

**Universidade de São Paulo  
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Genética populacional de espécies frutíferas nativas de *Eugenia* spp.  
(*Myrtaceae*) visando a conservação e o melhoramento**

**Laecio Fernandes Souza Sampaio**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em  
Ciências. Área de concentração: Fitotecnia

**Piracicaba  
2023**

**Laécio Fernandes Souza Sampaio**  
**Engenheiro Agrônomo**

**Genética populacional de espécies frutíferas nativas de *Eugenia* spp. (*Myrtaceae*)  
visando a conservação e o melhoramento**

Orientador:

Prof. Dr. **FRANCISCO DE ASSIS ALVES MOURÃO FILHO**

Coorientador:

Prof. Dr. **ANTONIO VARGAS DE OLIVEIRA FIGUEIRA**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em  
Ciências. Área de concentração: Fitotecnia

**Piracicaba**  
**2023**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Sampaio, Laecio Fernandes Souza

Genética populacional de espécies frutíferas nativas de *Eugenia* spp. (*Myrtaceae*) visando a conservação e o melhoramento / Laecio Fernandes Souza Sampaio. -- Piracicaba, 2023.

77 p.

Tese (Doutorado) - - USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Diversidade genética 2. Marcadores SNP 3. Genotipagem por sequenciamento 4. Mata Atlântica I. Título

## RESUMO

### Genética populacional de espécies frutíferas nativas de *Eugenia* spp. (Myrtaceae) visando a conservação e o melhoramento

Espécies como uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess), grumixama (*Eugenia brasiliensis* Lam.) e cereja-do-Rio Grande (*Eugenia involucrata* DC.) despertam interesse por produzirem frutos aromáticos, saborosos, nutritivos e apresentarem inúmeros compostos fenólicos e antioxidantes naturais. O conhecimento sobre a diversidade genética e a estrutura populacional dessas espécies é limitado, o que dificulta o estabelecimento de estratégias de manejo, conservação, melhoramento e exploração desses recursos genéticos. No presente estudo, analisou-se a diversidade genômica e a estrutura populacional de acessos de uvaia, grumixama e cereja-do-Rio Grande depositados em coleções de instituições de pesquisa, utilizados para arborização urbana e mantidos por pequenos agricultores de São Paulo e Minas Gerais, utilizando marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) originados de genotipagem por sequenciamento (*genotype by sequencing* - GBS). Foram identificados 2299 SNPs entre acessos de grumixama, 2872 SNPs para uvaia e 1471 SNPs para cereja-do-Rio Grande. Os marcadores identificados foram eficazes na caracterização da diversidade genômica e estrutura populacional das três espécies em estudo. Os níveis de diversidade genômica e endogamia foram compatíveis com a biologia de cada espécie. Foi observada grande diferenciação genética entre as coleções dentro de cada uma das espécies. A aplicação de abordagens genômicas populacionais podem ser valiosas para o estabelecimento de melhores práticas de manejo dessas culturas, promovendo a conservação e valorização dos recursos genéticos nativos brasileiros.

Palavras-chave: Diversidade genética, Marcadores SNP, Genotipagem por sequenciamento, Mata Atlântica

## ABSTRACT

### **Population genetics of native fruit species of *Eugenia* spp. (Myrtaceae) for conservation and improvement**

Species such as uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess), grumixama (*Eugenia brasiliensis* Lam.), and cereja-do-Rio Grande (*Eugenia involucrata* DC.) have aromatic, tasty, nutritious fruits and have numerous phenolic compounds and natural antioxidants. Knowledge about the genetic diversity and population structure of these species is limited, which makes it difficult to establish management, conservation, improvement and exploitation strategies for these genetic resources. In the present study, we analyzed the genomic diversity and population structure of uvaia, grumixama and cereja-do-Rio Grande accessions deposited in collections of research institutions, used for urban afforestation and maintained by small farmers in the state of São Paulo and Minas Gerais, using markers of single nucleotide polymorphism (SNP) originated from sequencing genotyping (GBS). We identified 2299 SNPs for grumixama, 2872 SNPs for uvaia and 1471 SNPs for cereja-do-Rio Grande. The identified markers were effective in characterizing the genomic diversity and population structure of the three species under study. The levels of genomic diversity and inbreeding were compatible with the biology of each species. Great genetic differentiation was observed between the collections within each of the species. The application of population genomic approaches can be valuable for the establishment of better management practices for these cultures, promoting the conservation and valorization of Brazilian native genetic resources.

Keywords: Genetic diversity, SNP markers, Genotyping by sequencing, Atlantic Forest

## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil é reconhecido como um dos mais importantes centros de diversidade genética de muitas espécies frutíferas, algumas das quais já são exploradas comercialmente em escala global (SILVA JUNIOR; SOUZA; PÁDUA, 2021). Entre elas, citam-se o abacaxi (*Ananas comosus* (L.) Merr.), a goiaba (*Psidium guajava* L.), o açaí (*Euterpe oleracea* Mart.), o caju (*Anacardium occidentale* L.) e o maracujá (*Passiflora* spp.). No entanto, outras frutíferas nativas, principalmente da família Myrtaceae, têm despertado interesse devido à rusticidade das espécies e frutos de sabor marcante, ricos em vitaminas, antioxidantes e óleos essenciais (ARAÚJO et al., 2019).

As mirtáceas são uma família de plantas amplamente distribuídas em diversas regiões fitogeográficas do mundo, sendo consideradas uma das maiores famílias em quantidade de espécies (GOVAERTS et al., 2008). No Brasil, esta família é representada por cerca de 22 gêneros e 1.000 espécies, presentes nos seis biomas do país, com destaque para a Mata Atlântica como um dos principais centros de distribuição (PROENÇA et al., 2020). Entre as espécies brasileiras de Myrtaceae, destaca-se o gênero *Eugenia*, que compreende cerca de 409 espécies (MAZINE et al., 2020). As espécies de *Eugenia* representam um recurso genético potencial para integrar sistemas produtivos como novas culturas, em virtude de suas propriedades nutricionais e agroindustriais (GIRARDELO et al., 2020; HAMINIUK et al., 2011; LAZARINI et al., 2018a; SCHMIDT et al., 2019).

A uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess.), a grumixama (*Eugenia brasiliensis* Lam.) e a cereja-do-Rio Grande (*Eugenia involucrata* DC.) são espécies frutíferas nativas da Mata Atlântica que estão na lista brasileira de plantas para o futuro, como prioridade para cultivo e comercialização devido às suas propriedades nutritivas e antioxidantes (CORADIN; SIMINSKI; REIS, 2011). Os frutos dessas espécies são saborosos e tradicionalmente apreciados pela população local, sendo frequentemente utilizados na produção de sucos, geleias e licores (FARIAS et al., 2020; QUEIROZ et al., 2015). Estas mirtáceas têm potencial para serem cultivadas comercialmente, e seus frutos podem ser consumidos tanto *in natura*, como processados. Além disso, essas espécies nativas oferecem uma opção de melhor utilização da propriedade rural e uma alternativa de renda aos agricultores, possibilitando o fortalecimento da agricultura familiar, o fomento à economia local e a promoção de hábitos alimentares mais saudáveis e sustentáveis (SILVA JUNIOR; SOUZA; PÁDUA, 2021).

Embora a uvaia, a grumixama e a cereja-do-Rio Grande já venham sendo estudadas quanto às características nutricionais e agroindustriais (DA SILVA et al., 2019; FLORES et

al., 2012; INFANTE et al., 2016; LAZARINI et al., 2018b; NEHRING et al., 2022; SARDI et al., 2017; SGANZERLA et al., 2019; SILVA et al., 2019; SOARES et al., 2019; XU et al., 2020), pouco se sabe sobre os níveis de diversidade e estrutura genética dessas espécies. Em culturas emergentes e em processo de domesticação, como é o caso dessas *Eugénias*, o conhecimento da diversidade genética e da estrutura populacional são fundamentais para o desenvolvimento de um programa estratégico que visa conservar os recursos genéticos e explorar essas espécies de forma sustentável (ALLENDORF; LUIKART; AITKEN, 2013; SALGOTRA; CHAUHAN, 2023).

Os marcadores moleculares podem ser considerados uma poderosa ferramenta para o estudo da diversidade genética, sendo amplamente utilizados em estudos de conservação e melhoramento genético (NADEEM et al., 2017). Por muito tempo, os microssatélites foram os marcadores mais utilizados em estudos de diversidade genética (VIEIRA et al., 2016). No entanto, o rápido avanço das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS - Next-Generation Sequencing), junto a redução do seu custo, tem impulsionado a identificação de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) em larga escala (ALLENDORF; HOHENLOHE; LUIKART, 2010; BREED et al., 2019; KUMAR et al., 2021; REYES et al., 2022).

Os marcadores SNP são os polimorfismos mais abundantes nos genomas das plantas. A possibilidade de automatizar a detecção e genotipagem desses marcadores representa uma grande vantagem em relação a outros tipos de marcadores usados previamente (DAVEY et al., 2011). Diversas estratégias podem ser utilizadas na descoberta de SNPs. No entanto, a genotipagem por sequenciamento (GBS) é a estratégia mais eficiente utilizada atualmente (BASTIEN et al., 2018).

A técnica de GBS emprega enzimas de restrição para reduzir a complexidade genômica, fragmentando o DNA em regiões específicas e, assim, gerando bibliotecas reduzidas, que são sequenciadas em plataformas de alto rendimento. O uso de adaptadores de códigos de barras permite o agrupamento de centenas de amostras. As sequências curtas geradas pela NGS são utilizadas para identificar SNPs por meio do alinhamento ao genoma de referência ou pela montagem *de novo*, possibilitando a produção rápida e eficiente de milhares de marcadores SNP com custo menor (ELSHIRE et al., 2011; POLAND et al., 2012; POLAND; RIFE, 2012). Essa abordagem é valiosa para espécies como uvaia, grumixama e cereja-do-Rio Grande, que possuem informações genéticas limitadas ou inexistentes.

No presente estudo, utilizou-se da genotipagem por sequenciamento (GBS) para identificar marcadores SNP e avaliar a diversidade genética e estrutura populacional de acessos de uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess), grumixama (*Eugenia brasiliensis* Lam.) e

cereja-do-Rio Grande (*Eugenia involucrata* DC.) mantidos em quintais produtivos e instituições de pesquisa dos estado de São Paulo e de Minas Gerais.



## REFERÊNCIAS

- ABADY, S. et al. Assessment of the genetic diversity and population structure of groundnut germplasm collections using phenotypic traits and SNP markers: implications for drought tolerance breeding. **PLOS ONE**, v. 16, n. 11, p. e0259883, 1 nov. 2021.
- ABEBE, T. D.; ABATE, A.; LEON, J. Genetic diversity within landraces of barley (*Hordeum vulgare* L.) and its implications on germplasm collection and utilization. **Genetic Resources and Crop Evolution**, p. 1–14, 12 fev. 2023.
- ALLENDORF, F. W. Genetics and the conservation of natural populations: allozymes to genomes. **Molecular Ecology**, v. 26, n. 2, p. 420–430, 1 jan. 2017.
- ALLENDORF, F. W.; HOHENLOHE, P. A.; LUIKART, G. Genomics and the future of conservation genetics. **Nature Reviews Genetics**, v. 11, n. 10, p. 697–709, 14 out. 2010.
- ALLENDORF, F. WILLIAM.; LUIKART, GORDON.; AITKEN, S. N. Conservation and the genetics of populations. 2013.
- ALVES-PEREIRA, A. et al. Genomic Diversity of Three Brazilian Native Food Crops Based on Double-Digest Restriction Site-Associated DNA Sequencing. **Tropical Plant Biology**, v. 12, n. 4, p. 268–281, 1 dez. 2019.
- ANDRADE, J. P.; COELHO, E. L.; FERREIRA, J. L.; ROSTIRIOLA, Y. S. Biologia floral e comportamento de visitantes florais da uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess. - Myrtaceae) sob cultivo na região de Inconfidentes, MG. In: 7º Jornada Científica do IFSULDEMINAS, Poços de Caldas, MG, 2015.
- ARAÚJO, F. F. et al. Wild Brazilian species of *Eugenia* genera (Myrtaceae) as an innovation hotspot for food and pharmacological purposes. **Food Research International**. Elsevier, 1 jul. 2019. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0963996919301620#bb0410>>. Acesso em: 1 jul. 2019
- AYALEW, H. et al. Genotyping-by-sequencing and genomic selection applications in hexaploid triticale. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 12, n. 2, 4 fev. 2022.
- BABRAHAM BIOINFORMATICS. **FastQC**. Babraham Bioinformatics, , 2019.
- BACCHETTA, G.; FARRIS, E.; PONTECORVO, C. A new method to set conservation priorities in biodiversity hotspots. **Plant Biosyst**, v. 146, n. 3, p. 638–648, set. 2012.
- BASTIEN, M. et al. Exploring the potential and limitations of genotyping-by-sequencing for SNP discovery and genotyping in tetraploid potato. **Genome**, v. 61, n. 6, p. 449–456, 2018.
- BHAT, J. A. et al. Genomic selection in the era of next generation sequencing for complex traits in plant breeding. **Frontiers in Genetics**, v. 7, n. DEC, p. 221, 27 dez. 2016.

- BIFFIN, E. et al. Evolution of exceptional species richness among lineages of fleshy-fruited Myrtaceae. **Annals of Botany**, v. 106, n. 1, p. 79–93, 1 jul. 2010.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2009.
- BREED, M. F. et al. The potential of genomics for restoring ecosystems and biodiversity. **Nature Reviews Genetics**, v. 20, n. 10, p. 615–628, 1 out. 2019.
- BROOKES, A. J. The essence of SNPs. **Gene**, v. 234, n. 2, p. 177–186, 8 jul. 1999.
- BRUMFIELD, R. T. et al. The utility of single nucleotide polymorphisms in inferences of population history. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 18, n. 5, p. 249–256, 1 maio 2003.
- CAETANO, A. R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. SUPPL. 1, p. 64–71, jul. 2009.
- CAN, H. et al. Construction, characteristics and high throughput molecular screening methodologies in some special breeding populations: a horticultural perspective. **Journal of genetics**, v. 98, 1 set. 2019.
- CARVALHO, P. E. R. Uvaieira: *Eugenia pyriformis*. Em: **Espécies arbóreas brasileiras**. [s.l: s.n.]. v. 4p. 545–553.
- CATCHEN, J. et al. Stacks: an analysis tool set for population genomics. **Molecular ecology**, v. 22, n. 11, p. 3124–40, jun. 2013.
- CERICOLA, F. et al. Optimized use of low-depth genotyping-by-sequencing for genomic prediction among multi-parental family pools and single plants in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 369, 21 mar. 2018.
- CHAN, A. W.; HAMBLIN, M. T.; JANNINK, J. L. Evaluating Imputation Algorithms for Low-Depth Genotyping-By-Sequencing (GBS) Data. **PLOS ONE**, v. 11, n. 8, p. e0160733, 1 ago. 2016.
- CHING, A. et al. SNP frequency, haplotype structure and linkage disequilibrium in elite maize inbred lines. **BMC Genetics**, v. 3, p. 19, 7 out. 2002.
- CORADIN, L.; SIMINSKI, A.; REIS, A. **Espécies Nativas da Flora Brasileira de Valor Econômico Atual ou Potencial: Plantas para o Futuro - Região Sul**. Brasília: MMA, 2011.
- DA SILVA, A. P. G. et al. Chemical composition, nutritional value and bioactive compounds in six uvaia accessions. **Food Chemistry**, v. 294, p. 547–556, 1 out. 2019.
- DAR, A. A.; MAHAJAN, R.; SHARMA, S. Molecular markers for characterization and conservation of plant genetic resources. **Article in Indian Journal of Agricultural Sciences**, 2019.

- DAVEY, J. W. et al. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. **Nature Reviews Genetics**, jun. 2011. Acesso em: 5 dez. 2019
- DAWSON, T. P. et al. Beyond predictions: Biodiversity conservation in a changing climate. **Science**, v. 332, n. 6025, p. 53–58, 1 abr. 2011.
- DE BEUKELAER, H.; DAVENPORT, G. F.; FACK, V. Core Hunter 3: Flexible core subset selection. **BMC Bioinformatics**, v. 19, n. 1, p. 203, 31 maio 2018.
- DEGENHARDT, J.; FRANZON, R. C.; COSTA, R. R. **Cerejeira-do-mato (*Eugenia involucrata*)**. [s.l.] Embrapa Clima Temperado, 2007.
- DELFINI, J. et al. Population structure, genetic diversity and genomic selection signatures among a Brazilian common bean germplasm. **Scientific Reports 2021 11:1**, v. 11, n. 1, p. 1–12, 3 fev. 2021a.
- DELFINI, J. et al. Population structure, genetic diversity and genomic selection signatures among a Brazilian common bean germplasm. **Scientific Reports 2021 11:1**, v. 11, n. 1, p. 1–12, 3 fev. 2021b.
- DÍAZ, B. G. et al. Genome-wide SNP analysis to assess the genetic population structure and diversity of *Acrocomia* species. **PLOS ONE**, v. 16, n. 7, p. e0241025, 1 jul. 2021.
- DIAZ-GARCIA, L.; PADILLA-RAMÍREZ, J. S. Development of single nucleotide polymorphism markers and genetic diversity in guava (*Psidium guajava* L.). **Plants, People, Planet**, 18 jul. 2022.
- DILLON, S. et al. Characterisation of Adaptive Genetic Diversity in Environmentally Contrasted Populations of *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. (River Red Gum). **PLOS ONE**, v. 9, n. 8, p. e103515, 5 ago. 2014.
- DONATO<sup>1</sup>, A. M.; LANGE DE MORRETES<sup>2</sup>, B. Anatomia foliar de *Eugenia brasiliensis* Lam. (Myrtaceae) proveniente de áreas de restinga e de floresta. **Revista Brasileira de Farmacognosia Brazilian Journal of Pharmacognosy**, v. 17, n. 3, p. 426–443, 2007.
- EGAN, L. M.; CONATY, W. C.; STILLER, W. N. Core Collections: Is There Any Value for Cotton Breeding? **Frontiers in plant science**, v. 13, p. 895155, 2022.
- ELSHIRE, R. J. et al. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. **PLoS One**, v. 6, n. 5, p. e19379, 2011.
- FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados: Embrapa, 2007.
- FALEIRO, F. G.; AMABILE, R. F.; SILVA, C. B. M. C. Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento genético de plantas. Em: AMABILE, R. F.; VILELA, M. S.; PEIXOTO, J. R. (Eds.). **Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado**. Brasília, DF: Proimpress; Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2018. p. 51–72.

- FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. Recursos genéticos: conservação, caracterização e uso. Em: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. (Eds.). **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. [s.l: s.n.]. p. 513–552.
- FERREIRA, M.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília: EMBRAPA, 1998.
- FERREIRA-RAMOS, R. et al. Genetic diversity assessment for *Eugenia uniflora* L., *E. pyriformis* Cambess., *E. brasiliensis* Lam. and *E. francavilleana* O. Berg neotropical tree species (Myrtaceae) with heterologous SSR markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 61, n. 1, p. 267–272, 2014.
- FISCHER, M. C. et al. Estimating genomic diversity and population differentiation - an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*. **BMC Genomics**, v. 18, n. 1, p. 1–15, 2017.
- FLORES, G. et al. Anthocyanins from *Eugenia brasiliensis* edible fruits as potential therapeutics for COPD treatment. **Food Chemistry**, v. 134, n. 3, p. 1256–1262, 1 out. 2012.
- FRANCESCHINELLI, E. V. et al. The genetic diversity of *Myrciaria floribunda* (Myrtaceae) in Atlantic Forest fragments of different sizes. **Journal of Tropical Ecology**, v. 23, n. 3, p. 361–367, maio 2007.
- FRANKHAM, R. Genetics and extinction. **Biological Conservation**, v. 126, n. 2, p. 131–140, 1 nov. 2005.
- FRANKHAM, R. Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. **Biological Conservation**, v. 143, n. 9, p. 1919–1927, 1 set. 2010.
- FRANKHAM, R.; BRISCOE, D.; BALLOU, J. **Introdução à genética da conservação**. [s.l: s.n.].
- FRANZON, R. C. et al. Pitanga—*Eugenia uniflora* L. **Exotic Fruits**, p. 333–338, 1 jan. 2018.
- FREELAND, J. R. The importance of molecular markers and primer design when characterizing biodiversity from environmental DNA. **Genome**, v. 60, n. 4, p. 358–374, 2017.
- GIRARDELO, J. R. et al. Bioactive compounds, antioxidant capacity and antitumoral activity of ethanolic extracts from fruits and seeds of *Eugenia involucrata* DC. **Food Research International**, v. 137, p. 109615, 1 nov. 2020.
- GOMES, R. L. F. et al. A lima bean core collection based on molecular markers. **Scientia Agricola**, v. 77, n. 2, p. 2020, 2 set. 2019.
- GOMES VIANA, J. P. et al. Genomic diversity is similar between Atlantic Forest restorations and natural remnants for the native tree *Casearia sylvestris* Sw. **PLOS ONE**, v. 13, n. 3, p. e0192165, 7 mar. 2018.

- GOUDET, J. et al. **Package ‘hierfstat’ - Estimation and Tests of Hierarchical F-Statistics.**, 2022.
- GOVAERTS, R. et al. World checklist of myrtaceae. **World checklist of myrtaceae.**, 2008.
- GRATTAPAGLIA, D. et al. Progress in Myrtaceae genetics and genomics: Eucalyptus as the pivotal genus. **Tree Genetics and Genomes**, v. 8, n. 3, p. 463–508, 2012.
- GRESSLER, E.; PIZO, M. A.; MORELLATO, L. P. C. Polinização e dispersão de sementes em Myrtaceae do Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 29, n. 4, p. 509–530, dez. 2006.
- HAMBLIN, M. T.; WARBURTON, M. L.; BUCKLER, E. S. Empirical Comparison of Simple Sequence Repeats and Single Nucleotide Polymorphisms in Assessment of Maize Diversity and Relatedness. **PLOS ONE**, v. 2, n. 12, p. e1367, 26 dez. 2007.
- HAMINIUK, C. W. I. et al. Chemical, antioxidant and antibacterial study of Brazilian fruits. **International Journal of Food Science & Technology**, v. 46, n. 7, p. 1529–1537, 1 jul. 2011.
- HAMRICK, J. L. The distribution of genetic variation within and among natural plant populations. Em: SCHONEWALD-COX, C. M. et al. (Eds.). **Genetics and conservation**. [s.l.] Menlo Park: The Benjamin/Cummings Publishing Company, 1983. p. 335–348.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Princípios de Genética de Populações - 4.ed.** [s.l.: s.n.].
- HASAN, N. et al. Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology** **2021 19:1**, v. 19, n. 1, p. 1–26, 27 ago. 2021.
- HELYAR, S. J. et al. Application of SNPs for population genetics of non model organisms: New opportunities and challenges. **Molecular Ecology Resources**, v. 11, n. SUPPL. 1, p. 123–136, mar. 2011.
- HOHENLOHE, P. A.; FUNK, W. C.; RAJORA, O. P. Population genomics for wildlife conservation and management. **Molecular Ecology**, v. 30, n. 1, p. 62–82, 1 jan. 2021.
- HÜBNER, S. et al. Islands and streams: clusters and gene flow in wild barley populations from the Levant. **Molecular Ecology**, v. 21, n. 5, p. 1115–1129, 1 mar. 2012.
- HUGHES, A. R. et al. Ecological consequences of genetic diversity. **Ecology Letters**, v. 11, n. 6, p. 609–623, jun. 2008.
- HYMA, K. E. et al. Heterozygous Mapping Strategy (HetMappS) for High Resolution Genotyping-By-Sequencing Markers: A Case Study in Grapevine. **PLOS ONE**, v. 10, n. 8, p. e0134880, 5 ago. 2015.
- INFANTE, J. et al. Antioxidant and anti-inflammatory activities of unexplored Brazilian native fruits. **PLoS ONE**, v. 11, n. 4, 2016.

- IZUNO, A. et al. The population genomic signature of environmental association and gene flow in an ecologically divergent tree species *Metrosideros polymorpha* (Myrtaceae). **Molecular Ecology**, v. 26, n. 6, p. 1515–1532, 1 mar. 2017.
- JA GARRIDO-CARDENAS, C. M.-V. F. M.-A. Trends in plant research using molecular markers. **Planta**, v. 247, p. 543–557, 2018.
- JACOMINO, A. P. et al. Uvaia—*Eugenia pyriformis* Cambess. **Exotic Fruits**, p. 435–438, 1 jan. 2018.
- JEONG, B. Y. et al. Genome-wide association study reveals the genetic basis of chilling tolerance in rice at the reproductive stage. **Plants**, v. 10, n. 8, 1 ago. 2021.
- JEONG, I. S. et al. SNP-based analysis of genetic diversity in anther-derived rice by whole genome sequencing. **Rice**, v. 6, n. 1, p. 1–12, 2013.
- JO, J. et al. Genome-wide analysis-based single nucleotide polymorphism marker sets to identify diverse genotypes in cabbage cultivars (*Brassica oleracea* var. capitata). **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, 1 dez. 2022a.
- JO, K. R. et al. Analysis of genetic diversity and population structure among cultivated potato clones from Korea and global breeding programs. **Scientific Reports 2022 12:1**, v. 12, n. 1, p. 1–13, 21 jun. 2022b.
- JOMBART, T. et al. **Package “adegenet” - Exploratory Analysis of Genetic and Genomic Data**. [s.l: s.n.]. Acesso em: 29 fev. 2020.
- JOMBART, T.; DEVILLARD, S.; BALLOUX, F. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. **BMC Genetics**, v. 11, n. 1, p. 94, 2010.
- KALIA, R. K. et al. Microsatellite markers: An overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, v. 177, n. 3, p. 309–334, 2011.
- KAMVAR, Z. N.; BROOKS, J. C.; GRUNWALD, N. J. Novel R tools for analysis of genome-wide population genetic data with emphasis on clonality. **Frontiers in Genetics**, v. 6, 10 jun. 2015.
- KEENAN, K. et al. diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 4, n. 8, p. 782–788, 1 ago. 2013.
- KIM, C. et al. Application of genotyping by sequencing technology to a variety of crop breeding programs. **Plant Science**, v. 242, p. 14–22, 1 jan. 2016.
- KIM, J. E. et al. Genome-Wide SNP Calling Using Next Generation Sequencing Data in Tomato. **Molecules and Cells**, v. 37, n. 1, p. 36, 1 jan. 2014.
- KUMAR, P. et al. Skim sequencing: an advanced NGS technology for crop improvement. **Journal of Genetics**, v. 100, n. 2, 1 out. 2021.

- KUMAR, S.; BANKS, T. W.; CLOUTIER, S. SNP Discovery through Next-Generation Sequencing and Its Applications. **International Journal of Plant Genomics**, v. 2012, p. 15, 2012.
- LANDRUM, L. R.; KAWASAKI, M. L. The genera of Myrtaceae in Brazil: An illustrated synoptic treatment and identification keys. **Brittonia**, v. 49, n. 4, p. 508–536, 1997.
- LAZARINI, J. G. et al. Bioprospection of *Eugenia brasiliensis*, a Brazilian native fruit, as a source of anti-inflammatory and antibiofilm compounds. **Biomedicine & Pharmacotherapy**, v. 102, p. 132–139, jun. 2018a.
- LAZARINI, J. G. et al. Bioprospection of *Eugenia brasiliensis*, a Brazilian native fruit, as a source of anti-inflammatory and antibiofilm compounds. **Biomedicine & Pharmacotherapy**, v. 102, p. 132–139, 1 jun. 2018b.
- LEACHÉ, A. D.; OAKS, J. R. The Utility of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Data in Phylogenetics. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022645>, v. 48, p. 69–84, 6 nov. 2017.
- LEÃO, A. P. et al. Genomic Characterization of SNPs for Genetic Differentiation and Selection in Populations from the American Oil Palm [*Elaeis oleifera* (Kunth) Cortés] Germplasm Bank from Brazil. **Diversity**, v. 14, n. 4, p. 270, 1 abr. 2022.
- LEE, K. J. et al. Genetic Diversity Assessed by Genotyping by Sequencing (GBS) in Watermelon Germplasm. **Genes**, v. 10, n. 10, 1 out. 2019.
- LIMA, A. B. et al. Hypolipemiant and antioxidant effects of *Eugenia brasiliensis* in an animal model of coconut oil-induced hypertriglyceridemia. **Biomedicine & Pharmacotherapy**, v. 96, p. 642–649, 1 dez. 2017.
- LISBÔA, G. N.; KINUP, V. F.; DE BARROS, I. B. I. *Eugenia pyriformis* - Uvaia. Em: CORADIN, L.; SIMINSKI, A.; REIS, A. (Eds.). **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul**. Brasília: MMA, 2011. p. 167–169.
- LISBÔA, G. N.; KINUPP, V. F.; DE BARROS, I. B. I. *Eugenia involucrata* - Cerejeira-do-rio grande. Em: CORADIN, L.; SIMINSKI, A.; REIS, A. (Eds.). **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul**. Brasília: MMA, 2011. p. 163–166.
- LOPES, J. F.; CARVALHO, S. I. C. A Variabilidade Genética e o Pré-Melhoramento. Em: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q. (Eds.). **Pré-Melhoramento, Melhoramento e Pós-Melhoramento: Estratégias e desafios**. [s.l: s.n.]. p. 65–74.
- LORENZI, H. J.; BACHER, L. B.; DE LACERDA, M. T. C. **Frutas no Brasil: nativas e exóticas (de consumo in natura)**. [s.l: s.n.].
- LUCAS, E. J.; BÜNGER, M. O. Myrtaceae in the Atlantic forest: their role as a ‘model’ group. **Biodiversity and Conservation**, v. 24, n. 9, p. 2165–2180, 23 set. 2015.

- LUGHADHA, E. N.; PROENCA, C. A Survey of the Reproductive Biology of the Myrtoideae (Myrtaceae). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 83, n. 4, p. 480, 1996.
- LUO, Z. et al. Genetic diversity and population structure of a *Camelina sativa* spring panel. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 184, 7 mar. 2019.
- LV, J. et al. Genetic diversity analysis of a breeding population of *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. (Myrtaceae) and extraction of a core germplasm collection using microsatellite markers. **Industrial Crops and Products**, v. 145, p. 112157, 1 mar. 2020.
- MALIK, P. et al. Genotyping-by-Sequencing Based Investigation of Population Structure and Genome Wide Association Studies for Seven Agronomically Important Traits in a Set of 346 *Oryza rufipogon* Accessions. **Rice**, v. 15, n. 1, 1 dez. 2022.
- MAMMADOV, J. et al. SNP markers and their impact on plant breeding. **International journal of plant genomics**, v. 2012, 2012.
- MASON, A. S. Ssr genotyping. **Methods in Molecular Biology**, v. 1245, p. 77–89, 2015.
- MAZINE, F. F. et al. **Eugenia in Flora e Funga do Brasil**. Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB10338>>. Acesso em: 23 abr. 2022.
- MENG, C. et al. Genetic Diversity Analysis of *Capsicum* Genus by SSR Markers. **Molecular Plant Breeding**, n. July, 2017.
- MORIN, P. A.; MARTIEN, K. K.; TAYLOR, B. L. Assessing statistical power of SNPs for population structure and conservation studies. **Molecular Ecology Resources**, v. 9, n. 1, p. 66–73, 1 jan. 2009.
- MOURAD, A. M. I. et al. Genome-Wide Screening of Broad-Spectrum Resistance to Leaf Rust (*Puccinia triticina* Eriks) in Spring Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Frontiers in plant science**, v. 13, 22 jun. 2022.
- NADEEM, M. A. et al. DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. <http://mc.manuscriptcentral.com/tbeq>, v. 32, n. 2, p. 261–285, 4 mar. 2017.
- NASS, L. L. et al. Genetic resources: the basis for sustainable and competitive plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. spe, p. 75–86, dez. 2012.
- NEHRING, P. et al. Grumixama (*Eugenia brasiliensis* Lamarck) functional phytochemicals: Effect of environmental conditions and ripening process. **Food Research International**, v. 157, p. 111460, 1 jul. 2022.
- NICÁCIO, A. E. et al. Antioxidant Activity and Determination of Phenolic Compounds from *Eugenia involucreta* DC. Fruits by UHPLC-MS/MS. **Food Analytical Methods**, v. 10, n. 8, p. 2718–2728, 1 ago. 2017.



- ODONG, T. L. et al. Quality of core collections for effective utilization of genetic resources review, discussion and interpretation. **TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik**, v. 126, n. 2, p. 289–305, fev. 2013.
- OLIVEIRA, R. et al. Genetic diversity of cambuci [*Campomanesia phaea* (O. Berg) Landrum] revealed by microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution** **2021**, p. 1–14, 21 jan. 2022.
- PARK, J. E. et al. Diversity study of common buckwheat germplasm in the Republic of Korea using GBS. **Plant Biotechnology Reports**, v. 16, n. 6, p. 799–803, 1 dez. 2022.
- PAULO FARIAS, D. et al. A critical review of some fruit trees from the Myrtaceae family as promising sources for food applications with functional claims. **Food Chemistry**, v. 306, p. 125630, 15 fev. 2020.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. **Bioinformatics (Oxford, England)**, v. 28, n. 19, p. 2537–9, 1 out. 2012.
- PEREIRA, L. et al. QTL mapping of melon fruit quality traits using a high-density GBS-based genetic map. **BMC Plant Biology**, v. 18, n. 1, p. 1–17, 4 dez. 2018.
- PEREIRA-DIAS, L. et al. Genetic diversity, population structure, and relationships in a collection of pepper (*Capsicum* spp.) landraces from the Spanish centre of diversity revealed by genotyping-by-sequencing (GBS). **Horticulture Research**, v. 6, n. 1, p. 54, 1 dez. 2019.
- PERRINO, E. V.; PERRINO, P. Crop wild relatives: know how past and present to improve future research, conservation and utilization strategies, especially in Italy: a review. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 67, n. 5, p. 1067–1105, 1 jun. 2020.
- PHAN, N. T. et al. Identification of loci associated with fruit traits using genome-wide single nucleotide polymorphisms in a core collection of tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 567–574, 3 jan. 2019.
- PHUMICHAI, C.; PHUMICHAI, T.; WONGKAEW, A. Novel Chloroplast Microsatellite (cpSSR) Markers for Genetic Diversity Assessment of Cultivated and Wild Hevea Rubber. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 33, n. 5, p. 1486–1498, 31 out. 2015.
- POLAND, J. A. et al. Development of High-Density Genetic Maps for Barley and Wheat Using a Novel Two-Enzyme Genotyping-by-Sequencing Approach. **PLoS ONE**, v. 7, n. 2, p. 32253, 28 fev. 2012.
- POLAND, J. A.; RIFE, T. W. Genotyping-by-Sequencing for Plant Breeding and Genetics. **The Plant Genome**, v. 5, n. 3, 1 nov. 2012.
- PROENÇA, C. E. B. et al. **Myrtaceae in Flora e Funga do Brasil**. Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB171>>. Acesso em: 14 mar. 2023.

- QUEIROZ, J. M. G. et al. Aspectos populares e científicos do uso de espécies de *Eugenia* como fitoterápico. **Revista Fitos**, v. 9, n. 2, p. 87–100, 2015.
- RALLS, K. et al. Call for a Paradigm Shift in the Genetic Management of Fragmented Populations. **Conservation Letters**, v. 11, n. 2, p. e12412, 1 mar. 2018.
- RAMESH, P. et al. Advancements in molecular marker technologies and their applications in diversity studies. **Journal of Biosciences**, v. 45, n. 1, p. 1–15, 1 dez. 2020.
- RASHEED, A.; XIA, X. From markers to genome-based breeding in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 3, p. 767–784, 1 mar. 2019.
- REJANE, L. et al. Genetic Structure and Gene Flow of *Eugenia involucrata* DC. Populations and Collections from Rio Grande do Sul, Brazil. **Biodiversidade Brasileira - BioBrasil**, v. 12, n. 2, p. 1–13, 18 abr. 2022.
- REYES, V. P. et al. Utilization of Genotyping-by-Sequencing (GBS) for Rice Pre-Breeding and Improvement: A Review. **Life** **2022**, Vol. 12, Page 1752, v. 12, n. 11, p. 1752, 1 nov. 2022.
- SALGOTRA, R. K.; CHAUHAN, B. S. Genetic Diversity, Conservation, and Utilization of Plant Genetic Resources. **Genes** **2023**, Vol. 14, Page 174, v. 14, n. 1, p. 174, 9 jan. 2023.
- SARDI, J. DE C. O. et al. Unexplored endemic fruit species from Brazil: Antibiofilm properties, insights into mode of action, and systemic toxicity of four *Eugenia* spp. **Microbial Pathogenesis**, v. 105, p. 280–287, 1 abr. 2017.
- SATO, T. S. et al. Proposta de formulação contendo extrato de folhas de *Eugenia involucrata* e análise da atividade antimicrobiana. **Revista Fitos**, v. 12, n. 1, 2018.
- SCHMIDT, H. DE O. et al. Vitamin and bioactive compound diversity of seven fruit species from south Brazil. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 99, n. 7, p. 3307–3317, 1 maio 2019.
- SERENO, M. L. et al. Genetic Diversity and Natural Population Structure of Cacao (*Theobroma cacao* L.) from the Brazilian Amazon Evaluated by Microsatellite Markers. **Conservation Genetics**, v. 7, n. 1, p. 13–24, fev. 2006.
- SGANZERLA, W. G. et al. Geographical discrimination of uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess) by principal component analysis. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 99, n. 15, p. 6778–6787, 30 dez. 2019.
- SILVA, A. P. G. et al. Chemical composition, nutritional value and bioactive compounds in six uvaia accessions. **Food Chemistry**, v. 294, p. 547–556, 1 out. 2019.
- SILVA, A. P. G. DA et al. Characteristics of the fruits of two uvaia populations grown in Salesópolis, SP, Brazil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, n. 2, 14 maio 2018.
- SILVA JUNIOR, J. F.; SOUZA, F. V. D.; PÁDUA, J. G. A arca de Noé das frutas nativas brasileiras. **Embrapa Tabuleiros Costeiros-Livro científico (ALICE)**, 2021.

- SILVA, P. I. T. et al. A 3K Axiom SNP array from a transcriptome-wide SNP resource sheds new light on the genetic diversity and structure of the iconic subtropical conifer tree *Araucaria angustifolia* (Bert.) Kuntze. **PLOS ONE**, v. 15, n. 8, p. e0230404, 1 ago. 2020.
- SIMÕES, R. R. et al. *Eugenia brasiliensis* leaves extract attenuates visceral and somatic inflammatory pain in mice. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 217, p. 178–186, 10 maio 2018.
- SINGH, N. et al. Comparison of SSR and SNP markers in estimation of genetic diversity and population structure of Indian rice varieties. **PLoS ONE**, v. 8, n. 12, 19 dez. 2013.
- SMOUSE, P. E.; SORK, V. L. Measuring pollen flow in forest trees: an exposition of alternative approaches. **Forest Ecology and Management**, v. 197, n. 1–3, p. 21–38, 11 ago. 2004.
- SOARES, J. C. et al. Comprehensive characterization of bioactive phenols from new Brazilian superfruits by LC-ESI-QTOF-MS, and their ROS and RNS scavenging effects and anti-inflammatory activity. **Food Chemistry**, v. 281, p. 178–188, 30 maio 2019.
- STEFANEL, C. M. et al. Variabilidade e estruturação genética em fragmentos de *Eugenia involucrata* de Candolle utilizando marcadores microssatélites Variability and genetic structure in fragments of *Eugenia involucrata* De Candolle established through microsatellite markers. v. 51, n. 5, p. 2021, 2020.
- STEFENON, V. M. et al. Variability and genetic structure in fragments of *Eugenia involucrata* De Candolle established through microsatellite markers. **Ciência Rural**, v. 51, n. 5, p. 2021, 8 mar. 2021.
- STOECKEL, S. et al. Heterozygote excess in a self-incompatible and partially clonal forest tree species —*Prunus avium* L. **Molecular Ecology**, v. 15, n. 8, p. 2109–2118, 1 jul. 2006.
- SWARTS, K. et al. Novel Methods to Optimize Genotypic Imputation for Low-Coverage, Next-Generation Sequence Data in Crop Plants. **The Plant Genome**, v. 7, n. 3, p. plantgenome2014.05.0023, 1 nov. 2014.
- SWARUP, S. et al. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. **Crop Science**, v. 61, n. 2, p. 839–852, 1 mar. 2021.
- TEIXEIRA, L. D. L. et al. Identification of Ellagitannins and Flavonoids from *Eugenia brasiliensis* Lam. (Grumixama) by HPLC-ESI-MS/MS. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 63, n. 22, p. 5417–5427, 10 jun. 2015.
- TEIXEIRA, L. DE L.; HASSIMOTTO, N. M. A.; LAJOLO, F. M. Grumixama—*Eugenia brasiliensis* Lam. **Exotic Fruits**, p. 219–224, 1 jan. 2018.
- TELFER, E. J. et al. Parentage Reconstruction in *Eucalyptus nitens* Using SNPs and Microsatellite Markers: A Comparative Analysis of Marker Data Power and Robustness. **PLOS ONE**, v. 10, n. 7, p. e0130601, 9 jul. 2015.

- TULER, A. C. et al. SSR markers: a tool for species identification in *Psidium* (Myrtaceae). **Molecular Biology Reports**, v. 42, n. 11, p. 1501–1513, 2015.
- TURCHETTO-ZOLET, A. C. et al. **Marcadores Moleculares na Era Genômica: Metodologias e Aplicações**. [s.l.: s.n.].
- VAN ROSSUM, F. et al. Genetic monitoring of translocated plant populations in practice. **Molecular Ecology**, v. 29, n. 21, p. 4040–4058, 1 nov. 2020.
- VAN ROSSUM, F.; HARDY, O. J. Guidelines for genetic monitoring of translocated plant populations. **Conservation Biology**, v. 36, n. 1, p. e13670, 1 fev. 2022.
- VIEIRA, M. L. C. et al. **Microsatellite markers**: what they mean and why they are so useful. genetics and molecular biology. Sociedade Brasileira de Genética, 2016. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27561112>>. Acesso em: 9 dez. 2017
- VON KOHN, C. et al. Genetic diversity of *Magnolia ashei* characterized by SSR markers. **Conservation Genetics**, v. 19, n. 4, p. 923–936, 2018.
- WANG, L. et al. Development of SNP Markers for Original Analysis and Germplasm Identification in *Camellia sinensis*. **Plants**, v. 12, n. 1, 1 jan. 2023.
- WANG, N. et al. Applications of genotyping-by-sequencing (GBS) in maize genetics and breeding. **Scientific Reports 2020 10:1**, v. 10, n. 1, p. 1–12, 1 out. 2020.
- WILLING, E. M.; DREYER, C.; VAN OOSTERHOUT, C. Estimates of Genetic Differentiation Measured by  $F_{ST}$  Do Not Necessarily Require Large Sample Sizes When Using Many SNP Markers. **PLoS ONE**, v. 7, n. 8, p. 42649, 14 ago. 2012.
- WILSON, P. G. et al. Myrtaceae revisited: a reassessment of infrafamilial groups. **American Journal of Botany**, v. 88, n. 11, p. 2013–25, nov. 2001.
- WILSON, P. G. et al. Relationships within Myrtaceae sensu lato based on a matK phylogeny. **Plant Systematics and Evolution**, v. 251, n. 1, p. 3–19, 17 mar. 2005.
- XIONG, M.; JIN, L. Comparison of the Power and Accuracy of Biallelic and Microsatellite Markers in Population-Based Gene-Mapping Methods. **The American Journal of Human Genetics**, v. 64, n. 2, p. 629–640, 1 fev. 1999.
- XU, K. et al. Grumixama (*Eugenia brasiliensis* Lam.) cultivated in the Cerrado has high content of bioactive compounds and great antioxidant potential. **Ciência Rural**, v. 50, n. 4, 30 mar. 2020.
- YADAV, S. et al. Genotyping-by-sequencing based QTL mapping for rice grain yield under reproductive stage drought stress tolerance. **Scientific Reports 2019 9:1**, v. 9, n. 1, p. 1–12, 4 out. 2019.
- YANG, H. et al. Genome-wide assessment of population structure and genetic diversity of *Eucalyptus urophylla* based on a multi-species single-nucleotide polymorphism chip analysis. **Tree Genetics and Genomes**, v. 16, n. 3, p. 1–11, 1 jun. 2020.

- ZALAPA, J. E.; BRUNET, J.; GURIES, R. P. ORIGINAL ARTICLE: The extent of hybridization and its impact on the genetic diversity and population structure of an invasive tree, *Ulmus pumila* (Ulmaceae). **Evolutionary Applications**, v. 3, n. 2, p. 157–168, 1 mar. 2010.
- ZIMMERMAN, S. J.; ALDRIDGE, C. L.; OYLER-MCCANCE, S. J. An empirical comparison of population genetic analyses using microsatellite and SNP data for a species of conservation concern. **BMC Genomics**, v. 21, n. 1, p. 1–16, 1 jun. 2020.
- ZUCCHI, M. I. et al. Genetic structure and gene flow in *Eugenia dysenterica* DC in the Brazilian Cerrado utilizing SSR markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 26, n. 4, p. 449–457, 2003.