por 1 min.; (3) Temperatura de anelamento do par de *primers* por 1 min. (Tabela 2); (4) 72°C por 1 min.; (5) Repetir 30 a 35 ciclos conforme o *primer* utilizado, contendo os passos 2, 3 e 4, segundo a Tabela 1; (6) 72°C por 7 min. e (7) 4°C indefinidamente.

Os *primers* da fita sense de cada microsatélite foram marcados com as fluorescências indicadas na Tabela 2. Os marcadores foram analisados no sistema do seqüenciador de DNA MegaBace 1000.

3.5 *Primers* utilizados

Foram utilizados onze pares de *primers*, sendo que quatro foram desenvolvidos por Glenn et al.(1998), a saber, *Ami* μ 8, *Ami* μ 11, *Ami* μ 13 e *Ami* μ 20, e sete marcadores foram desenvolvidos para *Caiman latirostris* (Zucoloto, 2003), *Clai* μ 2, 5, 6, 7, 8, 9 e 10, que foram selecionados por apresentarem ampliações com fácil identificação dos genótipos e segregação coerente com as leis de Mendel.

A condição de amplificação para cada par de *primer* esta descrita na Tabela 2. O Tampão A (1,5 mM MgCl₂, pH 8.5) foi padronizado para os marcadores *Ami* μ 8, *Ami* μ 11, *Ami* μ 13, *Clai* μ 2, *Clai* μ 9 e *Clai* μ 10; o tampão C (2,5 mM MgCl₂, pH 8.5) para o marcador *Clai* μ 3; O tampão F (2,0 mM MgCl₂, pH 9.0) para os marcadores *Ami* μ 20, *Clai* μ 5, *Clai* μ 7 e *Clai* μ 8 e o Tampão J (2,0 mM MgCl₂, pH 9.5) para o marcador *Clai* μ 6.

Tabela 2. *Primers* e condição de amplificação

<i>Primers</i>	Sequencia 5'-3'	°C	Ciclos
<i>Amiμ8a</i>	CCTGGCCTAGATGTAACCTTC	55	30
<i>Amiμ8b</i>	AGGAGGAGTGTGTTATTTCTG		
<i>Amiμ11a</i>	AAGAGATGTGGGTGCTGCTG	64	35
<i>Amiμ11b</i>	TCTCTGGGTCCTGGTAAAGTGT		
<i>Amiμ13a</i>	CCATCCCCACCATGCCAAAGTC	64	35
<i>Amiμ13b</i>	GTCCTGCTGCTGCCTGTCACT		
<i>Amiμ20a</i>	TTTTTCTTCTTTCTCCATTCTA	58	30
<i>Amiμ20b</i>	GATCCAGGAAGCTTAAATACAT		
<i>Clau2a</i>	CCTTCAGGACCCACTTTCTT	58	30
<i>Clau2b</i>	CGAATCCCTCTTCCCAAACCT		
<i>Clau5a</i>	GCGTAGACAGATGCATGGAA	55	30
<i>Clau5b</i>	CAGTCTGAAGCTAGGGCAAA		
<i>Clau6a</i>	GAAATATGGGACAGGGAGGA	58	30
<i>Clau6b</i>	GGTTGGCTGCATGTGTATGT		
<i>Clau7a</i>	CGGGGTCTTGGTGTGACTA	58	30
<i>Clau7b</i>	CGGGACCAGGAGCTGTATAA		
<i>Clau8a</i>	CAGCCACTGAAGGAATTGAC	55	30
<i>Clau8b</i>	CACATACCTGACCCAGCTTATC		
<i>Clau9a</i>	ACAGGGGAAAAGAAGAGCTG	60	35
<i>Clau9b</i>	AAAATCCCCCACTCTTACCC		
<i>Clau10a</i>	TGGTCTTCTCTTCGTGTCCT	60	35
<i>Clau10b</i>	ATGAGCCCCTCTATGTTTCCT		

3.6 Precipitação dos produtos da PCR

Após a amplificação, foi feita a precipitação dos produtos de PCR, que consiste de uma limpeza dos fragmentos de PCR para obtenção de melhores resultados na eletroinjeção no sequenciador MegaBace. A utilização de marcadores microssatélites marcados com fluorescências diferentes e o uso de tamanhos diferentes quando a fluorescência era a mesma, possibilitou que cada capilar do aparelho coletasse os dados da mesma amostra com três marcadores microssatélites

diferentes em cada eletroforese. O sequenciador MegaBace possui 96 capilares, possibilitando que 288 genótipos sejam coletados em cada eletroforese. A purificação dos produtos de PCR foi feita segundo o protocolo a seguir: pipetar 2,5µL do produto de PCR de cada amostra (podendo misturar até três marcadores por amostra, totalizando 7,5 µL); adicionar 1/10 do volume de produto de PCR de acetato de amônio 7,5 M; em seguida adicionar 2,5 volumes de etanol absoluto; misturar bem e deixar descansando por 30 min. no escuro; centrifugar por 30 min. a 3100 g; remover o sobrenadante por inversão; adicionar 150 µL de etanol 70%; centrifugar por 10 min. a 3100 g; remover novamente o sobrenadante por inversão; secar o precipitado por 30 min. à temperatura ambiente; ressuspender o precipitado em 4,75µL de tampão “loading solution” e 0,25 µL de marcador de peso molecular ET-ROX, segundo instruções do aparelho, e homogeneizar por um minuto para permitir a ressuspensão completa.

As placas são armazenadas em freezer -20 °C, vedadas por adesivo plástico e embrulhadas em papel alumínio até o momento da eletroforese.

3.7 Eletroforese em sequenciador automático MegaBACE e genotipagem dos animais

Foram utilizados até 3 marcadores por capilar por placa. Os marcadores que corriam juntos na eletroforese eram escolhidos de acordo com fluorescência e tamanho esperado em pares de bases. Os *primers* foram marcados com fluorescências pela marcação “FAM” e “HEX”. O padrão de peso molecular é incluído em todas as amostras para posterior cálculo do tamanho das bandas utilizado pelo programa GENETIC PROFILER e indicado pela marcação “TAMRA”. Foram colocados no início 2,5 µl de cada amostra para os microssatélites marcados com FAM, TET e HEX, além do padrão de peso molecular loading 50-500, já diluído no “loading buffer” na quantidade de 0,5 µL de padrão

de peso molecular para 4,5 μ L de tampão. Dessa solução foram misturadas 5,0 μ L com a amostra que foi precipitada e que havia sido desnaturada a 95 °C por 1 minuto e colocada imediatamente no gelo até o momento da eletroinjeção. Após otimização, as condições ideais de eletroinjeção foram 2 kv por 60 segundos, seguidos de 9 kv durante todo o tempo de corrida que foi em média 75 minutos para a entrada do último fragmento do marcador de peso molecular.

3.8 Análise dos dados

O programa estatístico Genepop version 3.1d (Raymond & Rousset, 1995) foi utilizado para testar o desequilíbrio de ligação entre pares de locos (Opção 2, subopção 1 com 1000 desmemorizações, 100 lotes de dados e 1000 iterações por lote), frequências dos alelos (Opção 5), medida de número de heterozigotos observados e de heterozigotos esperados segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg e teste exato para aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg (Opção 1, subopção 3 com com 5000 desmemorizações, 500 lotes de dados e 5000 iterações por lote) teste de diferenciação gênica entre pares de populações (Opção 3, subopção 2 com com 1000 desmemorizações, 100 lotes de dados e 1000 iterações por lote) e genotípica entre as populações entre pares de populações (Opção 3, subopção 4 com com 1000 desmemorizações, 100 lotes de dados e 1000 iterações por lote).

O calculo das estatísticas F de Wright (F_{IS} , F_{ST}), foram estimadas utilizando o programa GDA (Lewis e Zaykin, 2000).

Em locos microssatélites, o processo mutacional não está de acordo com o que se admite no modelo de alelos infinitos com baixas taxas de mutação. Por este motivo, além da estimativa do F_{ST} , foi utilizada uma análoga a ela, denominada R_{ST} (Slatkin, 1995), desenvolvida especificamente para dados de microssatélite. A estatística Rho e a distância $\delta^2\mu$ que é baseada na Rho foi estimada usando o programa RST Calc version 2.2 (Goodman, 1997) com 10000 permutações e 1000

randomizações para as populações AL, RS IC, PB, RN, PoA, Pt, CH e DuF. Para a hipótese de a colônia em cativeiro de a ESALQ estar representando bem a diversidade gênica da espécie no Brasil foi realizada uma nova análise *Rho* comparando indivíduos não aparentado desta colônia com as demais populações.

O teste de Mantel, correlacionando a matriz de diferenciação genética (R_{ST}) e a matriz de distancia geográfica calculada em linha reta, foi realizado por meio do programa NTSYS-pc 1.70 (Rohlf, 1992). Este teste foi realizado com intuito de verificar se existe correlação entre diferenciação genética e distância física.

O coeficiente de parentesco entre indivíduos foi calculado diretamente pela comparação entre os alelos de cada par de indivíduos testados, pelo método da informação usando o programa Sancho (Sistema de análise para o cálculo do coeficiente de herdabilidade e outros parâmetros), desenvolvido por Coelho (2001).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Variação Genética

Os indivíduos selvagens provenientes das regiões AL, RS, IC, PB, RN, PoA, Pt, CH e DuF e os seis indivíduos da colônia em cativeiro da ESALQ foram genotipados com os marcadores *Amiμ*08, 11, 13, 20, *Claiμ*2, 05, 06, 07, 08, 09, 10 e os seus genótipos são apresentados no APÊNDICE 2.

No total foram genotipados 132 indivíduos em nove populações naturais de *Caiman latirostris*. O número de alelos encontrados foi de 166, considerando todas as populações. As diferenças quanto à presença e frequências dos alelos estão no Anexo 1. Os totais de alelos por marcador foram *Amiμ*8 (2 alelos), *Amiμ*11 (9 alelos), *Amiμ*13 (16 alelos), *Amiμ*20 (18 alelos), *Claiμ*2 (20 alelos), *Claiμ*5 (19 alelos), *Claiμ*6 (14 alelos), *Claiμ*7 (12 alelos), *Claiμ*8 (16 alelos), *Claiμ*9 (20 alelos), *Claiμ*10 (20 alelos). Dos 166 alelos possíveis, considerando todos os marcadores, as populações apresentaram: AL (74 alelos), RS (46 alelos), IC (47 alelos), PoA (40 alelos), PT (58 alelos), CH (56 alelos) e DuF (55 alelos), demonstrando como se distribui a variabilidade nestas populações. Em estudos anteriores com a espécie amostrada no Estado de São Paulo, foi encontrado um total de 142 alelos, sendo assim vinte e quatro alelos neste estudo são novos.

Alguns alelos de algumas populações são exclusivos como pode ser observado na Tabela 3.

Tabela 3. Alelos exclusivos encontrados nas nove populações de *Caiman latirostris*

Pop	Locos	Alelo	frequência	Pop	Locos	Alelo	frequência
AL	<i>Amiμ11</i>	225	0,040	IC	<i>Clamu10</i>	264	0,056
AL	<i>Amiμ20</i>	162	0,020	IC	<i>Clamu10</i>	268	0,111
AL	<i>Clamu2</i>	209	0,080	IC	<i>Clamu10</i>	274	0,222
AL	<i>Clamu2</i>	243	0,020	IC	<i>Clamu10</i>	272	0,222
AL	<i>Clamu2</i>	211	0,020	PT	<i>Amiμ13</i>	254	0,475
AL	<i>Clamu5</i>	157	0,120	PT	<i>Amiμ20</i>	108	0,026
AL	<i>Clamu6</i>	127	0,020	PT	<i>Amiμ20</i>	106	0,026
AL	<i>Clamu6</i>	131	0,020	PT	<i>Amiμ20</i>	146	0,026
AL	<i>Clamu6</i>	231	0,100	PT	<i>Clamu2</i>	241	0,175
AL	<i>Clamu7</i>	185	0,360	PT	<i>Clamu5</i>	161	0,025
AL	<i>Clamu8</i>	113	0,180	PT	<i>Clamu7</i>	247	0,050
AL	<i>Clamu8</i>	103	0,560	PT	<i>Clamu8</i>	133	0,175
AL	<i>Clamu9</i>	153	0,040	PT	<i>Clamu8</i>	149	0,025
AL	<i>Clamu9</i>	143	0,040	PT	<i>Clamu10</i>	248	0,025
AL	<i>Clamu9</i>	141	0,020	PT	<i>Clamu10</i>	244	0,250
CH	<i>Amiμ11</i>	243	0,042	PoA	<i>Amiμ20</i>	116	0,056
CH	<i>Amiμ20</i>	140	0,045	PoA	<i>Clamu5</i>	187	0,167
CH	<i>Clamu6</i>	161	0,042	PoA	<i>Clamu7</i>	227	0,056
DuF	<i>Amiμ20</i>	120	0,023	PoA	<i>Clamu7</i>	223	0,055
DuF	<i>Amiμ20</i>	164	0,045	PB	<i>Amiμ11</i>	217	0,083
DuF	<i>Clamu6</i>	219	0,043	PB	<i>Amiμ13</i>	274	0,083
DuF	<i>Clamu7</i>	213	0,043	PB	<i>Clamu2</i>	213	0,125
DuF	<i>Clamu9</i>	179	0,234	PB	<i>Clamu5</i>	197	0,042
IC	<i>Amiμ13</i>	256	0,055	RN	<i>Clamu2</i>	225	0,100
IC	<i>Clamu2</i>	239	0,1111	RN	<i>Clamu2</i>	219	0,300
IC	<i>Clamu2</i>	237	0,3333	RN	<i>Clamu10</i>	206	0,100
IC	<i>Clamu5</i>	203	0,0555	RS	<i>Clamu6</i>	241	0,088
IC	<i>Clamu5</i>	215	0,111	RS	<i>Clamu8</i>	141	0,205
IC	<i>Clamu5</i>	159	0,500	RS	<i>Clamu9</i>	167	0,088
IC	<i>Clamu8</i>	105	0,222				

Segundo Frankel e colaboradores (1996), a maior equidade nas frequências dos alelos numa população, seria um indicador de maior diversidade genética.

Populações que apresentam maior diversidade estariam mais protegidas dos efeitos de deriva do que as que têm alelos muito menos frequentes do que outros, que estariam mais susceptíveis de serem perdidos. Embora tenham sido encontrados alelos privados de cada população, uma amostragem maior em cada local poderia revelar maior uniformidade de presença dos alelos encontrados em todas populações.

Figura 4 - Número de alelos exclusivos, identificados por microssatélites, em nove populações de *Caiman latirostris*

Como podemos observar foram detectado vários alelos exclusivos dentro das populações e alguns ocorrem com determinada frequência, fato interessante para identificação forense (identificação da origem de carne, couro ou de determinado indivíduo).

Os onze locos microssatélites usados nas análises genéticas efetuadas nesse trabalho detectaram níveis elevados de diversidade alélica em todas as populações de *Caiman latirostris*, confirmando o elevado conteúdo de informação genética esperado

para este tipo de marcador, em estrutura genética de populações. O conhecimento da distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações naturais é muito interessante para a adoção de estratégias eficientes para conservação e plano de manejo.

4.2 Diferenciação gênica e genotípica

A diferenciação gênica e genotípica para todos os pares de populações amostradas são apresentadas no APÊNDICE 3. Os testes mostraram que, de maneira geral, todas as populações diferem entre si. Algumas diferenças não significativas em algumas comparações merecem ser analisadas mais detalhadamente. Na maioria das vezes que ocorreu diferença gênica significativa entre duas populações, esta foi acompanhada de diferença genotípica significativa. As diferenças encontradas entre as populações é melhor estudada usando estatísticas *Rho*.

4.3 Heterozigosidade observada (H_o), diversidade gênica (H_e) e teste exato para equilíbrio de Hardy-Weinberg

Para os 11 locos analisados, as populações apresentaram níveis elevados de diversidade gênica ou heterozigosidade esperada (H_e), variando entre 0,559 (RS) e 0,673 (CH), nesta análise foi acrescentado indivíduos da população mantida em cativeiro da ESALQ e esta apresentou maior diversidade gênica (0,738), o que era de se esperar pois os seus fundadores são provenientes de diversas regiões brasileiras. A heterozigosidade observada (H_o) variou entre 0,487 (IC) e 0,687 (PoA), Tabela 4.

Em razão da heterozigosidade média observada ter sido inferior a heterozigosidade esperada em quase todas as populações, ficou caracterizado a presença de excesso de homozigotos. O aumento de homozigotos indicou a possível existência de um processo endogâmico, decorrente de desvio de panmixia, e/ou

deriva genética, em razão da fragmentação da população original, ou efeito do fundador.

A média de alelos por loco foi também considerada alta. O índice de fixação médio de todas as dez populações ($f = 0,096$) revelou um nível relativamente baixo de endogamia, indicando pouco desvio de panmixia devido ao sistema reprodutivo, ou seja pouca endogamia dentro destas populações. A população com maior nível de endogamia ($f = 0,208$) foi a de Alagoas, cujo índice foi significativo, apesar de apresentar a maior riqueza alélica de todas as populações.

Tabela 4. Estimativa da diversidade gênica (h), heterozigosidade observada (H_o) e Índice de fixação (f)

População	h	H_o	f
AL	0,613	0,487	0,208
RS	0,559	0,508	0,094
IC	0,580	0,485	0,172
PB	0,584	0,492	0,162
RN	0,673	0,582	0,150
PoA	0,629	0,687	-0,098
CH	0,673	0,612	0,096
DuF	0,580	0,553	0,046
PT	0,649	0,589	0,095
CAT	0,738	0,682	0,084
Média	0,628	0,568	0,096

Considerando o tamanho das amostras, apenas os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg ocorridos ao nível de 1 % serão analisados como importantes. Os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg (Anexo 2), quando ocorrerem foram na maioria característicos das populações e não dos marcadores. Houve deficiência significativa de heterozigotos ($p \leq 0,01$) na população AL para o marcador *Clau2*,

Clam5, *Clam6*, *Clam7* e *Clam9*, RS para *Clam7*, *Clam8* e *Clam9*, PB para o marcador *Clam9*, PoA para *Clam2*, PT para os marcadores *Ami20*, *Clam2* e *Clam6*, CH para os marcadores *Ami11* e *Clam2*, DuF para os marcadores *Ami20* e *Clam6*. As populações IC e RN não apresentaram desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg ao nível de 1 % para nenhum marcador. Na maioria das vezes que houve o desvio do equilíbrio, a heterozigosidade esperada foi maior que a observada mostrando assim uma deficiência de heterozigotos nas populações, apenas houve excesso de heterozigotos ($p \leq 0,01$) nas populações RS, CH e DuF com o marcador *Ami11*, população PT com o marcador *Clam7* e população DuF com o marcador *Clam9*.

4.4 Estrutura Genética

O valor R_{ST} estimado foi de 0,342 e o F_{ST} foi de 0,271. As duas estimativas foram significativamente diferentes de zero ao nível de 1 %. Estas duas medidas de estruturação genética foram aqui consideradas em função de que as duas estimativas possuem importantes vantagens e quando comparadas numericamente, acredita-se ser possível detectar se houve problemas de erros durante a genotipagem dos marcadores microssatélite.

Enquanto o valor F_{ST} é baseado na probabilidade de identidade por descendência através do modelo de *alelos infinitos* (infinite allele model), a estatística R_{ST} considera o modelo de *mutação aos passos* (stepwise mutation model) onde os alelos podem ser idênticos por estado, apenas porque a mutação agiu aumentando ou diminuindo o tamanho dos alelo unidades repetitivas (Rousset, 1996).

De acordo com Slatkin (1995), este segundo modelo é mais apropriado para análise de locos com taxas de mutação elevada, como é o caso dos microssatélites.

Em estudo com duas populações de *Alligator mississippiensis* originárias do *Rockfeller Wild Refuge* (RWR) no Estado da Louisiana e do *Everglades National*

Park no Estado da Florida, também foi encontrado divergências entre estas duas populações (Glenn, 1998). Os totais para onze locos analisados foram $R_{ST} = 0,387$ e $F_{ST} = 0,137$.

A incorporação do *stepwise model* ao cálculo do índice de divergência entre populações proposto por Slatkin (1995), foi capaz de detectar melhor a divergência entre as duas populações estudadas. Isto provavelmente deveu-se ao fato de que neste modelo os alelos com tamanhos próximos são considerados mais semelhantes do que aqueles com tamanhos muito diferentes, evidenciando sua vantagem em relação as estatísticas F , quando o marcador estudado é microssatélite. Em nossas análises foi considerada apenas a estimativa R_{ST} para discussões, já que esta detectou melhor a divergência entre populações.

A estimativa de Rho foi alta na maioria dos locos utilizados indicando que há uma grande diferenciação entre estas populações, como pode ser observado na Tabela 5.

Tabela 5. Estatísticas Rho para as populações estudadas

Locos	$2n$	Média da amostra	SA	SW	Rho
<i>Amiμ08</i>	132	28,610	0,411	0,778	0,346
<i>Amiμ11</i>	132	28,610	0,084	0,987	0,078
<i>Amiμ13</i>	132	28,610	0,274	0,906	0,232
<i>Amiμ20</i>	129	27,965	0,133	0,767	0,148
<i>Clau02</i>	120	25,842	0,701	0,311	0,692
<i>Clau05</i>	131	28,412	0,031	1,330	0,023
<i>Clau06</i>	126	27,044	0,434	0,530	0,450
<i>Clau07</i>	132	28,610	0,516	0,529	0,494
<i>Clau08</i>	124	26,714	0,203	0,717	0,221
<i>Clau09</i>	132	28,610	0,683	0,387	0,638
<i>Clau10</i>	124	26,798	0,531	0,434	0,550
Média			0,364	0,698	0,342

Obs.: Número de permutações igual a 10000, $2n$ – Número de alelos amostrados, SA – Variação total considerando todas as populações, SW – Variação dentro de cada população, Rho – Variação entre as populações.

Com base nos dados deste onze locos polimórficos verificou-se que 34,2 % da variabilidade genética encontra-se entre populações e 65,8% está dentro

população, pois a média de *Rho* calculada sobre componentes de variação foi 0,342 (Tabela 6). Esse resultado foi indicativo que as populações de *C. latirostris* estudada encontra-se em forte processo de diferenciação. Espécie com ampla distribuição geográfica freqüentemente desenvolvem populações adaptadas localmente que, na maioria das vezes, são geneticamente distintas.

Esta média é considerada como alta. A estatística *Rho* teve seu intervalo de confiança estimado para o nível de 95% construído com 1000 *bootstrap*, método de reamostragem onde pares de indivíduos foram a unidade de reamostragem. O conhecimento da distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações naturais é muito interessante para a adoção de estratégia eficiente para conservação e plano de manejo.

Tabela 6. Resultados das estatísticas *Rho* sobre os componentes de variação

<i>Rho</i>	<i>Rho</i> observado	IC 95 %		Média de <i>Rho</i>	Variância	Erro padrão
		inferior	superior			
	0,34268	0,3412	0,3977	0,3686	0,00000	0,0012

Obs.: Número de randomizações igual a 1000.

As estimativas foram estaticamente diferente de zero para maior parte das comparações par a par entre as populações estudadas (Tabela 4), indicando assim uma subdivisão entre estas populações, exceção feita a comparação entre a população de Natal (RN) e a população de João Pessoa (PB), onde observamos o valor de R_{ST} igual a -0,009, mostrando que não há diferença genética entre estas duas populações. Estes resultado podem ser confirmados pelas diferenças gênica e genotípica encontradas entre pares destas populações (APÊNDICE 3).

As estatísticas *Rho* e a distância $(\delta\mu)^2$ foram calculados para cada par de populações (Tabela 6). A maioria das comparações entre pares destas populações foi significativa ao nível de 1 %, mostrando que há uma alta variabilidade genética entre as populações, com exceção da comparação entre PB e RN como destacado anteriormente.

Tabela 7. Valores de Rho e $(\delta\mu)^2$ comparando as populações de *Caiman latirostris*

POP1	POP2	Rho	P	$(\delta\mu)^2$	DG
RN	PB	0,0092	0,04540*	0,0733	157
PT	CH	0,11439	0,00090**	0,30612	12
PoA	DuF	0,11458	0,00240**	0,20776	95
CH	DUF	0,13777	0,00010**	0,28434	110
POA	CH	0,16754	0,00080**	0,39396	26
AL	PB	0,20176	0,00000**	0,31918	365
AL	RN	0,20640	0,00140**	0,34907	467
RS	RN	0,21842	0,00160**	0,36888	3466
PoA	PT	0,21960	0,00000**	0,52121	15
RS	PB	0,25418	0,00010**	0,41554	3352
PB	CH	0,26470	0,00000**	0,61749	2197
PT	DUF	0,27313	0,00000**	0,60622	105
RN	CH	0,28681	0,00040**	0,69820	2299
AL	RS	0,29476	0,00000**	0,43106	2986
RS	CH	0,30133	0,00000**	0,65187	1199
RN	PT	0,30725	0,00050**	0,76988	2311
PB	PoA	0,31027	0,00000**	0,64257	2223
RS	PT	0,31289	0,00000**	0,69575	1187
RN	PoA	0,31616	0,00110**	0,67215	2325
PB	PT	0,31711	0,00000**	0,78866	2209
RS	PoA	0,36062	0,00000**	0,69465	1175
AL	CH	0,36708	0,00000**	0,86517	1840
AL	IC	0,36893	0,00000**	0,94985	2062
IC	RN	0,40154	0,00010**	1,18714	2535
PB	DuF	0,40633	0,00000**	0,84143	2266
RS	DuF	0,40702	0,00000**	0,73135	1170
RN	DuF	0,40863	0,00000**	0,85342	2363
IC	PT	0,41885	0,00000**	1,50790	273
AL	PT	0,42876	0,00000**	1,13130	1851
IC	PB	0,42916	0,00000**	1,34450	2425
AL	POA	0,42983	0,00000**	0,92062	1866
RS	IC	0,46264	0,00000**	1,35540	935
IC	CH	0,46803	0,00000**	0,17900	284
AL	DuF	0,47369	0,00000**	0,96357	1912
IC	PoA	0,52097	0,00000**	1,91680	247
IC	DuF	0,54546	0,00000**	1,94610	307

Número de permutação igual a 10000, DG = Distância Geográfica em Km.

Os dados da Tabela 7 foram organizados em ordem crescente de diferenciação *Rho* entre os pares de populações. Desta forma pode-se dizer que as populações mais isoladas geneticamente são IC e DuF com *Rho* igual a 0,545 e com distância geográfica igual 307 Km, o que sugere previamente que a variação genética não está acompanhando a distância geográfica. O par mais próximo foi PB e RN com *Rho* igual a -0,0092 e com distância geográfica igual 157Km. A diferença genética não significativa entre PB e RN indica que pode estar havendo um fluxo gênico entre estas populações e elas não estão isoladas por distância.

As diferenciações encontradas em populações próximas geograficamente como DuF, PoA, CH e Pt eram esperadas como descrito por Zucoloto (2003) e previamente discutido em Verdade et. al. (2002), onde os autores concluíram que o cenário que melhor explica a variação microgeográfica encontrada é o de metapopulações pequenas com pouco fluxo de indivíduos entre elas dificultando o fluxo gênico e fazendo com que as frequências de alelos e de genótipos se diferenciem entre as populações ao longo do tempo.

As demais populações onde a distância geográfica é alta, apresentaram alto valor de *Rho* o que indica grande divergência entre as populações e fluxo gênico restrito. Estes resultados sugerem que as populações estudadas estão sofrendo os efeitos da deriva genética devido à ausência de fluxo, causada pelo isolamento por distância.

O intervalo de confiança de 95 % para a estimativa das estatísticas *Rho* para os pares de populações testadas foi construído com 1000 randomizações e como pode ser observado na Tabela 8, tanto as medidas observadas quanto a média destas estimativas ficaram dentro do intervalo construído.

Tabela 8 - Resultados das estatísticas Rho calculados sobre os componentes de variação para as populações de *Caiman latirostris* estudadas

Pop1	Pop2	Rho observado	IC 95 %		Média de Rho	Variância	Erro padrão
			Inferior	Superior			
AL	RS	0,29476	0,2565	0,3689	0,3110	0,00002	0,0043
AL	IC	0,36893	0,3303	0,4668	0,3966	0,00004	0,0059
AL	PB	0,20176	0,1507	0,3229	0,2270	0,00005	0,0070
AL	RN	0,20640	0,1462	0,4134	0,2584	0,00015	0,0123
AL	PoA	0,42983	0,3982	0,5030	0,4502	0,00002	0,0047
AL	Pt	0,42876	0,3762	0,5181	0,4469	0,00003	0,0054
AL	CH	0,36708	0,3293	0,4452	0,3853	0,00002	0,0047
AL	DuF	0,47369	0,4268	0,5379	0,4844	0,00002	0,0040
RS	IC	0,46264	0,4429	0,5482	0,4881	0,00003	0,0053
RS	PB	0,25418	0,1705	0,4051	0,2821	0,00012	0,0108
RS	RN	0,21842	0,2164	0,3740	0,2775	0,00008	0,0087
RS	PoA	0,36062	0,3349	0,4498	0,3857	0,00003	0,0058
RS	PT	0,31289	0,2637	0,4092	0,3341	0,00004	0,0061
RS	CH	0,30133	0,2596	0,3869	0,3240	0,00003	0,0058
RS	DuF	0,40702	0,3692	0,4793	0,4223	0,00002	0,0043
IC	PB	0,42916	0,3974	0,5403	0,4583	0,00006	0,0078
IC	RN	0,40154	0,3944	0,5345	0,4486	0,00009	0,0092
IC	PoA	0,52097	0,4911	0,6113	0,5455	0,00005	0,0071
IC	Pt	0,41885	0,3722	0,5211	0,4439	0,00005	0,0068
IC	CH	0,46803	0,4378	0,5476	0,4897	0,00004	0,0061
IC	DuF	0,54546	0,5198	0,6242	0,5645	0,00002	0,0046
PB	RN	-0,00929	-0,0325	0,2235	0,0687	0,00024	0,0154
PB	PoA	0,31027	0,2457	0,4425	0,3390	0,00012	0,0108
PB	PT.	0,31711	0,2719	0,4167	0,3420	0,00004	0,0065
PB	CH	0,26470	0,2281	0,3551	0,2900	0,00005	0,0070
PB	DF	0,40633	0,3444	0,5157	0,4247	0,00005	0,0074
RN	PoA	0,31616	0,2816	0,4711	0,3699	0,00015	0,0124
RN	Pt	0,30725	0,2331	0,4682	0,3480	0,00015	0,0121
RN	CH	0,28681	0,2595	0,4095	0,3322	0,00009	0,0095
RN	DuF	0,40863	0,3821	0,5347	0,4503	0,00005	0,0073
PoA	Pt	0,21960	0,1474	0,3558	0,2469	0,00009	0,0097
PoA	CH	0,16754	0,1087	0,3106	0,1997	0,00013	0,0114
PoA	DuF	0,11458	0,0609	0,2454	0,1446	0,00007	0,0083
Pt	CH	0,11439	0,0710	0,2299	0,1418	0,00005	0,0071
Pt	DuF	0,27313	0,2120	0,3802	0,2930	0,00004	0,0066
CH	DuF	0,13777	0,0946	0,2561	0,1590	0,00005	0,0068

Obs.: Número de randomizações : 1000

O padrão de diferenciação genética entre as nove populações de *Caiman latirostris* e a população de cativeiro da ESALQ foram definidos pelo critério de agrupamento UPGMA, resultando em um dendrograma apresentado na figura 5, cujo teste de associação entre a matriz de diferenciação genética (R_{ST}) e a respectiva matriz cofenética obtida foi de $r = 0,93$ e probabilidade de Z aleatório ser menor que o Z observado $p = 1.0000$. Sob 9999 permutações o modelo respondeu com a consistência de 9999 terem sido menores que Z, 0 iguais a Z e 0 maiores que Z, com a comparação observada não incluída nesta contagem e desta forma o teste unicaudal foi $p(Z \text{ aleatório} \geq Z) = 0,0001$, indicando que a árvore de diferenciação explica 93% dos dados da matriz original (Rho).

Figura 5 - Padrão de diferenciação genética obtido pela estatística Rho entre as populações de *Caiman latirostris* definidos pelo critério de agrupamento UPGMA

A população do litoral (IC) mesmo não estando muito distante geograficamente das populações paulista apresentou maiores índices de diferenciação, indicando que a serra do mar possivelmente esta agindo como barreira geográfica, impedindo este fluxo ao longo do tempo, levando a um isolamento que parece maior do que seria resultado apenas da distância geográfica.

Com estes dados o que podemos dizer em relação à população de cativeiro da ESALQ é que esta população se agrupa com as populações da região de Piracicaba e apresenta altos valores de diferenciação em relação às demais populações, assim inferimos que não está representando a diversidade genética da espécie como um todo no Brasil, o que era esperado, pois com uma diferenciação genética tão grande como encontrada nestas populações, somente se fosse amostrado alguns individuo de cada região teríamos uma boa representatividade.

Podemos dizer que a população de Cativeiro está representando bem a diversidade das populações da região de Piracicaba e como mencionado anteriormente possui uma alta diversidade genética, maior do que todas as populações estudadas.

4.5 Correlação entre distância geográfica e variação genética

Para verificar se haviam correlação entre distância geográfica e diferenciação genética, submeteu-se as matrizes dessas distância ao teste de Mantel. O coeficiente de correlação obtido foi baixo e não significativo ($r = 0,236$, $p = 0,1119$) indicando que não há correlação significativa entre as matrizes (Figura 6A).

Esta análise de correlação entre as matrizes de distância geográfica e genética foi novamente realizada retirando-se a população da Ilha do Cardoso (IC), pois no caso desta população, a Serra do Mar parece ser uma barreira eficiente, o que poderia estar “mascarando” o possível efeito da distância genética entre as outras populações dispostas ao longo do gradiente latitudinal da espécie (Figura 6B).

Figura 6 - Gráfico de correlação entre as matrizes de distância geográfica e diferenciação genética (*Rho*). Todas as nove populações de *Caiman latirostris* incluídas na análise (A); retirando-se a população da Ilha do Cardoso(B)

Quando retirou-se a população da ilha do Cardoso nesta análise (Figura 6B) o teste de associação entre a matriz de diferenciação genética (*Rho*) e a matriz de distância geográfica teve índice de correlação $r = 0,540$, $p = 0,0110$ indicando que há correlação moderada significativa entre as matrizes, onde pode ser notado um maior padrão espacial da variabilidade genética. Esta correlação positiva entre as matrizes de divergência genética e distância geográfica indica que o modelo de isolamento por distância explica 54% da divergência genética entre as populações. Desta forma podemos ter uma idéia de como o fluxo genico age em relação a escala geográfica .

4.6. Estimação dos coeficientes parentesco

A estimativa de coeficientes de parentesco entre pares de indivíduos foi calculada pelo método de Informação utilizando o programa SANCHO (Coelho, 2001). Este método foi utilizado neste trabalho, pois possui a vantagem de considerar a existência de endogamia nas populações.

A presença de alguns irmãos dentro de populações foi constatada, mas estes indivíduos não foram eliminados para análises posteriores, pois pode-se perder mais com a eliminação de um indivíduo do que trabalhar com possíveis erros na estimativa alélica, já que em algumas populações o número amostral é reduzido (Coelho, comunicação pessoal).

Zucoloto (2003), agrupou os indivíduos da colônia em cativeiro, pelo método UPGMA utilizando o parentesco de Coelho (2001) e como o parentesco em cativeiro já era conhecido o autor identificou que os irmãos completos se agrupavam com valor alto de parentesco (0,236 – 0,259) e os indivíduos que tinham parentesco paterno ou materno se agrupavam com valores de 0,082 a 0,133. Isto tornou a análise capaz de identificar pares de indivíduos irmãos completos na natureza em amostragem de indivíduos com idades muito próximas, só que não é possível identificar é a relação de paternidade, maternidade ou outra relação de parentesco originária de diferentes gerações amostradas.

Com estes dados de referência podemos ter uma estimativa do parentesco entre e dentro das nove populações estudadas. Na tabela 9 temos as médias dos parentescos encontrado nas populações estudadas.

Tabela 9. Médias dos parentescos encontrado nas nove populações de *Caiman latrostris* estudadas.

Categoria	Parentesco médio
indivíduo, com ele mesmo	0,497
irmãos germanos	0,245
meios irmãos	0,113
outros	-0,082

As médias dos coeficientes de parentesco entre as nove populações foram todas negativas, indicando assim que o parentesco médio entre estas populações pode ser considerado como nulo, o que era esperado devido a grande diferenciação genética encontrada.

O parentesco foi baixo mesmo entre os indivíduos das populações de João Pessoa (PB) e Natal (RN), onde a diferenciação genética não foi significativa. Entretanto mesmo o parentesco médio destas populações sendo negativo observamos agrupamento de alguns indivíduos, indicando assim parentesco entre eles .

Na Figura 7 podemos observar que os indivíduos 7, 8 e 9 da população de João Pessoa (PB) estão agrupados com os indivíduos 2 e 4 da população de Natal (RN), com o coeficiente de parentesco de aproximadamente 0,12. Este coeficiente de parentesco esta entre o parentesco de de 0,082 a 0,133 encontrado por Zucoloto (2003) para indivíduos que tinham parentesco paterno ou materno, confirmando assim migração destes indivíduos de uma população para outra .

Figura 7 - Parentesco entre as populações de *Caiman latirostris* de João Pessoa (PB) e Natal (RN)

Os parentescos dentro das populações foram agrupados pelo método UPGMA para cada uma das nove populações e estão apresentados na forma de dendrograma (Figuras 8 a 16), deste modo podemos avaliar como se distribui o parentesco dentro das nove populações estudadas.

Como consequência das observações anteriores, indivíduos que se apresentam agrupados com elevado nível de parentesco no dendrograma, devem ser pais e filhos (coeficientes superiores a 0,082) ou irmãos (coeficientes superiores a 0,236), estas informações têm que ser aliadas a informações de campo para que haja uma melhor interpretação de parentesco entre os indivíduos.

Na figura 8, referente ao Parentesco dos indivíduos da população da Ilha do Cardoso, observou-se um agrupamento entre os indivíduos 2, 3 e 4 com o coeficiente de parentesco superior a 0,24, indicando assim que estes indivíduos são irmãos, fato confirmado pelos dados de campo onde os indivíduos capturados apresentaram a mesma coordenadas geográficas, o mesmo sexo e os tamanhos foram aproximadamente os mesmos (Tabela 10). Os agrupamentos superiores a 0,24 também foram confirmados com os dados de campo para indivíduos da população de João Pessoa (Tabela 11), pois os indivíduos que se agruparam foram amostrados no mesmo sítio e apresentavam aproximadamente o mesmo peso. Os indivíduos que foram considerados irmãos, estão em negrito nas tabelas 10 e 11. Alguns indivíduos não tiveram os dados de campo coletado não podendo assim ser aliados para confirmar o parentesco.

O método de agrupamento de indivíduos por UPGMA utilizando o parentesco de Coelho (2001), parece estar correspondendo as relações de parentesco entre estes indivíduos, pois todos os coeficientes altos de parentesco que tinham os dados de campo coletado, foram confirmados.

Figura 8 - Parentesco dentro da População de *C. latirostris* da Ilha do Cardoso (IC)

Tabela 10. Dados de campo dos indivíduos da população da Ilha do Cardoso (IC)

Studbook	Ind.	SEXO	SVL	TTL	PESO (Kg)	Latitude - Longitude
USP416	1	Macho	21.6	41.0	0,110	25°04.574'S - 47°54.913'W
USP417	2	Macho	20.4	41.0	0,151	25°04.569'S - 47°54.952'W
USP418	3	Macho	20.9	41.0	0,158	25°04.569'S - 47°54.952'W
USP419	4	Macho	21.4	36.5	0,149	25°04.569'S - 47°54.952'W
USP420	5	Macho	19.6	39.8	0,140	25°04.569'S - 47°54.952'W
USP421	6	Macho	19.6	39.5	0,131	25°04.569'S - 47°54.952'W
USP415	7	Macho	19.0	38.9	0,134	25°04.569'S - 47°54.952'W
USP422	8	Fêmea	80.5	148.5	15,0	25°04.183'S - 47°54.987'W
USP426	9	Fêmea	88.0	164.0	22,0	25°04.081'S - 47°54.084'W

SVL = comprimento fucinho-cloaca; TTL = comprimento total; Ind. =indivíduo

Figura 9 - Parentesco dentro da População de *C. latirostris* de João Pessoa (PB)

Tabela 11. Dados de campo dos indivíduos da população de João Pessoa.

Studbook	Indivíduos	SEXO	SVL (cm)	TTL (cm)	PESO (Kg)
A	1	Macho	-	-	0,200
B	2	Macho	-	-	0,165
B	3	Macho	-	-	0,170
B	4	Macho	-	-	0,140
C	5	Macho	-	-	0,070
C	6	Macho	-	-	0,055
C	7	Macho	-	-	0,050
USP355	8	Fêmea	93,0	182,0	27,5
USP356	9	Macho	105,5	204,5	-
USP357	10	Macho	88,5	166,0	-
USP358	11	Macho	111,0	213,0	-
-	12	Macho	-	-	-

SVL = comprimento fucinho-cloaca; TTL = comprimento total; B=animais coletados na ninhada B, C= animais coletados na ninhada C

Figura 10 - Parentesco dentro da População de *C. latirostris* do Banhado do Taim (RS)

Figura 11 - Parentesco dentro da População de *Caiman latirostris* de Natal (RN)

Figura 12 - Parentesco dentro da População de *C. latirostris* da Lagoa Vermelha (AL)

Figura 13 - Parentesco dentro da População de *Caiman latirostris* de Pantanal (Pt)

Figura 14 - Parentesco dentro da População de *C. latirostris* de duraflora (DuF)

Figura 15 - Parentesco dentro da População de *C. latirostris* de Charqueada (CH)

Figura 16- Parentesco dentro da População de *C. latirostris* de Porto de Areia (PoA)

Figura 17 - Parentesco entre os indivíduos da colônia em cativeiro da ESALQ

O nível de parentesco médio encontrado entre indivíduos de uma mesma população sempre foi baixo, na maioria das vezes negativos. Isto sugere que as populações provavelmente originaram-se de muito poucos indivíduos aparentado.

A tabela 10 e 11 mencionado anteriormente descreve o número de laboratório, o código do anilhamento, o sexo e tamanho de cada animal amostrado. O coeficiente de parentesco aliado a estes dados de campo confere maior eficácia as análises.

A identificação de parentesco entre indivíduos na natureza é muito importante para entender sua estrutura social. O conhecimento do parentesco entre indivíduos de populações naturais é considerado um refinamento da análise genética populacional, uma vez que pode auxiliar sobremaneira estudos de conservação, podendo auxiliar no estabelecimento de áreas de coleta, de maneira que a amostragem de indivíduos seja realizada entre aqueles menos aparentados. Assim, uma maior variabilidade genética pode ser mantida nas populações em cativeiro.

Estas análises também são muito úteis para seleção genética de matrizes e reprodutores, pois com menor relação genética de parentesco, diminui a possibilidade de perda de variabilidade genética e ainda possibilita a certificação de origem de filhotes.

5 CONCLUSÕES

- Os resultados obtidos demonstram a existência de alta variabilidade genética na espécie, ressaltada pelo elevado número de alelo por loco, alto nível de heterozigotos, e divergência entre as populações;
- A população paulista mesmo estando na zona intermediária de distribuição geográfica no Brasil não possui a maior variabilidade genética;
- A colônia em cativeiro da ESALQ representa bem a diversidade genética da espécie da região de São Paulo;
- A divergência entre as populações indica um processo preliminar de diferenciação. Esta divergência é mais acentuada em relação a população da Ilha do Cardoso, sugerindo que a distância genética entre a população do litoral e do interior é afetada pela existência da Serra do Mar como possível barreira geográfica;
- A divergência genética entre as populações acompanha em parte a distância geográfica, em termos de gradiente latitudinal. Isto sugere uma leve estruturação no espaço da variabilidade genética. Esta variabilidade provavelmente foi gerada por deriva e fluxo a pequenas distâncias.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

As implicações dessas análises de caracterização genética por meio de marcadores moleculares são importantes para o estudo de conservação, pois se uma espécie se apresenta estruturada em determinada área, então a estratégia de conservação deve procurar preservar a diversidade da espécie naquela área, uma vez que possíveis adaptações locais se perderiam caso uma população fosse misturada com outras. Então para estudos de recolonização ou conservação desta espécie (*Caiman latirostris*) não deve-se levar em conta somente a espécie, mas também as unidades de manejo, que no caso são as subpopulações diferenciadas geneticamente.

Em nossos estudos encontramos que as populações de *Caiman latirostris* estão estruturadas ($R_{ST} = 0,342$) e foi indicado uma relação entre diferenciação e distância geográfica ao longo de um transecto entre as latitudes de 5 e 32 graus sul, desde Rio Grande do Sul até o Rio Grande do Norte. A consequência para a conservação dessa espécie é que a preservação dos habitats deve ser feita ao longo da sua distribuição e se políticas de reintrodução forem necessária um dia, elas devem ser feitas a partir de estoques reprodutores específicos para cada região (estoque autóctones).

Os marcadores microsatélites revelaram grande variação em cada uma das nove populações estudadas. Além disso, as populações apresentaram significativo grau de diferenciação e presença de alelos exclusivos o que pode ser utilizado em identificação forense para indicar populações ou regiões da qual indivíduos coletados são provenientes.

Com os dados gerados pelos genótipos individuais pode-se começar a entender com detalhe o sistema reprodutivo e dinâmica social de populações locais. Estas informações podem ser utilizadas para determinar o tamanho efetivo da população,

estrutura reprodutiva e outras medidas relevante de determinada população, que podem auxiliar no uso sustentável das populações de crocodilianos que atualmente mantém número suficiente para suportar a pressão de caça.

Outros estudos podem ser realizados para resposta de perguntas relevantes como: Qual a magnitude da variabilidade e divergência dentro e entre populações no gradiente Longitudinal ?. O fluxo gênico e a variabilidade genética é limitada em diferentes rios e Bacias hidrográficas (S. Francisco, Paraná, bacias costeiras, Bolívia) ou variação microgeográfica (microbacias)?. Existem híbridos interespecíficos de *Caiman latirostris* e *Caiman yacare* na borda oriental do Pantanal ?

Como percebemos, esta classe de marcador molecular pode apontar informações sobre variabilidade genética, mecanismos reprodutivos, parentesco, migração, tamanho efetivo populacional, distribuição geográfica, possíveis hibridações além de características economicamente importantes, pois é capaz de revelar o polimorfismo de locos gênicos que podem ser utilizados na seleção assistida por marcadores. Estes caracteres moleculares que estão disponíveis hoje, não podem e não devem substituir caracteres físicos e estudo de campo. No entanto revela uma ajuda inestimável para entender a biologia de uma dada espécie, proporcionando informações relevantes tanto em cativeiro como em populações selvagens.

Quanto mais se compreender sobre a biologia destes animais mais precisas serão decisões visando condições que permitam a existência contínua da espécie. Quanto mais precisão se exercer sobre o uso eficiente dos recursos naturais, mais importante se torna o desenvolvimento de pautas de manejos legais e aplicação eficaz de leis de proteção à fauna.

ANEXOS

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Amiμ8</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	9	12	23	20
115	0.980	1.000	0.944	0.542	0.700	0.778	0.500	0.978	0.300
117	0.020	0.000	0.056	0.458	0.300	0.222	0.500	0.022	0.700
Alelos	2	1	2	2	2	2	2	2	2

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Amiμ11</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	9	12	23	20
217	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
223	0.000	0.000	0.500	0.042	0.100	0.000	0.000	0.000	0.050
225	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
227	0.040	0.500	0.000	0.000	0.000	0.222	0.125	0.109	0.000
229	0.340	0.000	0.000	0.000	0.100	0.278	0.000	0.326	0.525
231	0.080	0.000	0.056	0.000	0.200	0.000	0.000	0.022	0.000
235	0.060	0.500	0.222	0.083	0.500	0.500	0.375	0.174	0.325
237	0.440	0.000	0.222	0.792	0.100	0.000	0.458	0.370	0.100
243	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000
Alelos	6	2	4	4	5	3	4	5	4

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Amiμ13</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	9	12	23	20
228	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.025
246	0.000	0.000	0.056	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
248	0.000	0.000	0.056	0.042	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
250	0.020	0.147	0.000	0.000	0.200	0.000	0.125	0.000	0.000
252	0.040	0.088	0.222	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
254	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.475
256	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
258	0.000	0.118	0.000	0.042	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
260	0.000	0.294	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.225
262	0.060	0.324	0.056	0.125	0.100	0.000	0.083	0.043	0.050
264	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.222	0.250	0.065	0.050
266	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.125	0.109	0.000
268	0.800	0.029	0.500	0.417	0.200	0.000	0.042	0.674	0.000
270	0.060	0.000	0.056	0.083	0.100	0.000	0.083	0.065	0.000
272	0.020	0.000	0.000	0.083	0.100	0.778	0.250	0.043	0.175
274	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Alelos	6	6	7	8	7	2	8	6	6

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Amiμ20</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	9	11	22	19
106	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
108	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
116	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000
120	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000
124	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.444	0.000	0.182	0.053
126	0.020	0.529	0.000	0.083	0.300	0.167	0.364	0.500	0.211
128	0.000	0.000	0.833	0.583	0.200	0.000	0.091	0.068	0.000
130	0.560	0.088	0.000	0.250	0.300	0.111	0.045	0.023	0.000
132	0.060	0.000	0.000	0.083	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000
140	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.000
144	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.045	0.000	0.237
146	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026
152	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.136	0.000
154	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000
156	0.000	0.059	0.000	0.000	0.000	0.000	0.273	0.000	0.368
158	0.320	0.324	0.167	0.000	0.000	0.056	0.091	0.000	0.053
162	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
164	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000
Alelos	6	4	2	4	4	6	8	8	8

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Clμ2</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	9	12	23	20
195	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.208	0.804	0.050
197	0.120	0.735	0.000	0.208	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
199	0.240	0.265	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.022	0.000
201	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.109	0.000
203	0.000	0.000	0.000	0.083	0.100	0.667	0.167	0.000	0.575
205	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.542	0.065	0.200
209	0.080	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
211	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
213	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
215	0.000	0.000	0.000	0.292	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000
217	0.000	0.000	0.000	0.042	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000
219	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000
223	0.120	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
225	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
227	0.300	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
229	0.100	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
237	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
239	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
241	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.175
243	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Alelos	8	2	4	7	7	5	3	4	4

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

Clau5 N	AL 25	RS 17	IC 9	PB 5	RN 12	PA 9	CH 12	DU 23	PT 20
157	0.120	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
159	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
163	0.000	0.000	0.000	0.292	0.400	0.000	0.042	0.000	0.000
165	0.420	0.118	0.000	0.083	0.200	0.000	0.000	0.000	0.050
167	0.180	0.000	0.056	0.000	0.000	0.444	0.083	0.364	0.325
169	0.060	0.000	0.000	0.333	0.000	0.278	0.042	0.000	0.000
171	0.120	0.559	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
173	0.000	0.265	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
175	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.792	0.000	0.550
177	0.060	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
179	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.136	0.000
181	0.040	0.059	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
183	0.000	0.000	0.000	0.167	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000
187	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000
197	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
199	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.042	0.000	0.025
203	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
215	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Alelos	7	4	6	6	4	4	5	3	6

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Clube</i> <i>N</i>	AL 25	RS 17	IC 9	PB 5	RN 12	PA 9	CH 12	DU 23	PT 20
127	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
131	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
155	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.109	0.000
159	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.375	0.370	0.125
161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000
219	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000
223	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.389	0.375	0.478	0.400
225	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.450
227	0.440	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.025
229	0.020	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
231	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
237	0.020	0.176	0.000	0.042	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000
239	0.040	0.735	0.556	0.958	0.800	0.000	0.000	0.000	0.000
241	0.000	0.088	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Alelos	9	3	2	2	2	3	5	4	4

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Clam7</i> <i>N</i>	AL 25	RS 17	IC 9	PB 5	RN 12	PA 9	CH 12	DU 23	PT 20
181	0.160	0.000	0.111	0.458	0.400	0.056	0.458	0.217	0.050
183	0.480	0.559	0.889	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
185	0.360	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
203	0.000	0.176	0.000	0.542	0.600	0.111	0.167	0.000	0.525
213	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043	0.000
215	0.000	0.265	0.000	0.000	0.000	0.333	0.292	0.630	0.000
223	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000
227	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000
239	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.022	0.000
243	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.042	0.065	0.375
245	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.022	0.000
247	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
Alelos	3	3	2	2	2	7	5	6	4

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Clau8</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	8	12	23	20
101	0.180	0.529	0.000	0.750	0.700	0.000	0.292	0.000	0.325
103	0.560	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
105	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
109	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.250	0.000	0.522	0.000
111	0.040	0.206	0.278	0.042	0.200	0.000	0.042	0.000	0.000
113	0.180	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
115	0.000	0.029	0.000	0.000	0.100	0.000	0.083	0.000	0.025
117	0.000	0.029	0.056	0.125	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000
119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.174	0.025
121	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000
123	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.043	0.025
125	0.000	0.000	0.444	0.000	0.000	0.500	0.250	0.239	0.300
133	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.175
135	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.100
141	0.000	0.206	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
235	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
Alelos	5	5	4	4	3	3	7	5	8

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

Clat9 N	AL 25	RS 17	IC 9	PB 5	RN 12	PA 9	CH 12	DU 23	PT 20
135	0.120	0.088	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
137	0.140	0.029	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
139	0.280	0.206	0.056	0.167	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
141	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
143	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
145	0.040	0.059	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
147	0.020	0.029	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
149	0.040	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
151	0.040	0.059	0.222	0.208	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
153	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
155	0.000	0.176	0.000	0.333	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000
157	0.100	0.059	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
159	0.120	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
161	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.500	0.542	0.239	0.575
163	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.075
165	0.000	0.176	0.000	0.042	0.200	0.500	0.208	0.261	0.225
167	0.000	0.088	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
169	0.000	0.029	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
177	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.261	0.125
179	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.239	0.000
Alelos	12	11	7	6	6	2	3	4	4

Anexo A - Frequência de alelos nas populações estudadas

<i>Clap10</i>	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
<i>N</i>	25	17	9	5	12	9	12	23	20
206	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
216	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.196	0.025
220	0.000	0.147	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000
222	0.120	0.000	0.000	0.167	0.200	0.389	0.458	0.152	0.125
224	0.580	0.088	0.000	0.583	0.700	0.056	0.083	0.022	0.000
226	0.140	0.588	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
228	0.000	0.147	0.000	0.000	0.000	0.278	0.000	0.130	0.000
242	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
244	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
246	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.222	0.042	0.000	0.400
248	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.025
250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.375	0.000	0.050
252	0.020	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.000
254	0.140	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.087	0.000
256	0.000	0.029	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.370	0.025
258	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000
264	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
268	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
272	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
274	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Alelos	5	5	7	4	3	5	5	8	8
Total Alelos	74	46	47	49	43	40	56	55	58

ANEXO B. Heterozigotidade nas populações estudadas. He – Número de indivíduos heterozigotos esperados segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg, Ho – Número de indivíduos heterozigotos observados, Fis – Índice de fixação de Weir & Cockerham (1994), HW – Teste exato de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, EP – Erro padrão da estimativa da probabilidade do teste exato de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, Sig. – Significância do teste, ns – Não significativo, nt – Não testado, *($p \leq 0,05$), **($p \leq 0,01$)

Ami8	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	1,0		1,0	6,2	2,3	3,3	6,3	1,0	8,6
HO	1,0		1,0	3,0	1,0	0,0	4,0	1,0	8,0
FIS	0,000	0,000	0,000	+0,529	+0,600	1,000	+0,371	0,000	+0,073
HW	-	-	-	0,1031	0,333	0,012	0,282	-	1,000
EP				/	/	/	/		/
Sig.	nt	nt	nt	ns	ns	*	ns	nt	ns
Ami11	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	17,3	8,7	6,2	4,5	3,8	5,9	7,9	16,8	12,4
HO	25,0	17,0	8,0	3,0	4,0	9	4,0	21,0	10,0
FIS	-0,460	-1,000	-0,320	+0,340	-0,067	-0,565	+0,506	-0,257	+0,200
HW	0,0000	0,0001	0,2365	0,1056	0,4966	0,0470	0,0042	0,0000	0,3317
EP	0,0000	/	/	/	0,0050	/	/	0,0000	/
Sig.	**	**	ns	ns	ns	*	**	**	ns
Ami13	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	8,9	13,4	6,5	9,6	4,7	3,3	10,3	12,2	14,1
HO	8,0	11,0	5,0	8,0	3,0	4,0	8,0	9,0	14,0
FIS	+0,107	+0,183	+0,245	+0,178	+0,385	-0,231	+0,235	+0,271	+0,007
HW	0,1992	0,1650	0,2635	0,0674	0,0611	1,0000	0,0131	0,0602	0,0908
EP	0,0092	0,0036	0,0095	0,0060	0,0041	/	0,0016	0,0038	0,0039
Sig.	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns
Ami20	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	14,8	10,6	2,6	7,3	4,1	6,9	8,9	15,5	14,8
HO	18,0	12,0	1,0	5,0	5,0	6,0	8,0	9,0	10,0
FIS	-0,224	-0,139	+0,636	+0,325	-0,250	+0,143	+0,101	+0,426	+0,328
HW	0,6731	0,7039	0,1765	0,1866	1,0000	0,1129	0,5251	0,0005	0,0014
EP	0,0066	/	/	/	/	0,0043	0,0097	0,0004	0,0007
Sig.	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	**
Clau2	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	20,6	6,8	6,8	10,2	4,2	4,8	7,9	7,9	12,2
HO	9,0	5,0	5,0	8,0	3,0	1,0	3,0	8,0	6,0
FIS	+0,568	+0,273	+0,279	+0,221	+0,314	+0,800	+0,629	-0,011	+0,516
HW	0,0000	0,5254	0,2566	0,0976	0,3485	0,0045	0,0015	0,2405	0,0000
EP	0,0000	/	/	0,0035	0,0047	/	/	/	/
Sig.	**	ns	ns	ns	ns	**	**	ns	**

ANEXO B. Heterozigotidade nas populações estudadas. He – Número de indivíduos heterozigotos esperados segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg, Ho – Número de indivíduos heterozigotos observados, Fis – Índice de fixação de Weir & Cockerham (1994), HW – Teste exato de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, EP – Erro padrão da estimativa da probabilidade do teste exato de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, Sig. – Significância do teste, ns – Não significativo, nt – Não testado, *($p \leq 0,05$), **($p \leq 0,01$).

Clau5	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	19,2	10,5	4,7	9,5	3,8	6,5	4,5	13,49	12,0
HO	16,0	14,0	4,0	10,0	3,0	9,0	3,0	13,0	12,0
FIS	+0,171	-0,345	+0,077	-0,053	+0,250	-0,412	+0,347	+0,037	+0,004
HW	0,0085	0,4403	0,5776	0,1642	0,6952	0,4384	0,0294	0,5019	0,0480
EP	0,0009	/	0,0064	0,0046	/	/	0,0024	/	0,0034
Sig.	**	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	*
Clau6	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	17,9	7,4	1,9	1,0	1,8	6,3	8,6	14,6	12,7
HO	6,0	4,0	0,0	1,0	2,0	5,0	8,0	8,0	5,0
FIS	+0,669 +	+0,464	+0,158	0,000	-0,143	+0,216	0,074	+0,458	+0,614
HW	0,0000	0,0147	1,0000	-	1,0000	0,1126	0,0248	0,0018	0,0000
EP	0,0000	/	/	/	/	/	0,0000	/	/
Sig	**	*	ns	nt	ns	ns	*	**	**
Clau7	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	15,7	10,3	6,4	6,2	2,7	7,4	804	12,9	11,9
HO	10,0	5	4,0	7,0	2,0	8,0	10,0	9,0	15,0
FIS	+0,367	+0,521	1	-0,132	+0,273	-0,085	-0,196	+0,306	-0,272
HW	0,0050	0,0010	0,0588	1,0000	1,0000	0,9676	0,7144	0,0608	0,0011
EP	/	/	/	/	/	0,002	0,0039	0,0034	/
Sig.	**	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**
Clau8	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	15,8	11,1	6,9	5,2	2,6	5,3	9,7	15,0	15,6
HO	14,0	4,0	7,0	5,0	1,0	8,0	12,0	16,0	14,00
FIS	+0,115	+0,646	+0,390	+0,035	+0,636	-0,556	-0,245	-0,068	+0,106
HW	0,6770	0,0005	0,1415	0,5606	0,1111	0,0552	0,1865	0,1757	0,0132
EP	0,0040	0,0002	/	/	/	/	0,0059	0,0039	0,0021
Sig.	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*
Clau9	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	21,8	15,2	7,8	9,8	4,5	4,8	7,5	17,6	12,3
HO	15,0	12,0	7,0	9,0	5,0	9,0	9,0	22,0	15,0
FIS	+0,316	+0,215	-0,009	+0,088	-0,143	-1,000	-0,207	-0,256	-0,231
HW	0,0000	0,0064	0,6551	0,0022	1,0000	0,0105	0,1877	0,0000	0,4244
EP	0,0000	0,0013	0,0070	0,0004	0,0000	/	/	/	/
Sig.	**	**	ns	**	ns	*	ns	**	ns

ANEXO B. Heterozigozidade nas populações estudadas. He – Número de indivíduos heterozigotos esperados segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg, Ho – Número de indivíduos heterozigotos observados, Fis – Índice de fixação de Weir & Cockerham (1994), HW – Teste exato de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, EP – Erro padrão da estimativa da probabilidade do teste exato de aderência ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, Sig. – Significância do teste, ns – Não significativo, nt – Não testado, *($p \leq 0,05$), **($p \leq 0,01$)

Clau10	AL	RS	IC	PB	RN	PA	CH	DU	PT
HE	15,5	10,6	6,2	7,4	2,6	6,8	8,0	18,2	15,3
HO	12,0	11,0	3,0	6,0	3,0	8,0	11,0	23,0	20,0
FIS	+0,232	-0,045	+0,111	+0,205	-0,200	-0,185	-0,399	-0,268	-0,315
HW	0,0178	0,1666	0,0415	0,0851	1,0000	1,0000	0,0210	0,0104	0,0126
EP	0,0012	0,0041	0,0026	/	/	0,0000	0,0016	0,0016	0,0022
Sig.	*	ns	*	ns	ns	ns	*	*	*

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARRANZ, JJ; BAYÓN, Y; SAN PRIMITIVO, F. Genetic variation at five microsatellite loci in four breeds of cattle. **Journal of Agricultural Science**, v.127, p.533-538,1996.
- AVISE, J. C. Natural history and evolution. **Molecular markers** .New York: Chapman & hall, 1994. 1v.
- AYRES, KAREN L. Relatedness testing in subdivided populations. **Forensic Science International**, v.114, p.107-115, 2000.
- BENTZEN, P; OLSEN, JB; MCLEAN, JE; SEAMONS, TR; QUINN, TP. Kinship analysis of Pacific Salmon: Insights into mating, homing, and timing of reproduction. **The American genetic association**, v.92, p.127-136, 2001.
- BERNARDES, AT; MACHADO, ABM; RYLANDS, AB. **Fauna brasileira ameaçada de extinção**. Brasília : IBAMA, 1990, 65p.
- BINNS, MM; HOLMES, NG; HOLLIMAN, A; SCOTT, AM. The indentification of polymorphic microsatellite loci in the horse and their use in thoroughbred parentage testing. **British Veterinary journal**, v.151, v.1, p.9-15, 1995.
- BOWLING, A.T.; EGGLESTON-SCOTT, M.L.; Byrns, G; Clark,. Validation of microsatellite markers for routine horse parentage testing. **Animal Genetics**, n.28, p.247-252, 1997.

- BRAZAITIS, P. The identification of living crocodilians. **Zoologica**, v.58, n.3/4, p.59-101, 1973.
- BRAZAITIS, P., YAMASSSHITA, C.; REBELO, C. A summary report of the CITES central South American caiman study. Phase I: Brazil. In *Crocodiles: their Ecology, Management, and Conservacion*. Gland, Suíça. IUCN – The World Conservation Union, 1990, p.100-115.
- BROCKMANN, H.J.; COLSON, T.; POTTS, W. Sperm competition in horseshoe crabs (*Limulus polyphemus*). **Behavioral Ecology and Sociobiology**, n.35, p.153-160, 1994.
- BRODERS, H. G., MAHONEY, S.O., MONTEVECCHI, A., DAVIDSON, W.S. Population genetic structure and the effect of founder events on the genetic variability of moose, *Alces alces*, in Canada. **Molecular Ecology**. v. 8, p. 1309-1315.
- BUCHANN, F. C.; FRIESEN, M.K.; LITTLEJOHN, R. P.; CLAYTON, J.W. Microsatellites from the beluga whale *Delphinapterus leucas*. **Molecular Ecology**. v.5, p.571-575. 1996.
- BULL, J.J. Sex determination en reptiles. **The Quarterly Review f Biology**, v.55, n.1, p.3-21, 1980.
- CARLINI-GARCIA, LA; VENCovsky, R; COELHO, ASG. Método bootstrap aplicados em níveis de reamostragem na estimação de parâmetros genéticos populacionais. **Scientia Agrícola**, v.58, n.4, p.785-793, 2001.
- CAUGHLEY, G. Sampling in aerial survey. **Journal Wildlife.Manage**. v.41, p.605-615, 1977.
- CAUGHLEY, G.; SINCLAIR, A. R. E. **Wildlife Ecology and Management**. Boston: Blackwell Science, 1994. 334p.

- CHAMBERS, J.K.; MAC AVOY, E.S. Microsatellite: Consensus and controversy. **Comparative Biochemistry and Physiology**, v126, p.455-476, 2000.
- CIAMPOLINI, R.; MOAZAMI-GOUDARZI, K.; VAIMAN, D.; DILLMANN, C.; MAZZANTI, E.; FOULLEY, J.; LEVEZIEL, H.; CIANCI, D. Multilocus genotypes using microsatellite polymorphisms to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian Beef Cattle breeds. **Journal of Animal Science**, v.11, n.73, p.3259-3268, 1995.
- CIOFI, C. E BRUFORD, M.W. Genetic structure and gene flow among Komodo dragon populations inferred by microsatellite loci analysis. **Molecular Ecology**. v8, p. S17-S30, 1999.
- COELHO A. S. G. **Programa Sancho**: Sistema de análise para o cálculo do coeficiente de herdabilidade e outros parâmetros. Goiânia, GO: Departamento de Biologia Geral, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, 2001.
- CRAIGHEAD, L; PAETKAU, D; REYNOLDS, HV; VYSE, ER; STROBECK, C. Microsatellite analysis of paternity and reproduction in arctic grizzly bears. **Journal of Heredity**, v.86, p.255-261, 1995.
- CROW, J.F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. New York: Harper International Edition, 1970. 591p.
- DAVIS, LM; GLENN, TC; ELSEY, RM; DESSAUERS, HC; SAWYER, RH. Multiple paternity and mating patterns in the american alligator, *Alligator mississippiensis*. **Molecular Ecology**, n.10, p.1011-1034, 2001a.

- DAVIS, L.M.; GLENN, T.C.; ELSEY, R.M.; BRISBINJUNIOR, I.L.; RHODES, W.E.; DESSAUER, H.C.; SAWYER, R.H. Genetic structure of six populations of American alligators: a microsatellite analysis. In : GRIGG, G; SEEBACHER, G.; FRANKLIN, C. (Ed). **Crocodilian Biology and Evolution**. Chipping Norton: Surrey Beatty, 2001b. p.38-51.
- DEWOODY, J.A.; AVISE, J.C. Genetic perspectives on the natural history of fish mating systems. **The Journal of heredity**, v.92, n.2, p.167-172, 2000.
- DEMAS, S.; WACHTEL, S. DNA fingerprinting in reptiles: Bkm hybridization patterns in Crocodilia and Chelonia. **Genome**, v.34, p.472-476, 1991.
- DESMORE III, L.D. Biochemical and immunological systematics of the order Crocodilia. In: HECHT, M.K.; WALLACE, B.; PRANCE, G. T. (Ed.) **Evolutionary Biology**. New York : Plenum, 1983. v.15, p. 397-465.
- DESMORE III, L.D.; OWEN, R.D. Molecular systematics of the order Crocodilia. **American Zoology**, v.29, p.831-841, 1989.
- DIEFENBACH, C.O. Ampularid gastropods: Staple food of *Caiman latirostris*? **Copeia**, p.162-163, 1979.
- DONAYO, P.; PINÃ, C.; LARRIERA, A. Período de incubación, banda de calcificación, peso de los huevos y desarrollo embrionario de *Caiman latirostris* a tres temperaturas diferentes. In: VERDADE, L.M.; LARRIERA, A. (Ed.) **Conservação e Manejo de Jacarés e Crocodilos da América Latina**. Piracicaba: C.N.Editora, 2002. v.2, p.79-90.
- EISEN, J.A. Mechanistic basis for microsatellite instability. In: GOLDSTEIN, D. B. AND SCHLOTTERER, C. (Ed). **Microsatellites evolution and applications**. Oxford, UK: Oxford University Press. 1999, cap.4, p.34-48

- ELLEGREN, H., JOHANSSON, M., SANDBERG, K., ANDERSSON, L. Cloning of highly polymorphic microsatellites in the horse. **Animal Genetics**. v.23, p.133-142, 1992.
- ENCALADA, S.E.; LAHANAS, P.N.; BJORNDALE, K.A.; BOLTEN, A. B.; MIYAMOTO, M.M.; BOWENS, B.W. Philogeography and population structure of the Atlantic and Mediterranean green turtle *Chelonia mydas* : a mitochondrial DNA control region sequence assessment. **Molecular Ecology**, v.5, p.473 – 484. 1996
- ENGLAND, P.R.; BRISCOE, D.A.; FRANKHAM, R. Microsatellite polymorphisms in a wild population of *Drosophila melanogaster*. **Genetic Research**, n.67, p.285-290, 1996.
- ESTOUP, A.; CORNUET, J.M.; ROUSSET, F.; GUYOMARD, R. Uxtaped microsatellite systems as diagnostic markers for admixture: theoretical aspect. **Molecular Biology and Evolution**, v.16, p.898-908, 1999.
- EWERT M. A.; JACKSON D.R.; NELSON C.E. Patterns of temperature-dependent sex determination in turtles. **Journal of Experimental Zoology**. v. 270, p.3-15, 1994.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Longman Scientific & Technicals, 1989. 438p.
- FARAH, S. B. **DNA Segredos & Mistérios**. São Paulo: SARVIER, 1997, p.78-81.
- FERGUNSON, M.W.; JOANEN, T. Temperature of egg incubation determines Sex in *Alligator mississippiensis*. **Nature**, v.296, p.850-853, 1982.
- FINCATTI, C.R.; VERDADE, L.M. Variação térmica microclimática em estufa plástica e suas aplicações para a manutenção de filhotes de jacarés. In: VERDADE, L.M.; LARRIERA, A. (Ed.). **Conservação e manejo de jacarés e crocodilos da América Latina**. Piracicaba: C.N.Editora, 2002. v.2, p.91-97.

FITZSIMMONS, N.N.; TANKSLEY, S.; FORSTNER, M.R.; LOUIS, E.E.; DAGLISH, R.; GRATTEN, J.; DAVIS, S. microsatellite markers for *Crocodylus* : new genetic tiils for population genetics, mating system studies and forensis. In : GRIGC, G; SEEBACHER, G.;FRANKLIN, C. (Ed.). *Crocodilian Biology and Evolution*. Chipping Norton: Surrey Beatty, 2001b. p.51-57.

FORSTNER, MRJ; FORSTNER, JM. Applications of genetics in crocodilian conservation. In: VERDADE, LM; LARRIERA, A (Ed.). **La conservacion y el manejo de caimanes y cocodrilos de America Latina**. Piracicaba: C.N. Editora, 2002, v.2, p.99-117,.

FRANKEL, O.H.; BROWN, A.H.D.; BURDON, J.J. The conservation of plant biodiversity. Cambridge: Cambrigge University Press, 1995. 299p.

FREDHOLM, M.; WINTERO, A.K. Efficient resolution of parentage in dogs by amplification of microsatellite. **Animal Genetics**, n.27, p.19-23, 1996.

FUTUYMA, D. J. **Evolutionary Biology**, 3. ed. Sunderland, MA: Sinauer Associates. 1998, 196p.

GAIOTTO, F. A., Inferências sobre herança quantitativa e estrutura genética em populações naturais de *Eutерpe edulis* utilizando marcadores microssatélites. Piracicaba, 2001. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” , Universidade de São Paulo.

GALBRAITH, DA; WHITE, BN; BROOKS, RJ; BOAG, PT. Multiple paternity in clutches of snapping turtles (*Chelydra serpentina*) detected using DNA fingerprints. **Canadian Journal of Zoology**, v.71, p.318-324, 1993.

GARCIA-MORENO, J.; MATOCQ, M.D.; ROY, M.S.; GEFFEN, E.; WAYNE, R.K. Relationships and genetic purity of endangered mexican wolf based on analysis of microsatellite loci. **Conservation Biology**, v.2, n.10, p.376-389, 1996.

- GLENN, T. C.; DESSAUER H. C.; BRAUN M. J.. Characterization of microsatellite DNA loci in American alligators. **Copeia**. P.591-601. 1998.
- GLENN, TC; STEPHAN, W.; DESSAUER, H.C.; BRAUN, M.J. Allelic diversity in alligator microsatellite loci is negatively correlated with GC content of flanking sequences and evolutionary conservation of PCR amplifiability. **Molecular Biology and Evolution**, v.13,n.8,p.1151-1154, 1996.
- GOODMAN, S.J. RST calc: A clection of computer prograns for calculationg unbiased estimates of genetic differentiation and determining their significance for microsatellite data. **Molecular Ecology**, v.6,p.881-885,1997.
- GROOMBRIDGE, B. **IUCN Amphibia** - Reptilia red data book Part 1. Testudines, crocodylia, rhyncocephalia. Cambridge: IUCN Conservation Monitoring Centre, 1982. p.201-207.
- HOEZEL, A.R. **Molecular genetic analysis of populations**. Oxford: IRL press, 1992. p. 59 – 88.
- HOULDEN, BA; ENGLAND, P; SHERWIN, WB. Paternity exclusion in koalas using hypervariable microsatellites. **Journal of Heredity**, v.87,n.2,p.149-152, 1996.
- HUTTON, J.M.; LOVERIDGE, J.P.; BLAKE, D.K. Capture methods for the Nile crocodile in Zimbabwe. In: WEBB, G.J.W.; MANOLIS, S.C.; WHITEHEAD, P.J. (Ed.). **Wildlife Managment: Crocodiles and Alligators**. Chipping Norton, Australia: Surrey Beatty, 1987. p.211-216.
- JEFFREYS, A.J.; BROOKFIELD, J.F.Y.; SEMEONOFF, R. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerpirnts. **Nature** , n.317, p.818-819, 1985a.

- JEFFREYS, A.J.; TAMAKI, K.; MACLEOD, A.; MONCKTON, D.G.; NEIL, D.L.; ARMOUR, J. A. L. Complex gene conversion events in germline mutation at human minisatellites. **Nature Genetetics**, n.6, p.136-145, 1994.
- KIMURA, M., CROW, J. F. The number of alleles that can be maintaneid in a finite population. **Genetics**, v.49, p.725-738, 1964.
- KIMURA, M., OHTA, T. Stepwise mutation model and distribution of allelic frequencies in a finite population. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, v.75, p.2868 - 2872, 1978.
- KING, FW; BRAZAITIS, P. Species identification of commercial crocodilian skins. **Zoológica**, v.56, n.2, p.15-70, 1971.
- LANG, JW; ANDREWS, H.V. Temperature-dependent sex determination in crocodilians. **The Journal of Experimental Zoology**, v.270, p.28-44, 1994.
- LEVINSON,G.;GUTMAN, G. A. Slipped-strand mispairing: a major mechanisms for DNA séquense evolution. **Molecular Biology and Evolution**, v.4, p.203-221, 1987b.
- LEWIS, P.O.; ZAYKIN,D. Genetic Data Analysis : Computer program for the analysis of allelic data. version 1.0 (d15). Free program distributed by the author over the Internet from the GDA Home Page at <http://alleyn.eeb.uconn.edu/gda/2000>.
- LI, W.H., GRAUR, D. Gene structure of molecular evolution. Massachussets: Sinauror Associates, Publishers Suderland. 1991. cap. 1, p.3-9.
- LIFJELD, J. T.; SLAGSVOLD, T.; ELLEGREN, H. Experimental mate switching in pied flycatchers, male copulatory acess and fertilization success. **Animal Behaviour**, n.53, p.1225-1232, 1997.
- LYNCH, M. Estimation of relatedness by DNA fingerprinting. **Molecular Biology and Evolution**, v.5,n.5,p.584-599, 1988.

- LYNCH, M. Estimating genetic correlations in natural populations. **Genetics Research**, v.74,p.255-264, 1999.
- LYNCH, M; RITLAND, K. Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. **Genetics**, v.152,p.1753-1766, 1999.
- MAGNUSSON, W.E. Economics, developing countries, and the captive propagation of crocodilians. **Wildlife Society Bulletin**, n.12, p.194-197, 1984.
- MEDEM, F. Los Crocodylia de sul america., Bogota,Colombia: **Colciencias**, v. 2, p.279,1981.
- MELO, M. T. Q. Dieta do *Caiman latirostris* no sul do Brasil. IN: VERDADE, L.V. ; LARRIERA, A. Conservação e manejo de jacarés e crocodilos da américa latina. Piracicaba: C.N.Editora, 2002.v.2,p.119-125.
- MICHALAKIS, Y.; VEUILLE, M. Length variation of CAG/CAA trinucleotide repeats in natural populations of *Drosophila melanogaster* and its relation to the recombination rate. **Genetics**, n.143, p.1713-1725, 1996.
- MOLINA, F.B.; SAJDAK, R.A. Observação sobre a preferência térmica e o comportamento de termorregulação no jacaré-de-papo-amarelo, *Caiman latirostris*, em cativeiro: variação ontogenéticas e algumas comparações com outras espécies de jacarés neotropicais. In: WORKSHOP SOBRE CONSERVAÇÃO E MANEJO DO JACARÉ-DE PAPO-AMARELO. Piracicaba 1993. **Anais**. Piracicaba: ESALQ/USP,.,p.93-132.
- MOORE, S.S.; SARGEANT, L.L.; KING, T.J.; MATTICK, J.S.; GEORGES, M.;HETZEL, J.S.The conservation of dinucleotide microsatellite among mammalian genomes allows the use of heterolous PCR primer pair in closely related species. **Genomics**, v.10,p.654-660, 1991.

- OLSEN, JB; BUSACK, C; BRITT, J; BENTZEN, P. The aunt and uncle effect: An empirical evaluation of the confounding influence of ull sibs of parents on pedigree reconstruction. **The American Genetic Association**, v.92, p.243-247, 2001.
- OLERUP, O.; ZETTERQUIST, H. HLA-DR typing by PCR amplification with sequence-specific *primers* (PCR-SSP) in 2 hours, an alternative to serological DR typing in clinical pratice including donor-recipient matching in cadaveric transplantations. **Tissue Antigens**, n.39, p.225-235, 1992.
- PAETKAU, D.; WAITS, L.P.; CLARKSON, P.L.; CRAIGHEAD, L; VYSE, E.; WARD, R.; STROBECK, C. Variation in genetic diversity across the range of north american brow bears. **Conservetion Biology**, v.12, p. 418-429, 1998.
- PARKER, P. G.; WHITEMAN, H.H. Genetic diversity in fragmented populations of *Clemmys guttata* and *Chrysemys picta marginata* as shown by DNA fingerprinting. **Copeia**, n.1993, p.841-846, 1993.
- PIHKANEN, S.; VÄINÖLÄ, R.; VARVIO, S. Characterizing dog breed differentiation with microsatellite markers. **Animal Genetics**, n.27, p.343-346, 1996.
- PIÑA C.; LARRIERA, A. Caiman latirostris growth: the effect of a management technique on the supplied temperature. **Aquaculture**, v. 211, p.387-392, 2002.
- PIÑA, C.; IMHOF, A.; FRUTOS, N.; MEDINA, M.; LARRIERA, A. Tamaño de postura y medidas de huevos de *Caiman latirostris* en las Provinvias de Santa Fe y Entre rios. In: In: VERDADE, LM; LARRIERA, A (Ed.).**Conservação e Manejo de Jacarés e Crocodilos da América latina**. Piracicaba: C.N.Editora, 2002.v.2,p.127-134.
- PINHEIRO, MS; LAVORENTI, A. Growth of Broad-nosed caiman, *Caiman latirostris* (Daudin, 1802) hatchlings, fed with diets of animal origin. **Brazilian Journal of Biology**, v.61,n.3,p.421-429, 2001.

- PROSSER, M.R., GIBBS, H.L., WEATHERHEAD, P. J. Microgeograf population genetic structure in the norther water snake, *Nerodia sipedon sipedon* detected using microsatellite DNA loci. **Molecular Ecology**, v.8, p.329-333, 1999.
- QUELLER, DC; STRASSMANN, JE; HUGHES, CR.. Microsatellite and kinship. **TREE**, v.8,n.8,p.285-288, 1993.
- RAYMOND,M.; ROUSSET, F. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. **Journal of Heredity**, v.86,p.248-249,1995.
- REGITANO, L.C.A. Polimorfismo molecular em gerações de bovinos da raça Canchim, Piracicaba, 1996. 132p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- RITLAND, K. Gene identy and the genetic demography of plant populations. In: BROWN, A.H.D.; CLEGG, M.T.; KAHLER, A.L.; WEIR, B.S. **PlantPpopulation Genetics, Breeding, and Genetic Resources**, v.11, p.181-199, 1989.
- RITLAND, K. Estimators for pairwise relatedness and inbreeding coefficients.**Genetic Research**, v.67,p.175-186, 1996.
- RITLAND, K. Marker-inferred relatedness as a tool for detecting heritability in nature. **Molecular Ecology**. V.9, p.1195-1204. 2000.
- ROHLF, F.J. **NTSYS-pc 1.70**, numerical taxonomy and multivariate analysis system (Compact disc). Setauket: Applied Biostatistics inc., 1992.
- RON, M; BLANC, Y; BAND, M; EZRA, E; WELLER, JI. Misidentification rate in the israeli dairy cattle population and its implication for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**, v.79,p.676-681, 1996.
- ROSA, A.J.M. Caracterização da raça nelore e teste de paternidade por marcadores moleculares. Piracicaba,1997.125p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- ROSS, KG. Crocodiles: Status Survey and Conservation Action Plan, 2. ed. IUCN: Switzerland, 1998
- ROSS, KG. Molecular ecology of social behaviour: analyses of breeding systems and genetic structure. **Molecular Ecology**, n.10,p.365-384, 2001.
- ROUSSET, F. Equilibrium values of measure of population subdivision for stepwise mutation process. **Genetics**, v.142, p. 1357-1362, 1996.
- ROY, M.S., GEFFEN, E., SMITH, D., OSTRANDER, E. A., WAYNE, R.K. Patterns of differentiation and hybridation in North american wolflide canids, revealed by analysis of microsatellite loci. **Molecular Biology and Evolution**, v.1, p. 553-570, 1994.
- SAINO, N; PRIMMER, CR; ELLEGREN, H; MOLLER, AP. An experimental study of paternity and tail ornamentation in the barn swallow (*Hirunda rustica*). **Evolution**, v.2, n.51, p.562-570, 1997
- SARKIS-GONÇALVES, F; MIRANDA-VILELA, MP; BASETTI, LAB; VERDADE, LM. Manejo de jacarés-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) em cativeiro. In: MATTOS, W.K.S. (Ed). **A produção animal na visão dos brasileiros**. Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001.p.565-579.
- SARKIS-GONÇALVES, F.; MIRANDA-VILELLA M. P. ; BASSETTI L. A. *Caiman latirostris* (broad-snouted caiman) new record of age at sexual maturity. **Herpetological Review**, v.34, p.225-226, 2003.
- SCHLÖTTERER, C; VOGL, C; TAUTZ, D. Polymorphism and locus-specific effects on polymorphism at microsatellite loci in natural *Drosophila melanogaster* populations. **Genetics**, v.146,p.309-320, 1997.
- SLATKIN, M. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. **Genetics**, v.139,p.457-462,1995.

- SMITH, C.A.; JOSS, J.M.P. Gonadal sex differentiation in *Alligator mississippiensis*, a species with temperature-dependent sex determination. **Cell & Tissue Research**, v.273, p.149-162, 1993.
- SMITH, B. R; HERBINGER, C. M; MERRY, H. R. Accurate partition of individuals into full-sib families from genetic data without parental information. **Genetics**, v.158,p.1329-1338, 2001.
- STRAND, M.; PROLLA, T. A.; LISKAY, R.M.; PETERS, T. D. Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. **Nature**, n.365, p.274-276, 1993.
- TAUTZ, D.; RENZ, M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes, **Nucleic Acids Research**., v.12, p. 4127-4138, 1984.
- TAYLOR,J.A.; WEBB, G.J.W.; MAGNUSSON W.E.. Methods of obtaining stomach contents from live crocodilians. **Journal of Herpetology**, v.12, p.415-417,1978.
- TEGELSTRÖM, H.; HÖGGREN. M. Paternity determination in the adder (*Vipera berrus*), DNA fingerprinting or random amplified polymorphic DNA? **Biochemical Genetics**, n.32, p.249-256, 1994.
- VAC, M.H.; VERDADE, L.M.; MEIRELLES, C.F; LARSEN, R.E.; MICHELOTTI,F.; RANGEL, M.C.; SALEM, C.Z.; LAVORENTI, A.Ultrasound evaluation of the follicle development in adult female broad-nosed caiman (*Caiman latirostris*). In: WORK. MEET. CROC. SPEC. GROUP/SSC/IUCN, Gland, 1992.**Proceedings**. Gland:IUCN – The World Conservation Union, 1992, p.176-183.
- VAN VLEVK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the Animal Sciences**. 1987, 391p.

- VANZOLINI, P.E. Répteis e anfíbios ameaçados de extinção no Brasil. In: ESPÉCIES DA FAUNA BRASILEIRA AMAÇADAS DE EXTINÇÃO. Rio de Janeiro: Academia Brasileira de Ciências. 1972. p.155-157.
- VERDADE, L.M. Manejo e conservação do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) em São Paulo, Brasil.. In: VALLADARES-PÁDUA, C.B.; BODMER, R.E. E CULLEN, L., JUNIOR. (Ed.). **Manejo de vida silvestre para a conservação.**, Mamirauá, AM: Sociedade Civil Mamirauá. 1997, p. 222-232.
- VERDADE, LM. *Caiman latirostris*. in : ROSS, J.P. (Ed.). **Crocodile status survey and conservation action plan**. gland: IUCN; The World conservation Union, 1998, p.18-20.
- VERDADE, LM. *Caiman latirostris* (Broad-snouted caiman).behavior. **Herpetological Review**, v.30,n.1, p.38-39,1999.
- VERDADE, L.M. Allometry of reproduction in broad-snouted caiman (*Caiman latirostris*).**Brazilian journal of Biology**, v.61, n.3,p.431-435, 2001a.
- VERDADE, L.M. O programa experimental de criação em cativeiro de jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman Latirostris*) da ESALQ/USP: Histórico e perspectivas. In: MATTOS, W.K.S. (Ed). **A produção animal na visão dos brasileiros**. Brasília: sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001b. p.559-564.
- VERDADE, L.M. Cranial sexual dimorphism in *Caiman latirostris*. **Amphibia-Reptilia**, v.24, n.1,p.92-99, 2003.
- VERDADE, L.M.; LAVORENTI, A.. Preliminary notes on the status and conservation of *Caiman latirostris* in the State of São Paulo, Brazil: directions of the captive reeding, reintroduction and management program. p.231-237. IN: CROCODILES. PROC. 10TH WORK. MEET. CROC. SPEC. GROUP - The World Conservation Union. Glan, Switzerland: . IUCN. v.2, p. 1-345, 1990.

- VERDADE, L.M.; KASSOUF-PERINA, S. (Ed.). **Studbook regional do Jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), 1992/1993**. Sorocaba: Sociedade de Zoológicos do Brasil, 1993. 46p.
- VERDADE, L.M; MOLINA, F.B. (Ed.). **Studbook regional do Jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*)**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. 55p
- VERDADE, L.M.; F. SARKIS. Age at first reproduction in captive *Caiman latirostris* (broad-snouted caiman). **Herpetological Review**, v. 29, n.4, p:227-228, 1998.
- VERDADE, L.M; ZUCOLOTO, R.B; COUTINHO, L.L. Microgeographic variation in *Caiman latirostris*. **Journal of Experimental Zoology**, v.294, n.4,p.387-396, 2002.
- VIARD, F.; BREMOND., P.; LABBO, R.; JUSTY, F.; DELAY, B.; JARNE, P. Microsatellites and the genetics of highly selfing populations in the freshwater snail *Bulinus truncatus*. **Genetics**, n.142, p.1237-1247, 1996.
- VICTOR, M.A.M. **A devastação florestal**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1975. 48p.
- VILLAREAL, X.; BRICKER, J.; REINERT, H.K.; GELBERT, L.; BUSHAR, L.M. Isolation and characterization of microsatellite loci for use in population genetic analysis in the timber rattlesnake, *Crotalus horridus*. **The Journal of Heredity**, v.2, n.87, p.152-155, 1995..
- WALSH, B. Crocodile capture methods used in the Northern Territory of Austrália. In: WEBB, G.J.W.; MANOLIS, S.C.; WHITEHEAD, P.J. (Ed.). **Wildlife Managment: Crocodiles and alligators**. Chipping Norton, Austrália: Surrey Beatty, 1987. p.249-252.
- WEBB, G.J.W.; BEAL, A.M.; MANOLIS, S.C. The effects of incubation temperature on sex determination and embryonic development rate in *Crocodylus johnstoni* an *Crocodylus porosus*. In: WEBB, G. J.W.; MANOLIS, S.C.; WHITEHEAD, P.J.

- (Ed.). Wildlife management: crocodiles and alligators. Chipping Norton : Surrey Beatty, 1987. p.507-531.
- WEBB, G.J.W.; MANOLIS, S.C; BUCKWORTH, R. *Crocodylus johnstoni* in the Mckinlay River area, N.T.1. Variation in diet, and a new method of assessing the relative importance of prey. **Australian Journal of Zoology**, v.30, p.877-899, 1982.
- WEBER, J.L. Informativeness of human (dC-dA)_n (dG-dT)_n polymorphism. **Genomics**, v.7, p.524-530, 1990.
- WEBER, J.L; WONG, C. Mutation of human short tandem repeats. **Human Molecular Genetics**, v.2, p.1123-1128, 1993.
- WEIR, B.S. **Genetic data analysis II**. Massachusetts: Sinauer ,1996. 445p.
- WIBBELS, T.; COWAN, J.; LEBOEUF, R. Temperature-dependent sex determination in the red-fared slider turtle, *trachemys scripta*. **Journal of Experimental Zoology**, v. 281. n.5, p.409-416, 1988.
- ZUCOLOTO, R.B. Avaliação da diversidade genética e teste de maternidade em jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) através do uso de seqüências de DNA microssatélite. Piracicaba, 1998. Dissertação (Mestrado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- ZUCOLOTO, R.B. Desenvolvimento de seqüências microssatélite para estudo de populações remanescentes de Jacaré-de-Papo-Amarelo (*Caiman latirostris*), da região central do Estado de São Paulo. Piracicaba, 2003. p.118. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- ZUCOLOTO, R. B.; VERDADE, L.M.; COUTINHO, L.L. Microsatellite DNA library for *Caiman latirostris*. **Journal of Experimental Zoology**, v.294, n.4, p.346-351, 2002.

APÊNDICES

APÊNDICE 1 - Indivíduos amostrados com seus números de laboratório, registro no Studbook e sexo

Amostra	População	Número de laboratório	Identificação	Sexo
A1	PoA01	151	VG01	M
A2	PoA02	152	VG02	M
A3	PoA03	153	VG03	M
A4	PoA04	154	VG04	M
A5	PoA05	155	VG05	M
A6	PoA06	156	VG06	M
A7	PoA07	157	VG07	M
A8	PoA08	158	VG08	M
A9	PoA09	159	VG09	M
A10	Pt01	162	VG12	F
A11	Pt02	163	VG13	F
A12	Pt03	164	VG14	M
A13	Pt04	184	VG19	?
A14	Pt05	185	VG20	?
A15	Pt06	186	VG21	?
A16	Pt07	188	VG22	?
A17	Pt08	235	USP508	?
A18	Pt09	263	USP409	M
A19	Pt10	264	USP189	M
A20	Pt11	265	USP413	M
A21	Pt12	266	USP414	M
A22	Pt13	267	USP412	M
A23	Pt14	268	USP411	M
A24	Pt15	269	USP410	M
A25	Pt16	270	USP200	F
A26	Pt17	271	USP199	F
A27	Pt18	272	USP451	M
A28	Pt19	273	USP407	M
A29	Pt20	274	USP408	M
A30	Ch01	165	VG15	M
A31	Ch02	166	VG16	M
A32	Ch03	167	VG17	M
A33	Ch04	180	VG18	?

APÊNDICE 1 - Indivíduos amostrados com seus números de laboratório, registro no Studbook e sexo

Amostra	População	Número de laboratório	Identificação	Sexo
A34	Ch05	242	USP701	?
A35	Ch06	243	USP702	?
A36	Ch07	244	USP703	?
A37	Ch08	245	USP704	?
A38	Ch09	246	USP705	?
A39	Ch10	247	USP706	?
A40	Ch11	248	USP707	?
A41	Ch12	249	USP708	?
A42	DuF01	168	DF01	M
A43	DuF02	169	DF02	F
A44	DuF03	170	DF03	M
A45	DuF04	171	DF04	M
A46	DuF05	172	DF05	F
A47	DuF06	173	DF06	M
A48	DuF07	174	DF07	M
A49	DuF08	175	DF08	M
A50	DuF09	176	DF09	M
A51	DuF10	177	DF10	M
A52	DuF11	178	DF11	M
A53	DuF12	179	DF12	M
A54	DuF13	252	USP401	?
A55	DuF14	253	USP402	?
A56	DuF15	254	USP403	?
A57	DuF16	255	USP404	?
A58	DuF17	256	USP405	?
A59	DuF18	257	USP406	?
A60	DuF19	258	USP631	?
A61	DuF20	259	USP632	?
A62	DuF21	260	USP633	?
A63	DuF22	261	USP634	?
A64	DuF23	262	USP635	?
A65	AL01	191	AL001	F
A66	AL02	192	AL004	F
A67	AL03	193	AL005	M

APÊNDICE 1 - Indivíduos amostrados com seus números de laboratório, registro no Studbook e sexo

Amostra	População	Número de laboratório	Identificação	Sexo
A68	AL04	194	AL006	F
A69	AL05	195	AL007	M
A70	AL06	196	AL008	M
A71	AL07	197	AL009	M
A72	AL08	198	AL020	F
A73	AL09	199	AL033	F
A74	AL10	200	AL034	F
A75	AL11	201	AL035	M
A76	AL12	202	AL039	M
A77	AL13	203	AL040	F
A78	AL14	204	AL061	M
A79	AL15	205	AL062	F
A80	AL16	206	AL063	F
A81	AL17	207	AL064	F
A82	AL18	208	AL066	F
A83	AL19	209	AL067	M
A84	AL20	210	AL070	F
A85	AL21	211	AL071	M
A86	AL22	212	AL072	F
A87	AL23	213	AL074	F
A88	AL24	214	AL077	F
A89	AL25	215	AL100	F
A90	RS01	216	RS001	?
A91	RS02	217	RS002	?
A92	RS03	218	RS003	?
A93	RS04	219	RS004	?
A94	RS05	220	RS005	?
A95	RS06	221	RS006	?
A96	RS07	222	RS007	?
A97	RS08	223	RS008	?
A98	RS09	224	RS009	?
A99	RS10	225	RS010	?
A100	RS11	226	RS011	?
A101	RS12	227	RS012	?
A102	RS13	228	RS013	?
A103	RS14	229	RS014	?
A104	RS15	230	RS015	?
A105	RS16	231	RS016	?

APÊNDICE 1 - Indivíduos amostrados com seus números de laboratório, registro no Studbook e sexo

Amostra	População	Número de laboratório	Identificação	Sexo
A106	RS17	232	RS017	?
A107	IC01	275	USP416	M
A108	IC02	276	USP417	M
A109	IC03	277	USP418	M
A110	IC04	278	USP419	M
A111	IC05	279	USP420	M
A112	IC06	280	USP421	M
A113	IC07	281	USP415	M
A114	IC08	282	USP422	F
A115	IC09	283	USP426	F
A116	JP01	284	-	M
A117	JP02	285	-	M
A118	JP03	286	-	M
A119	JP04	287	-	M
A120	JP05	288	-	M
A121	JP06	289	-	M
A122	JP07	290	-	M
A123	JP09	292	USP355	F
A124	JP10	293	USP356	M
A125	JP11	294	USP357	M
A126	JP12	295	USP358	M
A127	JP13	296	-	M
A128	RN01	297	USP351	F
A129	RN02	298	USP352	M
A130	RN03	299	USP353	M
A131	RN04	300	USP354	F
A132	RN05	301	USP450	M
A133	CAT01		CL203	M
A134	CAT02		CL25	F
A135	CAT03		CL53	F
A136	CAT04		CL106	F
A137	CAT05		CL30	M
138	CAT06		CL01	M

APÊNDICE 2 – Genótipos de todos os indivíduos em formato de três dígitos para cada alelo

Indv.	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clapμ2</i>	<i>Clapμ5</i>	<i>Clapμ6</i>	<i>Clapμ7</i>	<i>Clapμ8</i>	<i>Clapμ9</i>	<i>Clapμ10</i>
AL01	115 115	229 237	268 268	130 158	199 199	165 165	223 223	183 185	101 103	139 139	224 226
AL02	115 115	229 237	252 268	130 158	197 197	165 167	227 227	183 183	103 103	137 137	224 254
AL03	115 115	229 237	268 268	130 132	197 197	157 169	223 239	181 183	113 113	135 137	224 224
AL04	115 115	229 237	268 268	130 132	227 227	169 177	227 227	183 183	103 113	137 159	224 224
AL05	115 115	229 237	262 268	130 130	227 227	157 167	227 227	183 183	101 113	135 139	222 224
AL06	115 115	229 237	268 268	126 130	211 227	167 167	227 227	183 183	103 103	135 137	224 224
AL07	115 115	229 237	268 268	130 158	197 197	157 165	223 239	185 185	101 103	135 139	226 226
AL08	115 115	229 237	262 270	130 130	227 229	165 171	227 229	181 181	101 101	139 141	222 224
AL09	115 115	225 237	268 268	130 158	199 199	157 165	227 227	183 185	103 101	139 139	224 224
AL10	115 115	229 237	268 268	130 158	223 227	167 167	227 227	185 185	103 103	139 139	224 254
AL11	115 115	229 237	268 268	158 158	199 227	165 165	223 227	185 185	103 103	143 143	224 224
AL12	115 115	229 237	268 268	130 158	199 199	157 165	223 223	185 185	103 103	139 153	222 224
AL13	115 115	229 237	250 270	130 130	229 229	165 165	231 131	183 183	103 103	157 157	224 224
AL14	115 115	231 237	268 268	130 158	199 199	165 165	223 223	183 185	103 103	135 137	222 224
AL15	115 115	231 237	262 268	130 158	223 223	169 177	223 223	183 183	103 113	151 159	224 224
AL16	115 115	231 237	268 268	130 158	223 227	167 177	223 223	183 185	103 113	139 139	222 222
AL17	115 115	231 237	268 268	130 158	223 223	165 167	223 223	183 185	103 113	137 139	226 254
AL18	115 117	225 237	252 268	130 132	227 243	165 165	227 227	181 183	103 121	151 153	224 254
AL19	115 115	229 237	268 268	130 158	209 209	165 167	227 227	183 185	103 101	157 157	224 224
AL20	115 115	229 237	268 268	130 158	209 209	157 165	227 227	183 185	103 103	159 159	224 224
AL21	115 115	229 237	268 268	158 158	229 229	165 165	231 231	183 185	101 103	157 159	226 226
AL22	115 115	229 237	268 270	130 154	199 227	171 171	231 231	181 181	111 101	135 139	226 254
AL23	115 115	229 235	268 272	130 162	199 227	171 181	237 127	183 183	103 111	145 145	252 254
AL24	115 115	227 235	268 268	130 130	227 227	165 171	227 227	185 185	121 103	149 159	224 224

APÊNDICE 2 – Genótipos de todos os indivíduos em formato de três dígitos para cada alelo

Indv.	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clapμ2</i>	<i>Clapμ5</i>	<i>Clapμ6</i>	<i>Clapμ7</i>	<i>Clapμ8</i>	<i>Clapμ9</i>	<i>Clapμ10</i>
AL25	115 115	227 235	268 268	130 130	199 227	171 181	225 225	181 181	113 113	147 149	224 254
RS01	115 115	227 235	262 262	126 126	197 197	171 173	237 239	183 183	141 141	139 139	226 228
RS02	115 115	227 235	252 260	126 158	197 197	171 173	239 239	203 203	101 101	135 139	226 226
RS03	115 115	227 235	250 262	158 158	197 197	171 173	239 239	183 215	101 101	165 167	226 228
RS04	115 115	227 235	250 260	126 158	197 197	165 171	239 239	215 215	101 115	139 157	226 228
RS05	115 115	227 235	250 260	126 126	197 197	165 171	239 239	183 183	101 101	151 169	220 224
RS06	115 115	227 235	258 258	126 130	197 197	171 173	237 237	183 183	111 111	165 167	226 226
RS07	115 115	227 235	252 258	126 158	197 197	165 171	239 239	183 183	101 141	165 165	224 226
RS08	115 115	227 235	260 260	126 126	197 197	171 171	241 241	183 183	111 111	139 155	226 226
RS09	115 115	227 235	250 260	126 158	197 199	171 173	239 239	183 215	141 141	135 137	220 224
RS10	115 115	227 235	262 262	126 156	197 197	171 181	239 239	183 215	101 101	139 157	226 228
RS11	115 115	227 235	252 262	130 158	197 199	171 171	239 239	183 215	111 111	165 167	226 226
RS12	115 115	227 235	250 260	126 126	197 199	171 173	239 239	203 203	101 101	139 165	220 226
RS13	115 115	227 235	260 260	126 158	199 199	171 173	239 239	203 203	101 101	145 145	226 226
RS14	115 115	227 235	260 262	126 158	197 199	171 181	237 241	215 215	101 101	155 155	220 225
RS15	115 115	227 235	262 262	126 156	197 199	171 173	237 239	183 215	141 141	151 155	226 228
RS16	115 115	227 235	258 262	126 158	197 197	165 173	239 239	183 183	101 111	135 147	226 226
RS17	115 115	227 235	262 268	130 158	199 199	171 171	237 239	183 183	101 117	155 155	220 256
IC01	115 115	223 237	248 270	158 158	229 227	177 179	229 229	183 183	111 125	151 159	272 272
IC02	115 115	223 235	252 268	128 128	227 237	159 159	239 239	183 183	125 125	137 151	258 274
IC03	115 115	223 235	268 268	128 128	227 237	159 215	229 239	183 183	125 125	135 151	258 274
IC04	115 115	223 235	268 268	128 128	227 237	159 159	229 239	183 183	111 125	135 151	258 274
IC05	115 115	223 237	262 268	128 128	227 227	159 159	229 239	183 183	105 105	135 149	268 272
IC06	115 115	231 237	268 268	128 128	239 239	179 215	239 239	183 183	105 117	135 135	268 274
IC07	115 115	223 235	246 268	128 128	229 237	179 159	229 239	183 183	111 111	135 135	258 264

APÊNDICE 2 – Genótipos de todos os indivíduos em formato de três dígitos para cada alelo

Indv.	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clapμ2</i>	<i>Clapμ5</i>	<i>Clapμ6</i>	<i>Clapμ7</i>	<i>Clapμ8</i>	<i>Clapμ9</i>	<i>Clapμ10</i>
IC08	115 117	223 223	252 256	128 128	237 237	179 203	239 239	183 183	105 111	147 149	252 252
IC09	115 115	223 237	252 252	128 158	229 229	159 167	229 229	181 181	125 125	135 139	256 272
PB01	115 115	217 237	268 268	128 132	205 205	169 169	239 239	181 203	101 117	151 165	224 224
PB02	115 117	237 237	252 268	128 128	203 213	163 171	239 239	181 203	101 109	139 157	224 226
PB03	117 117	237 237	268 274	128 128	213 217	163 171	239 239	181 203	101 111	139 157	224 224
PB04	115 117	237 237	252 268	128 128	213 223	163 163	239 239	181 181	101 101	139 157	224 224
PB05	115 117	237 237	268 270	130 130	197 215	169 183	239 239	181 203	101 101	151 169	224 226
PB06	115 115	223 237	268 270	128 130	197 215	169 183	239 239	181 203	101 101	151 169	220 226
PB07	115 115	237 237	268 274	130 130	215 215	169 183	239 239	203 203	101 117	151 169	220 226
PB08	117 117	235 235	272 272	128 128	197 215	165 183	239 239	181 181	101 101	155 155	222 224
PB09	117 117	217 237	268 268	126 128	223 223	163 169	239 239	181 203	101 101	139 155	224 224
PB10	115 115	237 237	262 262	128 130	203 215	163 169	239 239	181 203	101 101	155 155	222 222
PB11	117 117	237 237	252 258	128 128	215 223	163 169	237 239	203 203	101 101	155 155	224 224
PB12	115 115	237 237	248 262	126 132	197 197	165 197	239 239	203 203	109 117	151 155	222 224
RN01	117 117	229 235	250 250	128 130	215 215	163 183	237 239	203 203	101 115	155 163	224 224
RN02	115 117	231 235	266 266	126 128	203 217	163 163	239 239	181 181	101 101	139 163	222 224
RN03	115 115	235 235	246 268	126 132	219 219	165 181	239 239	181 203	101 101	151 155	206 224
RN04	115 115	223 237	262 272	130 132	219 225	163 165	237 239	203 203	111 111	165 163	224 224
RN05	115 115	231 235	268 270	126 130	215 217	183 183	239 239	181 203	101 101	161 165	222 224
PA01	115 115	229 235	272 272	126 130	203 203	167 199	159 223	181 243	123 125	161 165	224 228
PA02	115 115	229 235	264 272	124 158	203 203	167 187	223 227	223 227	109 125	161 165	222 246
PA03	115 115	227 235	272 272	126 144	203 203	167 169	223 227	243 245	000 000	161 165	222 228
PA04	115 115	227 235	264 272	126 144	195 195	167 169	159 159	215 243	123 125	161 165	228 246
PA05	115 115	229 235	272 272	124 124	195 201	167 187	227 227	203 215	109 125	161 165	216 222
PA06	117 117	227 235	264 272	124 144	203 203	167 169	159 159	215 245	123 125	161 165	228 246

APÊNDICE 2 – Genótipos de todos os indivíduos em formato de três dígitos para cada alelo

Indv.	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clapμ2</i>	<i>Clapμ5</i>	<i>Clapμ6</i>	<i>Clapμ7</i>	<i>Clapμ8</i>	<i>Clapμ9</i>	<i>Clapμ10</i>
PA07	115 115	227 235	272 272	124 124	201 201	167 169	223 227	215 215	109 125	161 165	222 246
PA08	117 117	229 235	264 272	124 124	203 203	169 187	223 227	215 243	109 125	161 165	222 222
PA09	115 115	229 235	272 272	116 130	203 203	167 199	223 223	203 243	123 125	161 165	222 228
PT01	115 115	235 235	260 264	156 156	205 241	175 175	223 223	203 243	125 235	161 165	222 246
PT02	117 117	229 229	254 254	144 156	203 203	167 175	223 223	203 243	101 125	161 177	244 246
PT03	117 117	229 229	260 260	126 144	203 203	167 175	159 225	203 243	101 101	161 165	222 246
PT04	117 117	229 237	254 260	124 124	205 205	165 165	223 223	181 181	115 125	161 177	222 246
PT05	117 117	229 235	254 254	156 156	203 203	175 175	159 225	203 243	101 101	161 165	244 246
PT06	115 117	237 237	254 254	126 156	203 203	175 175	223 223	203 243	101 101	161 177	244 246
PT07	115 115	229 237	262 262	144 146	203 203	167 199	159 227	243 247	119 125	161 177	216 250
PT08	117 117	223 229	228 254	156 156	241 241	175 175	225 225	203 243	101 135	161 177	244 246
PT09	115 117	229 229	254 272	158 158	195 195	167 167	159 225	243 247	123 125	165 165	222 246
PT10	115 117	229 235	254 260	126 144	203 203	167 173	225 225	203 203	101 125	161 163	222 256
PT11	115 117	229 229	254 272	126 144	205 241	167 175	223 223	203 243	101 125	161 165	244 246
PT12	117 117	229 229	254 272	144 156	203 203	167 175	223 223	203 243	133 133	161 165	242 246
PT13	117 117	229 235	254 272	106 108	203 203	167 175	225 225	203 203	133 133	161 161	242 246
PT14	117 117	223 235	254 272	156 156	203 203	175 175	225 225	203 243	133 133	161 165	242 244
PT15	115 117	229 235	254 260	126 126	205 241	167 175	225 225	203 243	101 125	161 161	244 246
PT16	117 117	235 235	254 260	126 156	203 203	161 175	225 225	203 243	125 135	161 163	242 246
PT17	117 117	229 229	254 254	000 000	205 241	167 175	223 223	203 203	101 125	161 163	244 246
PT18	115 117	235 235	260 264	156 156	203 203	175 175	225 225	203 203	125 135	161 161	244 248
PT19	115 117	229 235	260 272	126 144	203 205	167 175	223 223	203 243	133 135	161 161	246 250
PT20	115 117	229 235	254 272	144 144	205 241	167 175	159 225	203 243	101 125	161 165	244 246
CH01	115 117	235 235	264 270	126 126	205 205	175 175	223 223	181 215	115 125	161 165	222 250
CH02	115 117	227 235	272 272	126 158	195 205	175 175	159 225	203 215	115 135	161 161	222 250

APÊNDICE 2 – Genótipos de todos os indivíduos em formato de três dígitos para cada alelo

Indv.	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clapμ2</i>	<i>Clapμ5</i>	<i>Clapμ6</i>	<i>Clapμ7</i>	<i>Clapμ8</i>	<i>Clapμ9</i>	<i>Clapμ10</i>
CH03	115 117	235 235	264 272	128 156	205 205	175 175	159 223	181 215	101 125	161 161	222 250
CH04	115 115	227 237	264 264	128 144	203 203	167 199	159 223	181 215	119 125	161 177	222 250
CH05	117 117	235 243	264 264	130 152	199 199	163 167	155 161	181 239	111 121	165 165	224 252
CH06	115 117	235 235	266 268	126 156	205 205	175 175	159 225	203 215	101 125	161 177	222 250
CH07	117 117	227 235	262 262	156 158	203 203	169 175	223 223	181 243	101 135	161 165	222 246
CH08	117 117	237 237	228 266	156 156	195 205	175 175	159 159	181 181	101 135	161 177	222 222
CH09	115 115	237 237	250 272	126 126	205 205	175 175	159 225	181 215	125 135	161 165	224 250
CH10	115 115	237 237	250 272	126 140	195 205	175 175	159 223	181 181	101 125	161 177	222 250
CH11	117 117	237 237	250 272	000 000	195 195	175 175	223 223	203 215	101 135	161 177	222 250
CH12	115 115	237 237	266 270	126 156	205 205	175 175	159 225	181 203	101 135	161 177	222 250
DU01	115 115	227 235	268 268	126 126	195 195	171 171	159 223	215 215	109 125	177 179	228 256
DU02	115 115	227 235	262 268	128 154	195 195	167 171	223 223	215 215	109 119	161 165	254 258
DU03	115 115	227 235	268 268	124 124	195 195	167 167	159 223	181 215	109 125	161 165	254 256
DU04	115 115	227 235	268 268	126 126	195 195	171 171	223 223	215 215	109 109	161 165	228 256
DU05	115 115	229 235	264 264	152 164	199 205	171 179	155 223	215 243	117 119	161 165	216 256
DU06	115 115	227 235	268 268	124 124	195 195	167 167	159 223	181 215	123 125	177 179	222 256
DU07	115 115	229 237	268 268	126 126	195 195	171 171	223 223	215 215	109 125	161 165	224 228
DU08	115 115	229 237	266 266	126 126	195 195	167 171	159 159	181 215	109 109	177 177	220 222
DU09	115 115	229 237	268 268	124 124	195 195	167 171	159 223	215 215	123 125	165 179	222 256
DU10	115 115	229 237	268 268	126 152	195 195	167 167	159 159	215 215	109 125	161 165	254 256
DU11	115 115	231 237	268 268	128 164	195 205	171 179	155 155	215 215	109 119	161 165	216 256
DU12	115 115	229 237	268 268	126 128	195 195	167 171	223 223	213 213	109 125	161 165	222 256
DU13	115 115	229 237	268 272	126 126	195 201	171 171	155 223	181 181	119 125	177 179	216 222
DU14	115 115	229 237	268 268	000 000	195 195	167 171	223 223	215 215	119 125	177 179	228 256

APÊNDICE 2 – Genótipos de todos os indivíduos em formato de três dígitos para cada alelo

Indv.	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clμ2</i>	<i>Clμ5</i>	<i>Clμ6</i>	<i>Clμ7</i>	<i>Clμ8</i>	<i>Clμ9</i>	<i>Clμ10</i>
DU15	115 115	229 237	268 268	126 126	195 195	171 171	219 219	215 215	109 109	177 179	228 256
DU16	115 115	229 237	268 272	126 126	195 201	171 179	159 223	181 245	109 109	177 179	216 222
DU17	115 115	229 237	268 268	124 126	195 195	167 171	223 223	215 215	109 119	161 165	254 256
DU18	115 115	229 237	262 268	124 152	195 195	167 167	223 223	181 215	109 125	177 179	228 256
DU19	115 115	229 237	266 270	126 126	195 205	171 179	159 159	215 215	109 109	161 165	216 256
DU20	115 117	235 235	268 270	126 152	195 201	000 000	159 159	215 243	109 119	161 165	216 222
DU21	115 115	229 237	266 268	152 152	195 195	167 171	155 223	215 239	109 109	177 179	216 256
DU22	115 115	229 237	264 270	126 126	195 201	171 179	159 159	181 243	109 109	177 179	216 256
DU23	115 115	237 237	266 268	120 130	195 201	167 179	159 159	181 181	119 125	177 179	216 256
CAT01	115/115	229/237	264/270	126/152	203/205	165/211	227/227	181/215	111/117	161/165	218/222
CAT02	115/117	229/237	264/270	126/154	195/231	165/223	227/227	181/215	119/119	165/165	223/223
CAT03	115/117	229/237	268/268	126/126	203/203	171/179	249/249	215/249	101/117	165/177	221/223
CAT04	115/117	229/237	240/268	126/126	203/203	167/169	223/227	215/215	109/133	161/177	226/232
CAT05	115/117	229/237	260/260	144/162	162/162	157/169	223/223	181/203	111/125	161/165	224/224
CAT06	115/115	229/237	254/258	124/132	195/205	171/187	227/227	215/215	119/139	177/177	216/223

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Amiu8	CH	AL	0,00009**	0,00006	Amiu8	AL	CH	0,00000**	0,00000
Amiu11	CH	AL	0,00009**	0,00005	Amiu11	AL	CH	0,00004**	0,00004
Amiu13	CH	AL	0,00000**	0,00000	Amiu13	AL	CH	0,00000**	0,00000
Amiu20	CH	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau2	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau5	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau6	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau6	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau7	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau8	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau9	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau9	AL	CH	0,00000**	0,00000
Clau10	CH	AL	0,00000**	0,00000	Clau10	AL	CH	0,00000**	0,00000
Amu8	DU	AL	1,00000	0,00000	Amiu8	AL	DU	1,00000	0,00000
Amiu11	DU	AL	0,13065	0,00479	Amiu11	AL	DU	0,18156	0,00585
Amiu13	DU	AL	0,08018	0,00382	Amiu13	AL	DU	0,05137	0,00291
Amiu20	DU	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau2	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau6	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau7	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau8	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau9	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau9	AL	DU	0,00000**	0,00000
Clau10	DU	AL	0,00000**	0,00000	Clau10	AL	DU	0,00000**	0,00000
Amiu8	IC	AL	1,00000	0,00000	Amiu8	AL	IC	0,45874	0,00221
Amiu11	IC	AL	0,00000**	0,00000	Amiu11	AL	IC	0,00000**	0,00000
Amiu13	IC	AL	0,06276	0,00397	Amiu13	AL	IC	0,02306*	0,00324
Amiu20	IC	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	IC	0,00000**	0,00000
Clau2	IC	AL	0,00120**	0,00035	Clau2	AL	IC	0,00000**	0,00000
Clau5	IC	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	IC	0,00000**	0,00000
Clau6	IC	AL	0,00000**	0,00000	Clau6	AL	IC	0,00000**	0,00000
Clau7	IC	AL	0,00972**	0,00090	Clau7	AL	IC	0,00167**	0,00031
Clau8	IC	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	IC	0,00000**	0,00000
Clau9	IC	AL	0,10497	0,00521	Clau9	AL	IC	0,01184*	0,00161
Clau10	IC	AL	0,00000**	0,00000	Clau10	AL	IC	0,00000**	0,00000
Amiu8	PA	AL	0,06613	0,00196	Amiu8	AL	PA	0,01552*	0,00075
Amiu11	PA	AL	0,00000**	0,00000	Amiu11	AL	PA	0,00000**	0,00000
Amiu13	PA	AL	0,00000**	0,00000	Amiu13	AL	PA	0,00000**	0,00000
Amiu20	PA	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	PA	0,00000**	0,00000
Clau2	PA	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	PA	0,00000**	0,00000
Clau5	PA	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	PA	0,00000**	0,00000
Clau6	PA	AL	0,07866	0,00336	Clau6	AL	PA	0,02514*	0,00283
Clau7	PA	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	PA	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau8	PA	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	PA	0,00000**	0,00000
Clau9	PA	AL	0,00000**	0,00000	Clau9	AL	PA	0,00000**	0,00000
Clau10	PA	AL	0,00000**	0,00000	Clau10	AL	PA	0,00000**	0,00000
Amiu8	PB	AL	0,00037**	0,00013	Amiu8	AL	PB	0,00000**	0,00000
Amiu11	PB	AL	0,00014**	0,00009	Amiu11	AL	PB	0,00012**	0,00008
Amiu13	PB	AL	0,05290	0,00282	Amiu13	AL	PB	0,00818**	0,00133
Amiu20	PB	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau2	PB	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau5	PB	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau6	PB	AL	0,00000**	0,00000	Clau6	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau7	PB	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau8	PB	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau9	PB	AL	0,00001**	0,00001	Clau9	AL	PB	0,00000**	0,00000
Clau10	PB	AL	0,10687	0,00356	Clau10	AL	PB	0,12433	0,00501
Amiu8	PT	AL	0,00000**	0,00000	Amiu8	AL	PT	0,00000**	0,00000
Amiu11	PT	AL	0,00005**	0,00004	Amiu11	AL	PT	0,00000**	0,00000
Amiu13	PT	AL	0,00000**	0,00000	Amiu13	AL	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau2	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau6	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau9	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau9	AL	PT	0,00000**	0,00000
Clau10	PT	AL	0,00000**	0,00000	Clau10	AL	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	RN	AL	0,04300*	0,00144	Amiu8	AL	RN	0,01165*	0,00058
Amiu11	RN	AL	0,00168**	0,00043	Amiu11	AL	RN	0,00058**	0,00017
Amiu13	RN	AL	0,00469**	0,00083	Amiu13	AL	RN	0,00018**	0,00009
Amiu20	RN	AL	0,00005**	0,00004	Amiu20	AL	RN	0,00040**	0,00024
Clau2	RN	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	RN	0,00000**	0,00000
Clau5	RN	AL	0,00009**	0,00005	Clau5	AL	RN	0,00004**	0,00004
Clau6	RN	AL	0,00029**	0,00014	Clau6	AL	RN	0,00000**	0,00000
Clau7	RN	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	RN	0,00000**	0,00000
Clau8	RN	AL	0,00002**	0,00001	Clau8	AL	RN	0,00015**	0,00010
Clau9	RN	AL	0,00050**	0,00025	Clau9	AL	RN	0,00017**	0,00016
Clau10	RN	AL	0,15135	0,00425	Clau10	AL	RN	0,19975	0,00671
Amiu8	RS	AL	1,00000	0,00000	Amiu8	AL	RS	1,00000	0,00000
Amiu11	RS	AL	0,00000**	0,00000	Amiu11	AL	RS	0,00000**	0,00000
Amiu13	RS	AL	0,00000**	0,00000	Amiu13	AL	RS	0,00000**	0,00000
Amiu20	RS	AL	0,00000**	0,00000	Amiu20	AL	RS	0,00000**	0,00000
Clau2	RS	AL	0,00000**	0,00000	Clau2	AL	RS	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau5	RS	AL	0,00000**	0,00000	Clau5	AL	RS	0,00000**	0,00000
Clau6	RS	AL	0,00000**	0,00000	Clau6	AL	RS	0,00000**	0,00000
Clau7	RS	AL	0,00000**	0,00000	Clau7	AL	RS	0,00000**	0,00000
Clau8	RS	AL	0,00000**	0,00000	Clau8	AL	RS	0,00000**	0,00000
Clau9	RS	AL	0,00262**	0,00071	Clau9	AL	RS	0,00000**	0,00000
Clau10	RS	AL	0,00000**	0,00000	Clau10	AL	RS	0,00000**	0,00000
Amiu8	DU	CH	0,00015**	0,00009	Amiu8	CH	DU	0,00003**	0,00003
Amiu11	DU	CH	0,00623**	0,00106	Amiu11	CH	DU	0,00379**	0,00071
Amiu13	DU	CH	0,00001**	0,00001	Amiu13	CH	DU	0,00000**	0,00000
Amiu20	DU	CH	0,00209**	0,00045	Amiu20	CH	DU	0,00103**	0,00065
Clau2	DU	CH	0,00000**	0,00000	Clau2	CH	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	CH	0,00000**	0,00000	Clau5	CH	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	CH	0,06698	0,00266	Clau6	CH	DU	0,03270*	0,00241
Clau7	DU	CH	0,01344*	0,00142	Clau7	CH	DU	0,00296**	0,00073
Clau8	DU	CH	0,00000**	0,00000	Clau8	CH	DU	0,00000**	0,00000
Clau9	DU	CH	0,00702**	0,00111	Clau9	CH	DU	0,00973**	0,00101
Clau10	DU	CH	0,00000**	0,00000	Clau10	CH	DU	0,00000**	0,00000
Amiu8	PT	CH	0,23124	0,00326	Amiu8	CH	PT	0,12040	0,00284
Amiu11	PT	CH	0,00003**	0,00003	Amiu11	CH	PT	0,00000**	0,00000
Amiu13	PT	CH	0,00000**	0,00000	Amiu13	CH	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	CH	0,15861	0,00578	Amiu20	CH	PT	0,06698	0,00485
Clau2	PT	CH	0,00275**	0,00062	Clau2	CH	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	CH	0,08049	0,00379	Clau5	CH	PT	0,04965	0,00369
Clau6	PT	CH	0,05663	0,00299	Clau6	CH	PT	0,01515*	0,00199
Clau7	PT	CH	0,00000**	0,00000	Clau7	CH	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	CH	0,15695	0,00451	Clau8	CH	PT	0,10267	0,00565
Clau9	PT	CH	0,25085	0,00377	Clau9	CH	PT	0,42349	0,00553
Clau10	PT	CH	0,00000**	0,00000	Clau10	CH	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	PT	DU	0,00000**	0,00000	Amiu8	DU	PT	0,00000**	0,00000
Amiu11	PT	DU	0,00140**	0,00036	Amiu11	DU	PT	0,00075**	0,00031
Amiu13	PT	DU	0,00000**	0,00000	Amiu13	DU	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	DU	0,00000**	0,00000	Amiu20	DU	PT	0,00000**	0,00000
Clau2	PT	DU	0,00000**	0,00000	Clau2	DU	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	DU	0,00000**	0,00000	Clau5	DU	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	DU	0,00002**	0,00002	Clau6	DU	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	DU	0,00000**	0,00000	Clau7	DU	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	DU	0,00000**	0,00000	Clau8	DU	PT	0,00000**	0,00000
Clau9	PT	DU	0,00009**	0,00005	Clau9	DU	PT	0,00004**	0,00004
Clau10	PT	DU	0,00000**	0,00000	Clau10	DU	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	CH	IC	0,01100*	0,00058	Amiu8	IC	CH	0,00219**	0,00028
Amiu11	CH	IC	0,00082**	0,00023	Amiu11	IC	CH	0,00054**	0,00030

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Amiu13	CH	IC	0,00060**	0,00032	Amiu13	IC	CH	0,00000**	0,00000
Amiu20	CH	IC	0,00001**	0,00001	Amiu20	IC	CH	0,00000**	0,00000
Clau2	CH	IC	0,00000**	0,00000	Clau2	IC	CH	0,00000**	0,00000
Clau5	CH	IC	0,00000**	0,00000	Clau5	IC	CH	0,00000**	0,00000
Clau6	CH	IC	0,00000**	0,00000	Clau6	IC	CH	0,00000**	0,00000
Clau7	CH	IC	0,00000**	0,00000	Clau7	IC	CH	0,00000**	0,00000
Clau8	CH	IC	0,00003**	0,00003	Clau8	IC	CH	0,00047**	0,00030
Clau9	CH	IC	0,00000**	0,00000	Clau9	IC	CH	0,00000**	0,00000
Clau10	CH	IC	0,00000**	0,00000	Clau10	IC	CH	0,00000**	0,00000
Amiu8	DU	IC	1,00000	0,00000	Amiu8	IC	DU	0,48350	0,00224
Amiu11	DU	IC	0,00000**	0,00000	Amiu11	IC	DU	0,00000**	0,00000
Amiu13	DU	IC	0,00974**	0,00121	Amiu13	IC	DU	0,00258**	0,00082
Amiu20	DU	IC	0,00000**	0,00000	Amiu20	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau2	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau2	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau5	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau6	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau7	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau7	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau8	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau8	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau9	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau9	IC	DU	0,00000**	0,00000
Clau10	DU	IC	0,00000**	0,00000	Clau10	IC	DU	0,00000**	0,00000
Amiu8	PA	IC	0,47205	0,00296	Amiu8	IC	PA	0,34037	0,00248
Amiu11	PA	IC	0,00001**	0,00001	Amiu11	IC	PA	0,00000**	0,00000
Amiu13	PA	IC	0,00000**	0,00000	Amiu13	IC	PA	0,00000**	0,00000
Amiu20	PA	IC	0,00003**	0,00003	Amiu20	IC	PA	0,00000**	0,00000
Clau2	PA	IC	0,00002**	0,00002	Clau2	IC	PA	0,00000**	0,00000
Clau5	PA	IC	0,00004**	0,00004	Clau5	IC	PA	0,00000**	0,00000
Clau6	PA	IC	0,00004**	0,00004	Clau6	IC	PA	0,00000**	0,00000
Clau7	PA	IC	0,00012**	0,00008	Clau7	IC	PA	0,00000**	0,00000
Clau8	PA	IC	0,00010**	0,00006	Clau8	IC	PA	0,00041**	0,00018
Clau9	PA	IC	0,00007**	0,00007	Clau9	IC	PA	0,00000**	0,00000
Clau10	PA	IC	0,00009**	0,00009	Clau10	IC	PA	0,00000**	0,00000
Amiu8	PB	IC	0,02689**	0,00105	Amiu8	IC	PB	0,00514**	0,00043
Amiu11	PB	IC	0,00096**	0,00025	Amiu11	IC	PB	0,00007**	0,00006
Amiu13	PB	IC	0,85489	0,00389	Amiu13	IC	PB	0,73088	0,00598
Amiu20	PB	IC	0,01533*	0,00104	Amiu20	IC	PB	0,00402**	0,00061
Clau2	PB	IC	0,00000**	0,00000	Clau2	IC	PB	0,00000**	0,00000
Clau5	PB	IC	0,00000**	0,00000	Clau5	IC	PB	0,00000**	0,00000
Clau6	PB	IC	0,00173**	0,00039	Clau6	IC	PB	0,00030**	0,00017
Clau7	PB	IC	0,00003**	0,00003	Clau7	IC	PB	0,00000**	0,00000
Clau8	PB	IC	0,00000**	0,00000	Clau8	IC	PB	0,00000**	0,00000
Clau9	PB	IC	0,00020**	0,00013	Clau9	IC	PB	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau10	PB	IC	0,00000**	0,00000	Clau10	IC	PB	0,00000**	0,00000
Amiu8	PT	IC	0,00012**	0,00005	Amiu8	IC	PT	0,00000**	0,00000
Amiu11	PT	IC	0,00000**	0,00000	Amiu11	IC	PT	0,00000**	0,00000
Amiu13	PT	IC	0,00000**	0,00000	Amiu13	IC	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	IC	0,00000**	0,00000	Amiu20	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau2	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau2	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau5	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau6	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau7	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau8	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau9	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau9	IC	PT	0,00000**	0,00000
Clau10	PT	IC	0,00000**	0,00000	Clau10	IC	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	RN	IC	0,42480	0,00259	Amiu8	IC	RN	0,11479**	0,00207
Amiu11	RN	IC	0,07067	0,00274	Amiu11	IC	RN	0,06507**	0,00239
Amiu13	RN	IC	0,25966	0,00465	Amiu13	IC	RN	0,03690**	0,00313
Amiu20	RN	IC	0,00029**	0,00012	Amiu20	IC	RN	0,00000**	0,00000
Clau2	RN	IC	0,00056**	0,00021	Clau2	IC	RN	0,00000**	0,00000
Clau5	RN	IC	0,00026**	0,00013	Clau5	IC	RN	0,00000**	0,00000
Clau6	RN	IC	0,01511*	0,00089	Clau6	IC	RN	0,00807**	0,00074
Clau7	RN	IC	0,00251**	0,00039	Clau7	IC	RN	0,00000**	0,00000
Clau8	RN	IC	0,00244**	0,00046	Clau8	IC	RN	0,00004**	0,00004
Clau9	RN	IC	0,00067**	0,00019	Clau9	IC	RN	0,00104**	0,00050
Clau10	RN	IC	0,00048**	0,00018	Clau10	IC	RN	0,00001**	0,00001
Amiu8	CH	PA	0,21093	0,00289	Amiu8	PA	CH	0,10480	0,00237
Amiu11	CH	PA	0,00247**	0,00039	Amiu11	PA	CH	0,00034**	0,00014
Amiu13	CH	PA	0,01677*	0,00130	Amiu13	PA	CH	0,01199*	0,00140
Amiu20	CH	PA	0,00143**	0,00044	Amiu20	PA	CH	0,00038**	0,00019
Clau2	CH	PA	0,00227**	0,00045	Clau2	PA	CH	0,00000**	0,00000
Clau5	CH	PA	0,00030**	0,00023	Clau5	PA	CH	0,00000**	0,00000
Clau6	CH	PA	0,01182*	0,00099	Clau6	PA	CH	0,01016*	0,00140
Clau7	CH	PA	0,00304**	0,00059	Clau7	PA	CH	0,00444**	0,00082
Clau8	CH	PA	0,00000**	0,00000	Clau8	PA	CH	0,00013**	0,00009
Clau9	CH	PA	0,01259*	0,00105	Clau9	PA	CH	0,02908*	0,00134
Clau10	CH	PA	0,00010**	0,00006	Clau10	PA	CH	0,00097**	0,00041
Amiu8	DU	PA	0,07449	0,00233	Amiu8	PA	DU	0,01882*	0,00080
Amiu11	DU	PA	0,00346**	0,00053	Amiu11	PA	DU	0,00165**	0,00038
Amiu13	DU	PA	0,00000**	0,00000	Amiu13	PA	DU	0,00000**	0,00000
Amiu20	DU	PA	0,00344**	0,00096	Amiu20	PA	DU	0,00055**	0,00025
Clau2	DU	PA	0,00000**	0,00000	Clau2	PA	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	PA	0,00000**	0,00000	Clau5	PA	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	PA	0,00517**	0,00079	Clau6	PA	DU	0,00170**	0,00037

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau7	DU	PA	0,00598**	0,00089	Clau7	PA	DU	0,00094**	0,00043
Clau8	DU	PA	0,00466**	0,00066	Clau8	PA	DU	0,00748**	0,00091
Clau9	DU	PA	0,00723**	0,00088	Clau9	PA	DU	0,00164**	0,00039
Clau10	DU	PA	0,00000**	0,00000	Clau10	PA	DU	0,00012**	0,00009
Amiu8	PT	PA	0,00800**	0,00064	Amiu8	PA	PT	0,00130**	0,00028
Amiu11	PT	PA	0,00419**	0,00066	Amiu11	PA	PT	0,00758**	0,00086
Amiu13	PT	PA	0,00000**	0,00000	Amiu13	PA	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	PA	0,00349**	0,00078	Amiu20	PA	PT	0,00011**	0,00006
Clau2	PT	PA	0,01542*	0,00127	Clau2	PA	PT	0,00193**	0,00044
Clau5	PT	PA	0,00000**	0,00000	Clau5	PA	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	PA	0,00168**	0,00033	Clau6	PA	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	PA	0,00000**	0,00000	Clau7	PA	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	PA	0,00009**	0,00009	Clau8	PA	PT	0,00003**	0,00003
Clau9	PT	PA	0,02589*	0,00149	Clau9	PA	PT	0,11008	0,00310
Clau10	PT	PA	0,00000**	0,00000	Clau10	PA	PT	0,00010**	0,00006
Amiu8	CH	PB	1,00000	0,00000	Amiu8	PB	CH	1,00000	0,00000
Amiu11	CH	PB	0,01958*	0,00167	Amiu11	PB	CH	0,00367**	0,00078
Amiu13	CH	PB	0,00203**	0,00048	Amiu13	PB	CH	0,00006**	0,00005
Amiu20	CH	PB	0,00000**	0,00000	Amiu20	PB	CH	0,00000**	0,00000
Clau2	CH	PB	0,00013**	0,00013	Clau2	PB	CH	0,00000**	0,00000
Clau5	CH	PB	0,00000**	0,00000	Clau5	PB	CH	0,00000**	0,00000
Clau6	CH	PB	0,00000**	0,00000	Clau6	PB	CH	0,00000**	0,00000
Clau7	CH	PB	0,00010**	0,00005	Clau7	PB	CH	0,00193**	0,00064
Clau8	CH	PB	0,00000**	0,00000	Clau8	PB	CH	0,00000**	0,00000
Clau9	CH	PB	0,00000**	0,00000	Clau9	PB	CH	0,00000**	0,00000
Clau10	CH	PB	0,00000**	0,00000	Clau10	PB	CH	0,00000**	0,00000
Amiu8	DU	PB	0,00041**	0,00012	Amiu8	PB	DU	0,00000**	0,00000
Amiu11	DU	PB	0,00027**	0,00014	Amiu11	PB	DU	0,00000**	0,00000
Amiu13	DU	PB	0,01545*	0,00140	Amiu13	PB	DU	0,00411**	0,00087
Amiu20	DU	PB	0,00000**	0,00000	Amiu20	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau2	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau2	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau5	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau6	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau7	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau7	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau8	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau8	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau9	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau9	PB	DU	0,00000**	0,00000
Clau10	DU	PB	0,00000**	0,00000	Clau10	PB	DU	0,00000**	0,00000
Amiu8	PA	PB	0,33076	0,00322	Amiu8	PB	PA	0,19176	0,00257
Amiu11	PA	PB	0,00000**	0,00000	Amiu11	PB	PA	0,00000**	0,00000
Amiu13	PA	PB	0,00004**	0,00004	Amiu13	PB	PA	0,00000**	0,00000
Amiu20	PA	PB	0,00000**	0,00000	Amiu20	PB	PA	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau2	PA	PB	0,00008**	0,00008	Clau2	PB	PA	0,00000**	0,00000
Clau5	PA	PB	0,00000**	0,00000	Clau5	PB	PA	0,00000**	0,00000
Clau6	PA	PB	0,00005**	0,00005	Clau6	PB	PA	0,00000**	0,00000
Clau7	PA	PB	0,00000**	0,00000	Clau7	PB	PA	0,00000**	0,00000
Clau8	PA	PB	0,00000**	0,00000	Clau8	PB	PA	0,00000**	0,00000
Clau9	PA	PB	0,00000**	0,00000	Clau9	PB	PA	0,00000**	0,00000
Clau10	PA	PB	0,00000**	0,00000	Clau10	PB	PA	0,00000**	0,00000
Amiu8	PT	PB	0,11273	0,00233	Amiu8	PB	PT	0,06626	0,00215
Amiu11	PT	PB	0,00000**	0,00000	Amiu11	PB	PT	0,00000**	0,00000
Amiu13	PT	PB	0,00000**	0,00000	Amiu13	PB	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	PB	0,00000**	0,00000	Amiu20	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau2	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau2	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau5	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau6	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau7	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau8	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau9	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau9	PB	PT	0,00000**	0,00000
Clau10	PT	PB	0,00000**	0,00000	Clau10	PB	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	RN	PB	0,56379	0,00282	Amiu8	PB	RN	0,46657	0,00264
Amiu11	RN	PB	0,00249*	0,00041	Amiu11	PB	RN	0,00010**	0,00010
Amiu13	RN	PB	0,33502	0,00631	Amiu13	PB	RN	0,08352	0,00557
Amiu20	RN	PB	0,22478	0,00466	Amiu20	PB	RN	0,11177	0,00319
Clau2	RN	PB	0,04831*	0,00246	Clau2	PB	RN	0,01800*	0,00174
Clau5	RN	PB	0,10498	0,00359	Clau5	PB	RN	0,13480	0,00448
Clau6	RN	PB	0,51647	0,00162	Clau6	PB	RN	0,20036	0,00228
Clau7	RN	PB	1,00000	0,00000	Clau7	PB	RN	1,00000	0,00000
Clau8	RN	PB	0,21930	0,00443	Clau8	PB	RN	0,17888	0,00467
Clau9	RN	PB	0,04218*	0,00230	Clau9	PB	RN	0,03590*	0,00222
Clau10	RN	PB	0,27836	0,00384	Clau10	PB	RN	0,38455	0,00501
Amiu8	CH	RN	0,53952	0,00243	Amiu8	RN	CH	0,45613	0,00269
Amiu11	CH	RN	0,03405*	0,00200	Amiu11	RN	CH	0,01885*	0,00183
Amiu13	CH	RN	0,61180	0,00605	Amiu13	RN	CH	0,33580	0,00683
Amiu20	CH	RN	0,03353*	0,00182	Amiu20	RN	CH	0,05689	0,00318
Clau2	CH	RN	0,00109**	0,00024	Clau2	RN	CH	0,00000**	0,00000
Clau5	CH	RN	0,00071**	0,00027	Clau5	RN	CH	0,00000**	0,00000
Clau6	CH	RN	0,00011**	0,00006	Clau6	RN	CH	0,00000**	0,00000
Clau7	CH	RN	0,04332*	0,00190	Clau7	RN	CH	0,05117	0,00304
Clau8	CH	RN	0,05550	0,00246	Clau8	RN	CH	0,05127	0,00272
Clau9	CH	RN	0,00090**	0,00034	Clau9	RN	CH	0,00011**	0,00008
Clau10	CH	RN	0,00078**	0,00025	Clau10	RN	CH	0,00035**	0,00013
Amiu8	DU	RN	0,04981*	0,00153	Amiu8	RN	DU	0,01653*	0,00088

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Amiu11	DU	RN	0,00801**	0,00132	Amiu11	RN	DU	0,00246**	0,00042
Amiu13	DU	RN	0,05405	0,00321	Amiu13	RN	DU	0,00571**	0,00116
Amiu20	DU	RN	0,00869**	0,00132	Amiu20	RN	DU	0,00406**	0,00101
Clau2	DU	RN	0,00000**	0,00000	Clau2	RN	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	RN	0,00000**	0,00000	Clau5	RN	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	RN	0,00000**	0,00000	Clau6	RN	DU	0,00000**	0,00000
Clau7	DU	RN	0,00000**	0,00000	Clau7	RN	DU	0,00000**	0,00000
Clau8	DU	RN	0,00000**	0,00000	Clau8	RN	DU	0,00000**	0,00000
Clau9	DU	RN	0,00022**	0,00013	Clau9	RN	DU	0,00000**	0,00000
Clau10	DU	RN	0,00000**	0,00000	Clau10	RN	DU	0,00000**	0,00000
Amiu8	PA	RN	1,00000	0,00000	Amiu8	RN	PA	0,67431	0,00194
Amiu11	PA	RN	0,02147*	0,00125	Amiu11	RN	PA	0,04760*	0,00257
Amiu13	PA	RN	0,00054**	0,00018	Amiu13	RN	PA	0,00012**	0,00012
Amiu20	PA	RN	0,00621**	0,00072	Amiu20	RN	PA	0,00587**	0,00100
Clau2	PA	RN	0,00286**	0,00049	Clau2	RN	PA	0,00010**	0,00009
Clau5	PA	RN	0,00052**	0,00015	Clau5	RN	PA	0,00000**	0,00000
Clau6	PA	RN	0,00077**	0,00024	Clau6	RN	PA	0,00000**	0,00000
Clau7	PA	RN	0,00126**	0,00029	Clau7	RN	PA	0,00131**	0,00033
Clau8	PA	RN	0,00053**	0,00014	Clau8	RN	PA	0,00000**	0,00000
Clau9	PA	RN	0,00431**	0,00064	Clau9	RN	PA	0,00109**	0,00027
Clau10	PA	RN	0,00064**	0,00021	Clau10	RN	PA	0,00089**	0,00031
Amiu8	PT	RN	0,05216	0,00155	Amiu8	RN	PT	0,02950*	0,00111
Amiu11	PT	RN	0,03400*	0,00198	Amiu11	RN	PT	0,01540*	0,00143
Amiu13	PT	RN	0,00039**	0,00022	Amiu13	RN	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	RN	0,00019**	0,00009	Amiu20	RN	PT	0,00000**	0,00000
Clau2	PT	RN	0,00000**	0,00000	Clau2	RN	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	RN	0,00005**	0,00004	Clau5	RN	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	RN	0,00002**	0,00002	Clau6	RN	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	RN	0,01061*	0,00086	Clau7	RN	PT	0,00549**	0,00062
Clau8	PT	RN	0,02082*	0,00223	Clau8	RN	PT	0,01163*	0,00132
Clau9	PT	RN	0,00076**	0,00027	Clau9	RN	PT	0,00023**	0,00012
Clau10	PT	RN	0,00005**	0,00005	Clau10	RN	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	CH	RS	0,00014**	0,00008	Amiu8	RS	CH	0,00000**	0,00000
Amiu11	CH	RS	0,00000**	0,00000	Amiu11	RS	CH	0,00000**	0,00000
Amiu13	CH	RS	0,00000**	0,00000	Amiu13	RS	CH	0,00000**	0,00000
Amiu20	CH	RS	0,00954**	0,00101	Amiu20	RS	CH	0,00618**	0,00108
Clau2	CH	RS	0,00000**	0,00000	Clau2	RS	CH	0,00000**	0,00000
Clau5	CH	RS	0,00000**	0,00000	Clau5	RS	CH	0,00000**	0,00000
Clau6	CH	RS	0,00000**	0,00000	Clau6	RS	CH	0,00000**	0,00000
Clau7	CH	RS	0,00000**	0,00000	Clau7	RS	CH	0,00000**	0,00000
Clau8	CH	RS	0,00003**	0,00003	Clau8	RS	CH	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau9	CH	RS	0,00000**	0,00000	Clau9	RS	CH	0,00000**	0,00000
Clau10	CH	RS	0,00000**	0,00000	Clau10	RS	CH	0,00000**	0,00000
Amiu8	DU	RS	1,00000	0,00000	Amiu8	RS	DU	1,00000	0,00000
Amiu11	DU	RS	0,00000**	0,00000	Amiu11	RS	DU	0,00000**	0,00000
Amiu13	DU	RS	0,00000**	0,00000	Amiu13	RS	DU	0,00000**	0,00000
Amiu20	DU	RS	0,00000**	0,00000	Amiu20	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau2	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau2	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau5	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau5	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau6	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau6	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau7	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau7	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau8	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau8	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau9	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau9	RS	DU	0,00000**	0,00000
Clau10	DU	RS	0,00000**	0,00000	Clau10	RS	DU	0,00000**	0,00000
Amiu8	IC	RS	0,34268	0,00166	Amiu8	RS	IC	0,34438	0,00199
Amiu11	IC	RS	0,00000**	0,00000	Amiu11	RS	IC	0,00000**	0,00000
Amiu13	IC	RS	0,00000**	0,00000	Amiu13	RS	IC	0,00000**	0,00000
Amiu20	IC	RS	0,00000**	0,00000	Amiu20	RS	IC	0,00000**	0,00000
Clau2	IC	RS	0,00000**	0,00000	Clau2	RS	IC	0,00000**	0,00000
Clau5	IC	RS	0,00000**	0,00000	Clau5	RS	IC	0,00000**	0,00000
Clau6	IC	RS	0,00039**	0,00015	Clau6	RS	IC	0,00000**	0,00000
Clau7	IC	RS	0,01357*	0,00102	Clau7	RS	IC	0,00182**	0,00033
Clau8	IC	RS	0,00000**	0,00000	Clau8	RS	IC	0,00000**	0,00000
Clau9	IC	RS	0,00525**	0,00086	Clau9	RS	IC	0,00088**	0,00031
Clau10	IC	RS	0,00000**	0,00000	Clau10	RS	IC	0,00000**	0,00000
Amiu8	PA	RS	0,11004	0,00170	Amiu8	RS	PA	0,01039*	0,00063
Amiu11	PA	RS	0,00141**	0,00022	Amiu11	RS	PA	0,00381**	0,00056
Amiu13	PA	RS	0,00000**	0,00000	Amiu13	RS	PA	0,00000**	0,00000
Amiu20	PA	RS	0,00000**	0,00000	Amiu20	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau2	PA	RS	0,00000**	0,00000	Clau2	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau5	PA	RS	0,00000**	0,00000	Clau5	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau6	PA	RS	0,00000**	0,00000	Clau6	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau7	PA	RS	0,00005**	0,00004	Clau7	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau8	PA	RS	0,00000**	0,00000	Clau8	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau9	PA	RS	0,00000**	0,00000	Clau9	RS	PA	0,00000**	0,00000
Clau10	PA	RS	0,00000**	0,00000	Clau10	RS	PA	0,00000**	0,00000
Amiu8	PB	RS	0,00048**	0,00013	Amiu8	RS	PB	0,00000**	0,00000
Amiu11	PB	RS	0,00000**	0,00000	Amiu11	RS	PB	0,00000**	0,00000
Amiu13	PB	RS	0,00006**	0,00006	Amiu13	RS	PB	0,00000**	0,00000
Amiu20	PB	RS	0,00000**	0,00000	Amiu20	RS	PB	0,00000**	0,00000
Clau2	PB	RS	0,00000**	0,00000	Clau2	RS	PB	0,00000**	0,00000
Clau5	PB	RS	0,00000**	0,00000	Clau5	RS	PB	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 3. Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas

Diferenciação genotípica					Diferenciação gênica				
Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP	Locos	Pop1	Pop2	Prob	EP
Clau6	PB	RS	0,17815	0,00406	Clau6	RS	PB	0,07460	0,00235
Clau7	PB	RS	0,00000**	0,00000	Clau7	RS	PB	0,00000**	0,00000
Clau8	PB	RS	0,03838*	0,00221	Clau8	RS	PB	0,00449**	0,00079
Clau9	PB	RS	0,15031	0,00566	Clau9	RS	PB	0,09741	0,00499
Clau10	PB	RS	0,00003**	0,00002	Clau10	RS	PB	0,00000**	0,00000
Amiu8	PT	RS	0,00000**	0,00000	Amiu8	RS	PT	0,00000**	0,00000
Amiu11	PT	RS	0,00000**	0,00000	Amiu11	RS	PT	0,00000**	0,00000
Amiu13	PT	RS	0,00000**	0,00000	Amiu13	RS	PT	0,00000**	0,00000
Amiu20	PT	RS	0,00000**	0,00000	Amiu20	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau2	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau2	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau5	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau5	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau6	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau6	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau7	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau7	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau8	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau8	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau9	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau9	RS	PT	0,00000**	0,00000
Clau10	PT	RS	0,00000**	0,00000	Clau10	RS	PT	0,00000**	0,00000
Amiu8	RN	RS	0,04514*	0,00136	Amiu8	RS	RN	0,00873**	0,00055
Amiu11	RN	RS	0,00000**	0,00000	Amiu11	RS	RN	0,00000**	0,00000
Amiu13	RN	RS	0,00392**	0,00065	Amiu13	RS	RN	0,00060**	0,00035
Amiu20	RN	RS	0,00003**	0,00003	Amiu20	RS	RN	0,00064**	0,00025
Clau2	RN	RS	0,00001**	0,00001	Clau2	RS	RN	0,00000**	0,00000
Clau5	RN	RS	0,00002**	0,00002	Clau5	RS	RN	0,00000**	0,00000
Clau6	RN	RS	0,84367	0,00300	Clau6	RS	RN	1,00000	0,00000
Clau7	RN	RS	0,00025**	0,00008	Clau7	RS	RN	0,00000**	0,00000
Clau8	RN	RS	0,66992	0,00465	Clau8	RS	RN	0,44656	0,00501
Clau9	RN	RS	0,21443	0,00589	Clau9	RS	RN	0,17136	0,00685
Clau10	RN	RS	0,00000**	0,00000	Clau10	RS	RN	0,00004**	0,00004