

Desenvolvimento de seqüências de DNA microssatélite para estudo de populações remanescentes de Jacaré-de-Papo-Amarelo (*Caiman latirostris*), da região central do estado de São Paulo

RODRIGO BARBAN ZUCOLOTO

Tese apresentada ao Centro de Energia Nuclear na Agricultura, da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Ciências, Área de concentração: Energia Nuclear na Agricultura.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo - Brasil

Janeiro - 2003

Desenvolvimento de seqüências de DNA microssatélite para estudo de populações remanescentes de Jacaré-de-Papo-Amarelo (*Caiman latirostris*), da região central do estado de São Paulo

RODRIGO BARBAN ZUCOLOTO

Biólogo

Orientador: Prof. Dr. **LUIZ LEHMANN COUTINHO**

Tese apresentada ao Centro de Energia Nuclear na Agricultura, da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor em Ciências, Área de concentração: Energia Nuclear na Agricultura.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo - Brasil

Janeiro – 2003

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Seção Técnica de Biblioteca - CENA/USP

Zucoloto, Rodrigo Barban

Desenvolvimento de seqüências de DNA microssatélite para estudo de populações remanescentes de jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman Latirostris*), da região central do Estado de São Paulo / Rodrigo Barban Zucoloto. - - Piracicaba, 2003.

118p. : il.

Tese (doutorado) - - Centro de Energia Nuclear na Agricultura, 2003.

1. Conservação biológica 2. DNA Recombinante 3. Ecologia molecular 4. Genética de populações 5. Populações animais 6. SSR 7. STR I. Título

CDU 598.14:502.743

DEDICATÓRIA

Dedico a Deus este registro de parte da minha missão aqui na Terra. À Patrícia minha esposa, que soube me animar nos momentos difíceis do percurso deste doutorado, compreendendo as situações e algumas vezes apontando soluções. Ao meu filho Arthur que foi companheiro e compreensivo durante estes quatro anos, que também são os da vida dele. Aos meus pais Paulo Sérgio e Cleusa Regina e aos irmãos Lenise, Tiago e Rafael, que nos fracassos e sucessos destes sete anos de pós-graduação e dos outros anos todos da minha vida sempre me apoiaram. Dedico ainda, aos homens que pretendem a paz, que eu tenha colaborado um pouco com ela, fazendo ciência para a conservação.

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho, que entendeu a minha maneira de ser me estimulando com desafios, pelo apoio às observações por mim apresentadas sobre o desenvolvimento desta tese e sobretudo pelo respeito que desenvolvemos durante o percurso do nosso trabalho;
- Ao Prof. Dr. Luciano Martins Verdade, pelo seu entusiasmo com a ciência, o que nos levou a uma excelente parceria para a produção científica e sobretudo pelo respeito que desenvolvemos durante o percurso do nosso trabalho;
- Ao Prof. Dr. Travis C. Glenn, que vem acompanhando o meu trabalho desde o mestrado em 1996, cedendo os “primers” de *Alligator mississippiensis*, pelo constante apoio em revisões de artigos científicos e por proporcionar a minha participação no “Second International Crocodilian DNA Workshop”, realizado em San Diego, Califórnia de 7 à 9 de novembro de 2001;
- Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, Profa. Dra. Luciana Correia de Almeida Regitano e Prof. Alexandre Siqueira Guedes Coelho pelo direcionamento das análises estatísticas de dados genéticos;
- À Dra. Mariângela Cristofani, pela orientação no processo de construção de bibliotecas enriquecidas em microssatélites;
- Às Dras. Claudia Barros Monteiro Vitorrello e Lúcia Alvares por me ajudarem a compreender alguns processos em biologia molecular;
- Aos colegas do Laboratório de Biotecnologia Animal, pelas observações sugeridas ao meu trabalho e em especial às técnicas de nível superior, Nirlei e Maria Antônia pelo suporte oferecido com muita dedicação, a Erica pelas trocas de idéias e a Priscilla pela ajuda na coleta de dados;
- Ao CENA - Centro de Energia Nuclear na Agricultura/USP por me proporcionar a oportunidade de continuar minha formação em um importante centro de pesquisa nacional e pelo apoio da Diretoria e Secretaria;
- Ao Depto. de Zootecnia da ESALQ/USP onde se localiza o Laboratório de Biotecnologia Animal do Dr. Luiz Lehmann Coutinho, pelo suporte oferecido aos alunos desse laboratório;
- Ao Depto. de Genética ESALQ/USP, pela oportunidade de cursar algumas disciplinas;
- À FAPESP, pela concessão da bolsa de estudos e apoio financeiro à pesquisa via reserva técnica, sem o qual este trabalho não teria sido realizado.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS.....	vii
LISTA DE FIGURAS.....	viii
LISTA DE SIGLAS.....	ix
CURRICULUM VITAE.....	x
RESUMO.....	xi
SUMMARY.....	xiii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. O jacaré-de-papo-amarelo.....	3
2.2. Genética e biologia molecular.....	15
2.2.1. Microsatélites: o que são e como podem ser obtidos.....	15
2.2.2. Marcadores moleculares em estudos com animais.....	16
2.2.3. Citogenética e marcadores moleculares em estudos com crocodilianos.....	18
2.3. Parentesco, dispersão de indivíduos e estrutura de populações.....	23
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	30
3.1. Animais da colônia em cativeiro da ESALQ.....	30
3.2. Sítios de campo fora da bacia do Rio Piracicaba.....	30
3.3. Sítios de campo na bacia do Rio Piracicaba.....	31
3.4. Amostras de espécies próximas: <i>Caiman crocodilus</i> , <i>Caiman yacare</i> e <i>Paleosuchus palpebrosus</i>	32
3.5. Captura dos animais, coleta e conservação de sangue.....	33
3.6. Obtenção dos marcadores microsatélites pelo método do enriquecimento.....	33
3.6.1. Extração do DNA genômico, digestão do DNA extraído com <i>Sau3A I</i> e seleção dos fragmentos de interesse para o enriquecimento.....	33
3.7. Enriquecimento de bibliotecas de DNA de jacaré-de-papo-amarelo em regiões microsatélites.....	34
3.7.1. Preparo dos adaptadores, biotilação das sondas e ligação dos adaptadores ao DNA inserto.....	34
3.7.2. Preparo das esferas paramagnéticas e enriquecimento.....	36
3.7.3. Verificação do enriquecimento via PCR e amplificação do DNA enriquecido para clonagem.....	38

SUMÁRIO

	Página
3.8. Construção, armazenagem e detecção das bibliotecas de DNA do jacaré-de-papo-amarelo (JPA), enriquecidas em regiões microssatélites.....	39
3.9. Detecção e sequenciamento dos clones positivos.....	40
3.10. Desenho dos <i>primers</i> e nomenclatura dos marcadores microssatélites.....	41
3.11. Extração do DNA para a determinação dos genótipos.....	42
3.12. Teste de especificidade da PCR dos novos marcadores.....	42
3.13. Otimização dos marcadores.....	42
3.14. Análise dos dados.....	44
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	46
4.1. Marcadores microssatélites: Bibliotecas enriquecidas, teste de especificidade da PCR, otimização e seleção dos marcadores.....	46
4.2. Caracterização dos marcadores.....	53
4.2.1. Conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) dos microssatélites.....	53
4.2.2. Desequilíbrio de ligação.....	54
4.3. Caracterização das populações.....	56
4.3.1. Frequência de alelos, heterozigosidade e teste exato para equilíbrio de Hardy-Weinberg.....	56
4.4. Teste de maternidade.....	64
4.5. Estrutura das populações da bacia do Rio Piracicaba: estatísticas Rho.....	66
4.6. Parentesco e agrupamento UPGMA.....	70
4.6.1. Cativoiro.....	70
4.6.2. Selvagens controle.....	72
4.6.3. Indivíduos selvagens da bacia do rio Piracicaba.....	73
4.7. Transferência dos marcadores para outras espécies brasileiras de crocodilianos.....	76
5. CONCLUSÕES.....	77
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	78
APÊNDICE 1 – Genótipos de todos os indivíduos amostrados em formato de três dígitos para cada alelo.....	95
APÊNDICE 2 - Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas.....	98

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1 – Parâmetros dos <i>primers</i> desenvolvidos e otimizados para <i>Caiman latirostris</i>	50
Tabela 2 – Confirmação de segregação para os marcadores selecionados através dos genótipos dos indivíduos da família 1.....	53
Tabela 3 – Conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) por marcador e por população.....	54
Tabela 4 - Valores de P (P-valores) para o desequilíbrio de ligação entre cada par de <i>locus</i> considerando todas as populações estudadas pelo método de Fisher.....	55
Tabela 5 – Frequência de alelos nas populações estudadas.....	57
Tabela 6 – Heterozigosidade nas populações estudadas.....	62
Tabela 7 - Probabilidade de exclusão e frequência de alelos nulos na população em cativeiro da ESALQ.....	65
Tabela 8 – Teste de maternidade das famílias 1 e 5.....	66
Tabela 9 - Estatísticas Rho para as populações da Bacia do Rio Piracicaba.....	67
Tabela 10 - Resultados das estatísticas Rho e Nm calculados sobre os componentes de variação para as populações da Bacia do Rio Piracicaba.....	67
Tabela 11 - Valores de Rho, Nm e $(\delta\mu)^2$ comparando as populações da bacia do Rio Piracicaba par a par.....	68
Tabela 12 – Médias de Rho e Nm considerando a escala de amostragem.....	69
Tabela 13 - Resultados das estatísticas Rho e Nm calculados sobre os componentes de variação para as populações da Bacia do Rio Piracicaba.....	69
Tabela 14 – Transferência dos marcadores para <i>Caiman crocodilus</i> , <i>Caiman yacare</i> e <i>Paleosuchus palpebrosus</i>	76

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1- Representação da reação de hibridização entre as seqüências <i>Long</i> e <i>Short</i> (A) e da ligação entre os adaptadores pré-hibridizados e o DNA inserto de jacaré-de-papo-amarelo (B).....	35
Figura 2 - Representação do processo de enriquecimento. Passos A e B, representam a formação do complexo esferas paramagnéticas mais sonda marcada com biotina. Passos C e D representam a hibridização da sonda com o DNA adaptado, formando o complexo esferas paramagnéticas, sonda marcada com biotina e DNA adaptado.....	37
Figura 3 - Replicador utilizado para transferir quatro placas de ELISA para a membrana de nylon em um espaço de aproximadamente 150 cm ²	40
Figura 4 – Classificação dos marcadores microssatélites segundo Weber (1990).....	47
Figura 5 –Inspeção da especificidade da PCR dos marcadores <i>Clau4</i> to <i>Clau13</i> em gel de agarose 3 %, ϕ x <i>Hae</i> III DNA <i>ladder</i> como padrão de tamanho de fragmento, dois ou três indivíduos testados por marcador e o negativo de cada reação.....	48
Figura 6 – Teste com o estágio 1 do PCR Optimizer Kit dos marcadores <i>Clau4</i> (à esquerda do marcador ϕ x) e 6 (à direita do ϕ x), utilizando a mesma amostra, mostrando o efeito da concentração de magnésio e do pH sobre a amplificação destes marcadores, nota-se que alguns dos tampões produzem amplificações não específicas (setas).....	49
Figura 7 – Qualidade da PCR para análise no sistema do seqüenciador de DNA MegaBace 1000. (A) Picos com boa qualidade e de fácil interpretação e (B) Picos de qualidade ruim de difícil interpretação.....	52
Figura 8 – Fenograma UPGMA agrupando os indivíduos da colônia em cativeiro da ESALQ amostrados, baseado no parentesco medido pelo método da informação de Coelho (2001).....	71
Figura 9 – Fenograma UPGMA agrupando os selvagens controle amostrados, baseado no parentesco medido pelo método da informação de Coelho (2001).....	73
Figura 10 – Fenograma UPGMA agrupando os indivíduos selvagens amostrados da bacia do rio Piracicaba, baseado no parentesco medido pelo método da informação de Coelho (2001).....	75

LISTA DE SIGLAS

UPGMA - *Unweighted Pair-group Using an Arithmetic Average*.

RDSM - Reserva de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá.

CITES - *Convention on International Trade in Endangered Species of Fauna and Flora*.

IUCN - *The World Conservation Union*.

CSG - *Crocodile Specialist Group*.

SPARKS – *Single Population Animal Record Keeping System*.

SVL – *Snout Vent Length* (Comprimento rostro-anal).

PCR- *Polymerase Chain Reaction* (Reação em cadeia da polimerase).

RAPD – *Randon Amplified Polymorphic DNA* (Polimorfismo de DNA amplificado ao acaso).

AFLP – *Amplified Fragment Length Polymorphism* (Polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado).

RWR - *Rockfeller Wild Refuge*.

RFLP – *Restriction Fragment Length Polymorphism*.

Rodrigo Barban Zucoloto
CURRICULUM VITAE
Fevereiro, 2003

1. DADOS PESSOAIS

Nome: Rodrigo Barban Zucoloto

Filiação: Paulo Sérgio Crivelenti Zucoloto e Cleusa Regina Barban Zucoloto

Nascimento: 29/12/1971, Ribeirão Preto/SP - Brasil

Carteira de identidade: 1978808907 / SSP-SP / SP / 09/10/2001

CPF: 24695552809

Endereço profissional: Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz.
Av. Pádua Dias, 11.

Agronomia

13.418-900 PIRACICABA, SP - Brasil

Telefone: (19) 34294434

E-mail: rbzucolo@carpa.ciagri.usp.br

Endereço residencial: Rua Júlio Prestes, 565.

Vila Monteiro

3418500 PIRACICABA, SP - Brasil

Telefone: (19) 34325468

E-mail: rbzucolo@carpa.ciagri.usp.br

2. FORMAÇÃO ACADÊMICA/TITULAÇÃO

1999-2003. Doutorado em Ciências (Energia Nuclear na Agricultura) [Cena]. Universidade de São Paulo, USP, São Paulo, Brasil.

Título: Desenvolvimento de seqüências de DNA microssatélite para estudo de populações remanescentes de jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), da região central do Estado de São Paulo.

Orientador: Luiz Lehmann Coutinho.

Bolsista do(a): Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, Brasil.

1996 – 1999. Mestrado em Ciências (Energia Nuclear na Agricultura) [Cena]. Universidade de São Paulo, USP, São Paulo, Brasil.

Título: Avaliação da diversidade genética e teste de maternidade em jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), através do uso de seqüências de DNA microssatélite. Ano de obtenção: 1999.

Orientador: Luiz Lehmann Coutinho.

Bolsista do (a): Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, CNPQ, Brasil.

1990 – 1994. Graduação em Ciências Biológicas. Universidade de São Paulo, USP, São Paulo, Brasil.

Título: Estudo da Fauna de Drosophila (Díptera, Drosophilidae) em ambientes urbanos de Ribeirão Preto - SP.

Orientador: Prof Dr. Fábio de Mello Sene.

3. ARTIGOS COMPLETOS PUBLICADOS EM PERIÓDICOS

ZUCOLOTO, Rodrigo Barban; VERDADE, Luciano Martins; COUTINHO, Luiz Lehmann.

Microsatellite DNA library for *Caiman latirostris*. Journal of Experimental Zoology, v.294, n.4, p.346-351, 2002.

VERDADE, Luciano Martins; ZUCOLOTO, Rodrigo Barban; COUTINHO, Luiz Lehmann.

Microgeographic Variation in *Caiman latirostris*. Journal of Experimental Zoology, v.294, n.4, p.387-396, 2002.

DESENVOLVIMENTO DE SEQÜÊNCIAS DE DNA MICROSSATÉLITE PARA ESTUDO DE POPULAÇÕES REMANESCENTES DE JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO (*Caiman latirostris*), DA REGIÃO CENTRAL DO ESTADO DE SÃO PAULO

Autor: **RODRIGO BARBAN ZUCOLOTO**

Orientador: Prof. Dr. **LUIZ LEHMANN COUTINHO**

RESUMO

Novos marcadores genéticos foram caracterizados para jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) pela construção de bibliotecas enriquecidas de DNA microssatélite. Um microssatélite foi desenvolvido a partir de uma biblioteca enriquecida de DNA microssatélite (ACC/TGG)_n e 12 a partir de uma biblioteca enriquecida de DNA microssatélite (AC/TG)_n. Esses marcadores foram testados em indivíduos da espécie *Caiman latirostris* e resultaram em sete novos microssatélites polimórficos. Adicionalmente quatro marcadores microssatélites de *Alligator mississippiensis* previamente transferidos para *Caiman latirostris* foram utilizados. Amostras de sangue jacarés-de-papo-amarelo originárias de várzeas associadas ao Rio Piracicaba e alguns de seus tributários no estado de São Paulo, Brasil, foram avaliadas quanto à variação genética entre populações e o parentesco entre indivíduos. Foi detectada variabilidade entre indivíduos originários de sítos diferentes, mesmo entre aqueles com pequena distância geográfica. Os resultados sugerem que os grupos amostrados em cada sítio são

compostos predominantemente por indivíduos aparentados. Uma possível combinação de alta taxa de mortalidade e baixa taxa de natalidade pode ser a explicação do baixo número de indivíduos dispersos com sucesso por geração entre os sítios estudados. Esses marcadores podem auxiliar na compreensão dos processos metapopulacionais que aparentemente ocorrem na espécie.

**DEVELOPMENT OF MICROSATELLITE DNA SEQUENCIES FOR THE
STUDY OF REMNANT POPULATIONS OF BROAD-SNOURED CAIMAN
(*Caiman latirostris*), OF CENTRAL REGION OF SÃO PAULO STATE**

Author: **RODRIGO BARBAN ZUCOLOTO**

Adviser: Prof. **Dr. LUIZ LEHMANN COUTINHO**

SUMMARY

New genetic markers were characterized for the broad-snouted caiman (*Caiman latirostris*) by constructing libraries enriched for microsatellite DNA. One microsatellite was developed from a (ACC/TGG)_n enriched microsatellite DNA library and 12 from a (AC/TG)_n enriched microsatellite DNA library. These markers were tested in *Caiman latirostris* individuals and resulted in seven new polymorphic microsatellites for the specie. Additionally four *Alligator mississippiensis* microsatellite markers previously transferred for *Caiman latirostris* were used. Samples from broad-snouted caimans from small wetlands associated with the Piracicaba River and some of its tributaries in the state of São Paulo, Brazil were used to study the genetic variation between populations and parentage between individuals. Genetic variability was detected among individuals from different sites, even those within a small geographic distance. The results suggest that the groups sampled at each site are composed predominantly of related individuals. A possible combination of high mortality and low natality rates in the fragmented *Caiman latirostris* populations may explain the low number of successfully dispersed

individuals per generation observed between the sites studied. These markers might help to understand the metapopulation processes that are occurring within this species.

1. INTRODUÇÃO

O jacaré-de-papo-amarelo é uma espécie ameaçada de extinção (Vanzolini, 1972; Groombridge, 1987 e Bernardes, 1990) e por isso um programa de conservação é de fundamental importância para a manutenção da espécie. O desenvolvimento do manejo em cativeiro de espécies de animais silvestres e o interesse na conservação de suas populações naturais, como é o caso do jacaré-de-papo-amarelo, geraram a necessidade de conhecê-las do ponto de vista genético. O entendimento de como funcionam populações naturais dessas espécies quanto ao sistema de acasalamento, diversidade genética intra e interpopulacional e dinâmica populacional é fundamental para organizar os esforços de conservação de suas populações remanescentes. 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 de áreas de ocorrência do jacaré-de-papo-amarelo na bacia do Rio Tietê, na região central do Estado de São Paulo.

O Laboratório de Ecologia Animal, auxiliado pelo Laboratório de Biotecnologia, ambos pertencentes ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ/USP (Piracicaba, Estado de São Paulo, Brasil), vêm de forma interdisciplinar coordenando esforços para contribuir com o estudo da biologia, manejo e conservação do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*). O primeiro resultado desse esforço conjunto foi a dissertação de mestrado intitulada "Avaliação da diversidade genética e teste de maternidade em jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman Latirostris*), através do uso de seqüências de DNA microssatélite" (Zucoloto, 1998). Concluiu-se neste trabalho que, utilizando-se marcadores microssatélites é possível correlacionar a similaridade genética de Ciampolini et al. (1995) com o coeficiente de parentesco de Van Vleck et al. (1987). O modelo matemático que explica

essa correlação é uma regressão linear positiva, cujo coeficiente de determinação é $r^2 = 0.629$. Entretanto foi observada uma grande variação da similaridade genética em relação ao coeficiente de parentesco e vice-versa, sendo possível apenas diferenciar com segurança entre indivíduos aparentados e não aparentados. Isto aconteceu porque entre os quatorze microssatélites de *Alligator mississippiensis* (Glenn et al., 1998) testados apenas quatro foram polimórficos para *Caiman latirostris*. A correlação entre similaridade genética e coeficiente de parentesco aumenta com um maior número de marcadores utilizados (Cox et al., 1985 e Schwartz & Armitage, 1983), pela minimização da observação de alelos idênticos por acaso e sim por descendência, na comparação multi-locus entre indivíduos. A utilização de métodos mais recentes para a determinação de parentesco dispensa o uso da correlação com a similaridade genética, proporcionando a obtenção de coeficiente de parentesco diretamente do padrão de bandas obtido com marcadores codominantes, como são os marcadores microssatélites (Ritland, 1996; Lynch & Ritland, 1999 e Coelho, 2001).

Na atual pesquisa foram desenvolvidos marcadores microssatélites específicos para *Caiman latirostris*. O coeficiente de parentesco obtido pelo método da informação proposto por Coelho (2001), utilizando quatro dos marcadores otimizados em Zucoloto (1998) e sete desenvolvidos neste trabalho, foi suficiente para organizar indivíduos selvagens da espécie pelo método UPGMA - *Unweighted Pair-group Using an Arithmetic Average* (Sneath & Sokal, 1973 e Weir, 1996), ampliando a capacidade da metodologia para o estudo da dispersão desses indivíduos entre populações remanescentes da bacia do Rio Piracicaba, afluente do Rio Tietê no centro-leste do Estado de São Paulo.

A aplicabilidade dos marcadores desenvolvidos não se resumiu à utilização dos mesmos para o *Caiman latirostris*. Microssatélites podem ser transferidos entre espécies próximas, ou mesmo entre gêneros próximos (Moore et al., 1991). Os marcadores desenvolvidos, a exemplo dos quatro otimizados por Zucoloto (1998), foram caracterizados para uso em estudos de outras espécies brasileiras pertencentes à subfamília Alligatorinae como, *Caiman spp*, *Melanosuchus niger* e *Paleosuchus spp*.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. O jacaré-de-papo-amarelo

Há vinte e duas espécies de crocodilianos viventes. Dentre estas, dezessete são consideradas vulneráveis ou ameaçadas de extinção (Groombridge, 1987). No Brasil são encontradas as seguintes espécies: *Paleosuchus palpebrosus* (jacaré-paguá), *P. trigonatus* (jacaré-coroa), *Melanosuchus niger* (jacaré-açu), *Caiman crocodilus* (jacaré-tinga), *C. yacare* (jacaré-do-pantanal) e o *C. latirostris* (jacaré-de-papo-amarelo), de acordo com King & Burke (1989). *Caiman crocodilus yacare* já havia sido proposta como espécie aparte de *Caiman crocodilus* por Medem (1983), citado por Yamashita et al. (1993). Estes últimos autores ainda ressaltaram que dados bioquímicos suportam o relacionamento muito próximo entre as espécies dentro do complexo *Caiman crocodilus*, no entanto existem diferenças genéticas discretas que separam *Caiman crocodilus* e *Caiman yacare* como espécies distintas, corroborando a classificação de King & Burke (1989).

Diferentes tipos de programa de manejo vêm sendo propostos para as situações específicas de cada espécie nos diferentes ecossistemas do Brasil. No Pantanal, onde as densidades populacionais do jacaré-do-pantanal são altas, 150 indivíduos/Km² (Coutinho & Campos, 1996), citado por Coutinho & Campos (2002) foi proposta a utilização de populações naturais de jacaré (*Caiman crocodilus yacare*, chamado nesta tese de *Caiman yacare*, seguindo a classificação de King & Burke, 1989) como mecanismo de sua conservação (Coutinho & Campos, 2002). Os autores destacam a evolução rápida na produção de jacarés pelo sistema de coleta de ovos (*ranching*) e sistema de produção em cooperativas, após a implementação da Portaria 126 do IBAMA de 1990 e o declínio do sistema de produção *ranching* no pantanal após o ano de 1996.

Embora não demonstrado estatisticamente, os autores destacam que as populações de jacaré vinham suportando os níveis de extração de ovos ao longo do tempo e que os principais motivos do declínio da atividade segundo os produtores foi o alto custo de produção e processamento dos produtos e os problemas de comercialização, em especial as barreiras impostas pelo governo americano para produtos do Pantanal. O estudo de Coutinho & Campos (1997), citado por Coutinho & Campos (2002) aponta para o fato de que em anos de cheia a taxa de reprodução é maior do que em anos de seca e que nestes últimos os níveis de exploração tem que ser melhor dimensionados tanto no sistema de *ranching* como no de caça controlada (*cropping*) para não comprometer a viabilidade biológica das populações. Os autores concluíram que frente à exigência de estabilidade de fornecimento de produtos que empreendimentos agroindustriais precisam manter e dado à dificuldade de obtê-la por manejo unicamente extrativista, especialmente no Pantanal, devido às acentuadas instabilidades ambientais, torna-se evidente a necessidade de desenvolver e introduzir novas técnicas de produção, para melhorar a qualidade e a estabilidade no fornecimento dos produtos.

Na Amazônia brasileira, populações naturais de jacaré-açu (*Melanosuchus niger*) e jacaré-tinga (*Caiman crocodilus*) vêm sendo monitoradas na Estação Ecológica de Anavilhanas, onde 16 a 20 % dos jacarés identificados foram *M. niger* e o número de ninhadas desta espécie, e portanto o número de fêmeas com sucesso reprodutivo não foi superior a 16 (Da Silveira et al., 1997) e na RDSM - Reserva de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá (Da Silveira et al., 2002). Para uma compilação mais recente sobre a distribuição e abundância do *M. niger* o autor cita (Ross, 1998b). Na RDSM a densidade de jacarés nos levantamentos de 1998, durante a cheia, variou entre 3,4 e 6,4 indivíduos/Km de margem percorrida sendo 41 % dos jacarés identificados pertencentes a *M. niger* e durante a seca entre 76,8 e 450 indivíduos/Km de margem percorrida, sendo 72,5 % dos jacarés identificados pertencentes a *M. niger*. O número de fêmeas com sucesso reprodutivo no Lago Jacarezinho (345 m de comprimento por 190 m de largura) foi igual a 17, número que segundo os autores pode ser comparado à quantidade de ninhos encontrada em 1000 km de área estudada em Anavilhanas. O autor explica que o *M. niger* é mais exigente quanto à qualidade do habitat do que o *C. crocodilus* (Da

Silveira et al., 1997; Herron, 1994 e Magnusson, 1985), citados por Da Silveira et al. (2002), sendo sua ocorrência fortemente associada ao ambiente de florestas inundáveis. Os autores destacam que a espécie prefere ambientes de águas brancas que contém maior quantidade de nutrientes, o que dá maior suporte à vegetação subaquática utilizada pelos seus filhotes. Assim o ambiente de Anavilhanas favorece menos a sua ocorrência por ser principalmente formado por águas pretas ou claras vindas do Rio Negro como fica claro nas amostragens de Da Silveira et al. (1997). Na RDSM que recebe uma grande influência das águas brancas do Rio Solimões formam-se extensas áreas de várzea, podendo atingir 90 km de largura entre os Rios Solimões e Japurá, proporcionando as densidades expressivas apresentadas para a espécie em Da Silveira et al. (2002). Os autores ressaltam que todo manejo feito sobre a espécie até o momento é ilegal e por outro lado argumentam que deste manejo dependem as populações ribeirinhas por um período de aproximadamente quatro meses durante as secas de cada ano, defendendo um projeto piloto de caça experimental sobre as populações da RDSM, que é uma reserva de desenvolvimento sustentável. De acordo com os autores esta seria uma forma de avaliar este método como principal forma de manejo para a espécie, sem descartar que a iniciativa privada poderia investir no ranching ou farming, consideradas por eles como formas mais caras de fazer o manejo da espécie. Segundo Magnusson, (1995a), citado por Da Silveira et al. (2002) a unidade de conservação do *M. niger* deve ser a bacia hidrográfica e não a espécie. Propostas como esta talvez pudessem ser avaliadas positivamente por órgãos internacionais competentes como a CITES - *Convention on International Trade in Endangered Species of Fauna and Flora*, a IUCN - *The World Conservation Union* e o CSG - *Crocodile Specialist Group* por favorecer a regionalização da avaliação do *status* de conservação de espécies ameaçadas que recairiam sobre populações ou ambientes específicos. Isto também poderia favorecer a flexibilização da legislação nacional sobre manejo de fauna e flora, que poderia permitir a retirada de algumas populações específicas de cada espécie do *status* de ameaçada, sendo ouvidos os seus especialistas, favorecendo seu manejo como um diferencial pela sua conservação.

O *Caiman latirostris* (jacaré-de-papo-amarelo), é um crocodiliano sul americano de porte médio, habitante das várzeas associadas a rios. A área de distribuição geográfica do jacaré-de-papo-amarelo inclui as bacias hidrográficas dos Rios Paraná e São Francisco, distribuindo-se através das regiões nordeste da Argentina, sudeste da Bolívia, Paraguai e norte do Uruguai e abrangendo um grande número de pequenas bacias costeiras a partir de Natal, no nordeste do Brasil, até o nordeste do Uruguai (Verdade, 1998).

A espécie, foi considerada como ameaçada de extinção tanto a nível internacional (Groombridge, 1987 e Verdade, 1998), como nacional (Vanzolini, 1972 e Bernardes, 1990). 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 Estado de São Paulo mantém atualmente apenas 5 % de sua cobertura vegetal original (Victor, 1975) encontrando-se na zona central da distribuição geográfica da espécie (Verdade, 1997a). 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).

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 Piña 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). Um histórico sobre o programa experimental de criação em cativeiro da espécie da ESALQ é apresentado em Verdade (2001b). Neste trabalho o autor 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. Por outro lado a espécie é relativamente comum em parques zoológicos do Brasil. A propagação em cativeiro tem sido defendida como uma importante forma de conservação para a espécie (Verdade, 1997a), sendo o IBAMA é o órgão que regulamenta estas atividades através das portarias n°s 117 e 118, ambas de 15/10/1997.

A propagação em cativeiro pode representar um papel importante na preservação de espécies em extinção (Conway, 1980 e Bustard, 1984) e exercer um papel importante na educação ambiental em centros urbanos, onde o acesso à vida silvestre é mais restrito (Burgin, 1993). A criação em cativeiro de espécies nativas também poderá diminuir o interesse pela criação de espécies exóticas, como é o caso do *Crocodylus niloticus* trazido para o Rio Grande do Sul. Esta atividade é 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 (Verdade & Santiago, 1991; Verdade & Molina, 1993; Verdade & Kassouf-Perina, 1993), 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, 2001b). Em 1995 uma equipe do programa passou a monitorar populações remanescentes do jacaré-de-papo-amarelo do Estado de São Paulo (Verdade, 2001b), do ponto de vista de sua ecologia e mais tarde do ponto de vista genético (Zucoloto, 1998).

Os primeiros animais da geração F2 da colônia em cativeiro da ESALQ, nasceram em 1996, sendo que mais recentemente a colônia já somava 700 indivíduos dos quais cerca de 500 animais foram destinados a criadores particulares. O número médio de ovos depositados por fêmeas do *C. latirostris* foi 40 ovos (Verdade, 1992), 33 ovos, variando de 18 a 49 (Verdade et al., 1992) e 40,25 ovos, variando de 36 a 44 (Verdade & Sarkis, 1998) em cada ninho. Avaliando 157 ninhos provenientes das províncias de Santa Fe e Entre Rios na Argentina Piña et al. (2002) encontraram a média

de $37,01 \pm 0,55$ para o tamanho de postura da espécie e que não há diferença entre o tamanho da postura de animais em cativeiro ou selvagens.

O pico de postura dos ovos concentra-se em janeiro, começando em fim de outubro e terminado em meados de fevereiro (Verdade et al., 1993). Em uma mesma colônia e temporada de reprodução foram observadas fêmeas com folículos em desenvolvimento, com ovos formados e fêmeas em ovulação (Vac et al., 1992). Em geral as fêmeas apresentam comportamento de defesa ao ninho ao contrário dos machos (Verdade, 1992 e Sarkis-Gonçalves et al., 2001). Interações agonísticas costumam ocorrer por ocasião da formação de grupos reprodutores, sendo o inverno o período mais apropriado para este manejo pois o metabolismo dos animais está mais baixo, prevenindo as brigas (Verdade, 1992). Animais adultos de ambos os sexos apresentam um comportamento de movimentar a cauda antes de um ataque frontal, especialmente durante o período de reprodução. Este comportamento está aparentemente relacionado a interações intraespecíficas (Verdade, 1999) semelhante ao apresentado por *Caiman crocodilus crocodilus* (Azarzaquena, 1983), citado por Verdade (1999).

Uma extensa discussão sobre o comportamento de termorregulação da espécie pode ser encontrada em Molina & Sajdak (1993), onde foi observada a temperatura máxima para a espécie variando entre 31,4 e 34,5 °C, sendo que a temperatura preferida variou entre 28,0 e 34,4 °C para adultos e 29 e 34,5 °C entre os jovens. De forma geral *Caiman spp.* passam algumas horas durante a manhã e tarde expostos ao ambiente atmosférico para obter calor e retornam ao final da tarde para a água onde permanecem até a próxima manhã.

Sabe-se que o ambiente térmico ao qual os crocodilianos são submetidos e suas respostas ao mesmo são muito importantes para seu crescimento, saúde e bem estar (Fincatti & Verdade, 2002), assim os recintos de reprodução e de crescimento devem estar de acordo com as preferências térmicas da espécie. Os quatro recintos usados para a reprodução na colônia em cativeiro da ESALQ são abertos, estando sujeitos à temperatura ambiente, medem 10 por 9 m, contendo um tanque de 6 por 4 m com profundidade de 1,20 m e rampas laterais levemente inclinadas, onde quatro fêmeas e um macho formam um grupo de reprodução (Sarkis-Gonçalves et al., 2001). A

densidade é de 18 m²/animal. Cada recinto contém um abrigo de nidificação de 2 por 2 m para cada fêmea que também pode servir para a introdução de indivíduos novos ao grupo. O comportamento de termorregulação em jacarés jovens foi bem acompanhado por Fincatti & Verdade (2002). Estes autores descrevem detalhadamente os recintos de crescimento e sua influência sobre o conforto térmico para jacarés em crescimento. Cinco módulos com área de piso seco de 12 por 2 m e tanque de água de 12 por 2 por 0,65 m e cobertura de plástico treliçado transparente com 0,22 mm de espessura Sansuy ® KP11208, apoiados em arcos de suporte de altura máxima de 3,50 m e mínima de 1,80 m, são usados como recintos de crescimento na colônia em cativeiro da ESALQ. Medindo a temperatura entre 12:00 e 13:00 h em três pontos distintos de um desses módulos: superfície do piso seco, superfície do tanque de água e fundo do tanque de água, Fincatti & Verdade (2002) observaram a temperatura do piso seco variando de 15 a 50 °C (Média mínima: 24,75 ± 3,63; Média máxima: 37,93 ± 5,78); temperatura da superfície do tanque variando de 17 a 47 °C (Média mínima: 27,21 ± 3,65; Média máxima: 32,94 ± 4,83) e temperatura do fundo do tanque variando de 17 a 34 °C (Média mínima: 25,28 ± 2,93; Média máxima: 28,43 ± 3,21). A temperatura preferida por *Caiman spp.* jovens variou entre 29 e 34,5 °C (Molina & Sajdak, 1993), a temperatura ótima para os crocodilianos varia em torno de 30 a 33 °C (Joanen & McNease 1987; Lang, 1987), citados por Fincatti & Verdade (2002). Em estudo sobre termorregulação em estufa, filhotes mostraram o comportamento de deslocar-se ao longo do dia, expondo-se a faixas térmicas mais adequadas (Verdade et al., 1994), citado por Fincatti & Verdade (2002). As médias mínimas e máximas obtidas por Fincatti & Verdade (2002) mostram que durante o período mais quente do ano, devido à variação térmica microclimática dentro da estufa estudada, há sempre um microambiente termicamente adequado a manutenção de filhotes de jacaré-de-papo-amarelo, sendo esta recomendada para uso em criações comerciais por utilizar a energia solar para o aquecimento.

Foi observada a idade de aproximadamente dez anos para o início da reprodução entre jacarés-de-papo-amarelo na colônia em cativeiro da ESALQ (Verdade & Sarkis, 1998). 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 intervalo de geração e menor a taxa de incremento populacional (Caughley, 1977), citado por Verdade & Sarkis (1998). Este número relaciona-se ao número médio de indivíduos migrantes por geração como demonstrado em Verdade et al. (2002). O SVL - *Snout Vent Length* (Comprimento rostro-anal) e BM (*body mass*) dos animais amostrados por Verdade & Sarkis (1998), apresentados na tabela 1 do trabalho destes autores, estão dentro da faixa de variação descrita anteriormente por Verdade et al. (1993).

A maturidade sexual em crocodilianos esta relacionada não só com a idade, mas também com o tamanho (Magnusson et al., 1989), citado por Verdade et al. (1993). Entre aligátors a maturidade sexual foi observada com cerca de 180 cm de comprimento total, com idade de 9 a 10 anos na Louisiana e 15 a 18 anos na Carolina do Norte (Ferguson, 1985), citado por Verdade et al. (1993). Entre fêmeas reprodutivas do *C. latirostris* foi observado SVL de 70 a 110 cm e peso de 15 a 59,7 Kg (Verdade et al., 1993). Fêmeas reprodutivas de menor porte, SVL de 50 a 60 cm, foram reportadas por Larriera (Comunicação pessoal), citado por Verdade et al. (1993). Entre os machos reprodutivos foi observado SVL de 90 a 109 cm e peso entre 30 a 64 Kg (Verdade et al., 1993).

Segundo Verdade (2001a) o SVL da fêmea teve correlação positiva com a massa dos ovos ($r^2 = 0,699$, P-value < 0,000), com a massa da ninhada, embora não significativa ($r^2 = 0,406$, P-value < 0,082), com o comprimento dos ovos ($r^2 = 0,548$, P-value < 0,000), com a largura dos ovos ($r^2 = 0,678$, P-value < 0,000), com a massa corpórea dos filhotes ($r^2 = 0,627$, P-value < 0,000) e com o SVL dos filhotes ($r^2 = 0,699$, P-value < 0,000). O BM da fêmea teve correlação positiva com a massa dos ovos ($r^2 = 0,693$, P-value < 0,000), com a massa da ninhada ($r^2 = 0,615$, P-value < 0,021), com o comprimento dos ovos ($r^2 = 0,548$, P-value < 0,000), com a largura dos ovos ($r^2 = 0,582$, P-value < 0,000), com a massa corpórea dos filhotes ($r^2 = 0,630$, P-value < 0,000) e com o SVL dos filhotes ($r^2 = 0,678$, P-value < 0,000). Não foram encontradas relações claras entre o SVL e o BM da fêmea com o tamanho da ninhada ($r^2 = 0,414$, P-value < 0,297 e $r^2 = 0,354$, P-value < 0,120, respectivamente). Foi encontrada correlação negativa, embora não altamente significativa entre SVL e massa relativa da ninhada ($r^2 = 0,594$, P-

value < 0,065) e correlação negativa, altamente significativa entre BM da fêmea e a massa relativa da ninhada ($r^2 = 0,755$, P-value < 0,005). O autor ressalta que com exceção do tamanho da ninhada há uma clara correlação entre o tamanho da fêmea (SVL ou BM) e todas as características estudadas das ninhadas desde as dimensões do ovo até o tamanho do corpo dos filhotes, o que provavelmente confere sucesso reprodutivo diferenciado as fêmeas maiores, pois segundo Piña et al. (1996), citado por Verdade (2001a) o tamanho corporal dos filhotes pode estar relacionado à taxa de sobrevivência destes no primeiro inverno, principalmente na parte sul da distribuição da espécie. Os dados de Molina & Sajdak (1993) parecem estar de acordo com esta suposição, pois jacarés menores ganham e perdem calor mais rapidamente do que os maiores devido à relação superfície volume de seus corpos, o que poderia ser prejudicial a ninhadas de filhotes pequenos em anos muito frios. Embora este possa não ser o caso em populações fragmentadas onde a pirâmide etária e a hierarquia entre indivíduos reprodutivos não esta bem estabelecida (Verdade, 2001a).

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). Os ovos devem ser incubados entre 27 e 34 °C em bandejas plásticas contendo vermiculita umedecida (Sarkis-Gonçalves et al., 2001), o que proporciona a conservação da umidade e manutenção de calor necessários durante a incubação (Grigg, 1987), citado por Sarkis-Gonçalves et al. (2001). Os dados desses autores são concordantes com os obtidos por Donayo et al. (2002) que utilizaram três temperaturas de incubação 29, 31 e 33 °C para verificar sua influência sobre o tempo de incubação, a banda de calcificação, o peso dos ovos e o desenvolvimento embrionário em ninhos de *Caiman latirostris*. Estes autores observaram que a temperatura é inversamente proporcional ao tempo de incubação dos ovos e ao tempo necessário para ovo ficar completamente opaco, sendo que a 33 °C o tempo de incubação foi de 67 a 78 dias e a opacidade total completou-se por volta de dois terços do tempo de incubação.

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. No sistema de incubação artificial com vermiculita os ovos tendem a ficar mais íntegros devido ao pH básico deste material, dificultando a eclosão. Neste caso, deve-se auxiliar o nascimento dos filhotes manualmente (Sarkis-Gonçalves et al., 2001). Os filhotes apresentam vocalizações ainda dentro do ovo, fato que parece estar ligado a sincronização do nascimento da ninhada (Lee, 1968), citado por Sarkis-Gonçalves et al. (2001) e para estimular a mãe a abrir o ninho (Lee, 1968), citado por Verdade et al. (1993).

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). Analisando a dieta em duas classes de tamanhos de jacarés, jovens (seis machos e oito fêmeas, comprimento total <120 cm) e adultos (22 machos e oito fêmeas, comprimento total \geq 120 cm) em três ambientes distintos, uma várzea, uma pequena lagoa e um grande lago, Melo (2002) encontrou invertebrados 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, enquanto na pequena lagoa, aves aquáticas foram consumidas pelos jacarés quando o nível da água esteve mais baixo, ocasionando uma concentração destas aves e facilitando sua captura. Somente os machos capturaram mamíferos, sendo o rato-do-banhado (*Myocastor coypus*), uma espécie abundante na área estudada, o mamífero mais consumido. A 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), citados por Melo (2002). 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. A autora conclui que seus resultados não suportam a queixa dos pescadores locais de que o *C. latirostris* estaria reduzindo o estoque de peixes disponível.

Estudos de dieta vêm sendo desenvolvidos para uso em cativeiro. Utilizando descartes de frango, suínos, peixes e uma mistura igual das três fontes, Pinheiro & Lavorenti (2001), não encontraram diferenças entre estas dietas. Dezesesseis filhotes com média de 208 g cada um foram distribuídos pelos quatro tratamentos. Os autores provavelmente foram os primeiros a avaliar a composição bromatológica, a composição de aminoácidos e a porcentagem de comida em relação à massa corporal a ser oferecida para jacarés em cativeiro, estando esta estimativa em 75 ± 27 % do peso vivo por semana, o equivalente a 23 % de matéria seca por semana.

O corpo do jacaré-de-papo-amarelo é coberto por escamas com placas dérmicas e podem apresentar considerável deposição óssea no caso de animais selvagens. Entretanto em condições de ambiente aquecido e alimentação controlada em criações de cativeiro ela é menor, o que facilita a comercialização de sua pele (Sarkis-Gonçalves et al., 2002). Utilizando o delineamento de blocos inteiramente casualizados para analisar a influência da dieta em relação à formação de osteodermos e ao crescimento, 120 filhotes de jacaré-de-papo-amarelo do sexo feminino provenientes de seis ninhadas da colônia em cativeiro da ESALQ foram avaliados. Cada indivíduo testado foi considerado uma unidade experimental, os seis blocos representados em cada tratamento por indivíduos das seis ninhadas, isolando desta foram os tratamentos e as ninhadas como fonte de variação. Sarkis-Gonçalves et al., (2002) encontraram diferenças significativas entre as dietas de descartes de frango, suínos, peixes e uma mistura igual das três fontes, previamente estudadas por Pinheiro & Lavorenti (2001). Foi estabelecido um limite de consumo de 3 % do peso vivo (Joanen & McNease, 1987), citado por Sarkis-Gonçalves et al. (2002), para não causar preferência por alimentos mais palatáveis e o alimento foi oferecido cinco vezes por semana como proposto por (Joanen & McNease, 1987 e Staton et al., 1990a), citados por Sarkis-Gonçalves et al. (2002). Os autores concluíram que não há efeito de ninhada na taxa de formação de osteodermos em filhotes de jacarés

e que dietas a base de frango e peixe causam menor formação de osteodermos nos filhotes.

As condições sanitárias a serem observadas em uma criação em cativeiro do *Caiman latirostris* foram relatadas por Ramos et al. (1992), citado por Verdade (2001b). Este autor cita ainda pesquisas em fisiologia reprodutiva, comportamento social e manejo alimentar, algumas delas destacadas neste texto. As principais doenças da espécie foram compiladas em Sarkis-Gonçalves et al. (2002). Seu padrão ematológico foi estudado no outono e no inverno apresentando em geral diferenças entre as duas estações (Garcia et al., 1993).

A revisão aqui apresentada mostra que o conhecimento científico sobre a espécie vem aumentando desde a implantação do programa de propagação em cativeiro e conservação da espécie na natureza implementado pela ESALQ. Esta ampla expansão no conhecimento científico sobre a espécie foi proporcionada principalmente pela possibilidade de estudar o animal em cativeiro onde as condições para experimentos puderam ser melhor controladas. Este conhecimento favorece o planejamento da conservação da espécie na natureza, enquanto que dados coletados em população naturais podem complementá-los, aumentando a compreensão da biologia da espécie, vide Zucoloto, (1998) e Verdade et al. (2002). 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. Maiores detalhes podem ser vistos em Verdade (2001b, tabela 1).

Para organizar o manejo genético e reprodutivo das criações existentes e de novas criações torna-se necessária a certificação da origem das matrizes produzidas, através de testes de DNA, para que o sistema SPARKS possa ser alimentado com informações seguras de pedigree, possibilitando assim a formações de casais não aparentados para o fornecimento aos criadores. A atual pesquisa fornece 11 marcadores

microsatélites otimizados para atender a esta necessidade da certificação das matrizes e organização do manejo reprodutivo da espécie em cativeiro e proporciona conhecimento suficiente para identificar o parentesco entre indivíduos na natureza podendo responder a questões sobre sua área de vida, dispersão de indivíduos (e conseqüentemente fluxo gênico), o sistema de acasalamento e estrutura social, informações importantes para o entendimento da dinâmica de suas populações naturais.

2.2. Genética e biologia molecular

2.2.1. Microsatélites: o que são e como podem ser obtidos

Com o desenvolvimento da reação em cadeia da polimerase, PCR- *Polymerase Chain Reaction* (Mullis & Faloona, 1987 e Saiki et al., 1988), surgiram técnicas como o RAPD – *Randon Amplified Polymorphic DNA*, o AFLP – *Amplified Fragment Lenght Polymorphism* e o STR (*Short Tandem Repeat*) ou microsatélite. Potencialmente todas as espécies podem ser estudadas com estas técnicas (Ferreira & Grattapaglia, 1995).

Microsatélites são constituídos por pequenas seqüências básicas de 1-5 pb (pares de bases), repetidas ao acaso (Tautz & Schlötterer, 1994). Os alelos de um *locus* microsatélite diferem de tamanho em função do número de repetições das seqüências básicas. Quando estas seqüências básicas se repetem mais que dez vezes, os microsatélites usualmente são muito polimórficos (Weber, 1990). O erro de pareamento causando um escorregamento da enzima DNA polimerase da fita molde, é considerado como o principal mecanismo para que sejam gerados variantes em tamanho (Levinson & Gutman, 1987 e Strand et al., 1993). Sabe-se que a taxa de escorregamento da DNA polimerase da fita molde e a taxa de mutação de nucleotídeos são reguladas pelos processos de reparação do DNA (Strand et al., 1993) e que a instabilidade dos microsatélites aumenta quando a reparação dos erros de duplicação é deficiente (Drummond et al., 1995).

Vários métodos podem ser utilizados para a obtenção de marcadores microssatélites. Entre eles há os que se baseiam em clonagem simples, em enriquecimento com insertos contendo microssatélites seguido de clonagem (Ostrander et al., 1992; Glenn, 1997 e Dawson et al., 1997), e os que se baseiam em PCR (Grist et al., 1993; Wu et al., 1994; Lench et al., 1996 e Cooper et al., 1997). O Laboratório de Biotecnologia da ESALQ/USP tem experiência na construção de bibliotecas genômicas, clonagem e sequenciamento de DNA e por isto utilizamos o protocolo de clonagem com enriquecimento para a obtenção de microssatélites a partir do DNA de *C. latirostris* (jacaré-de-papo-amarelo).

2.2.2. Marcadores moleculares em estudos com animais

Uma extensa revisão sobre o uso de biologia molecular para estudos de ecologia e conservação pode ser encontrada em Avise (1994). Estudos visando a conservação de algumas espécies ameaçadas de extinção têm utilizado com êxito a análise da variabilidade genética através de marcadores moleculares, como forma de organizar seus programas de manejo reprodutivo e conservação. No Brasil um exemplo notável é o estudo de três espécies de arara-azul: *Anodorhynchus glaucus*, *A. leari* e *Cyanopsitta spixii*, onde foi possível orientar a formação de casais mais distanciados geneticamente, aumentando a diversidade genética dentro das populações remanescentes dessas espécies (Wajntal et al., 1995).

Vários tipos de marcadores moleculares têm sido utilizados para estudar variabilidade genética e parentesco em répteis. As sondas de Jeffreys (Jeffreys et al., 1985a e 1985b), foram utilizadas em estudos com espécies de tartarugas. A fêmea da tartaruga *Chelydra serpentina* pode armazenar esperma viável por vários meses e ser inseminadas por mais de um macho. Em um trabalho envolvendo essa espécie, as sondas 33.6 e 33.15 de Jeffreys foram suficientes para detectar a paternidade múltipla em dois de três ninhos estudados (Galbraith et al., 1993). As mesmas sondas de Jeffreys também foram utilizadas para medir a diversidade genética em populações fragmentadas das tartarugas *Clemmys guttata* e *Chrysemys picta marginata*. Com o uso destas sondas,

concluí-se que essas espécies apresentam diferenças em suas formas de dispersão. A segunda espécie dispersa-se mais entre suas populações locais do que a primeira, mantendo a diversidade dentro destas populações e minimizando a divergência entre elas (Parker & Whiteman, 1993).

A técnica de RAPD, também foi usada, proporcionando bons resultados para teste de paternidade em lagartos *Ameiva exsul* (Tirado & Lewis, 1997). Entretanto, em um estudo comparando a eficiência entre a técnica de *DNA-fingerprinting* e a de RAPD para teste de paternidade em *Vipera berrus*, concluiu-se que, para populações naturais onde se tem um número grande de pais possíveis, RAPDs não oferecem resolução suficiente para apontar inequivocamente a ascendência de uma prole (Tegelström & Höggren, 1994).

Dificuldades na análise com RAPDs também foram relatadas em um estudo de genética de populações de cascavéis, *Crotalus horridus*. Por outro lado, a utilização de microssatélites clonados para esta espécie tornou possível o teste de paternidade. Os autores consideraram a técnica de DNA microssatélite como importante ferramenta para monitorar o montante de variabilidade genética em espécies ameaçadas de extinção (Villareal et al., 1995).

A técnica de DNA microssatélite 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 acessar a estrutura de populações selvagens como em *Drosophila melanogaster* (England, 1996; Michalakis & Veuille, 1996 e Schötterer, 1997) e para

organizar programas de conservação como o do lobo mexicano *Canis lupus baileyi* (Garcia-Moreno et al., 1996) e coalas (Houlden et al., 1996).

2.2.3. Citogenética e marcadores moleculares em estudos com crocodilianos

Recentemente Forstner & Forstner (2002) revisaram o uso de técnicas de DNA para o estudo de crocodilianos. Estes autores ressaltam sua ampla aplicação em estudos de avaliação de diversidade genética, sistema reprodutivo, hibridação, migração, tamanho efetivo de população e distribuição geográfica, destacando trabalhos realizados com crocodilianos (Densmore & Owen, 1989; Densmore & White, 1991; Brazaitis et al., 1997; Glenn, 1998 e FitzSimmons, 2000) e tartarugas (Bowen et al., 1984 e Bowen et al., 1985), além de uma revisão crítica das aplicações da análise do mtDNA para conservação (Moritz, 1994) e sobre a aplicação de marcadores para conservação (Smith & Wayne, 1996). A estes podem ser somados os trabalhos de Cohen & Gans (1970); King et al. (1986) e Amavet et al. (2002) com citogenética de crocodilianos, os clássicos de Tarsitano et al. (1989) apresentando o conflito entre morfologia e bioquímica e o de Densmore (1983) com sistemática de crocodilianos através de análises bioquímicas, os de Lang et al. (1993) e Demas et al. (1991) com DNA fingerprinting, os de Glenn et al. (1996), Glenn, (1997), Davis et al. (2001a), Davis et al. (2001b) com caracterização de marcadores microssatélites e diversidade genética de *Alligator mississippiensis*, FitzSimmons et al. (2001) com *Crocodylus pororus* e *Crocodylus johnstoni* e os de Zucoloto (1998), Zucoloto et al. (2002) e Verdade et al. (2002) com caracterização de marcadores microssatélites e diversidade genética em *Caiman latirostris*.

Estudos citogenéticos são relativamente escassos para o grupo dos crocodilianos; Cohen & Gans (1970) possivelmente publicaram o trabalho mais completo de caracterização cariotípica de todas as espécies de crocodilianos incluindo suas subespécies. Estes autores puderam confirmar o número diplóide de três espécies previamente estudadas por outros autores citados em seu texto (Risley, 1942; Matthey, 1947 e Makino, 1951), para *Alligator sinensis* (Fishman et al., 1968) e para *Caiman crocodilus* (Beçak et al., 1964). Neste trabalho pode ser confirmado que

microcromossomos são pouco freqüentes na ordem Crocodilia, o número diplóide variou de 30 a 42 entre as espécies dessa ordem, entretanto o NF (número fundamental), variou somente 10 % (56 a 62). Foram encontrados dois marcadores bastante evidentes, um satélite submetacêntrico característico de alligators e um telocêntrico com constrição secundária observado em nove espécies de crocodilos. Cromossomos sexuais não foram encontrados, descartando a hipótese de se fazer sexagem em crocodilianos através de citogenética. Uma longa discussão é apresentada acerca dos passos evolutivos para as diferenças entre os cariótipos das espécies do grupo. Considerando em sua discussão a controvérsia entre fusões e fissões centroméricas e que a telocentricidade é a característica primitiva, os autores apresentam os caminhos para a evolução do cariótipo dentro da ordem Crocodilia. Uma filogenia alternativa também é proposta baseada em fissões, que Bikhram (1984), citado por King et al. (1986) suporta. Cohen & Gans (1970) destacam que *Paleosuchus*, *Melanosuchus* e *Caiman* apresentam-se como um agrupamento bem caracterizado pela presença de grande número de telocêntricos e ausência de metacêntricos grandes, sendo que o cariótipo de *Paleosuchus* teria gerado os de *Melanosuchus* e *Caiman latirostris* por uma inversão pericêntrica de um telocêntrico pequeno para um par metacêntrico. Estes autores caracterizaram *Caiman latirostris* ($2N = 42$; $NF = 60$), com cariótipo consistindo em vinte e quatro elementos telocêntricos, 12 metacêntricos pequenos e seis submetacêntricos, sendo que os quatro telocêntricos grandes apresentados por *Melanosuchus niger* e pelas duas espécies de *Paleosuchus* parecem idênticos em *C. latirostris*. A característica que os distingue é a presença da constrição secundária no braço menor do grupo submetacêntrico evidenciando satélites muito grandes.

A descrição apresentada para *C. latirostris* em Cohen & Gans (1970) está de acordo com Amavet et al. (2002), que estudaram ainda o *Caiman yacare*, sendo seu cariótipo idêntico ao de *C. latirostris*. Outros trabalhos sobre citogenética de crocodilianos como (Lui et al., 1993) estudando o *C. latirostris* no Brasil, Beçak et al. (1964) estudando o *Caiman sclerops* (*Caiman crocodilus* segundo King & Burke, 1989) e Chavananikul et al. (1994) estudando o cariótipo de cinco espécies de crocodilianos de zoológicos da Tailândia foram citados por Amavet et al. (2002). Estes autores

observaram que com a coloração de Giensa foi impossível diferenciar *C. latirostris* e *C. yacare*, para o que sugerem a técnicas de coloração diferencial do tipo C e NOR e que não há dimorfismo sexual, como anteriormente observado por Cohen & Gans (1970).

O trabalho de King et al. (1986) utilizou bandas C, G e N para analisar os cariótipos de *Crocodylus porosus*, *Crocodylus johnstoni* e *Caiman crocodilus*. Estes autores destacam que a organização de bandas nas espécies analisadas é muito semelhante, evidenciando que o genoma dos crocodilianos é muito conservado como observado mesmo a nível molecular por Densmore (1983), deixando dúvidas de que este tipo de técnica possa diferenciar entre *Caiman spp.*, como proposto por Amavet et al. (2002). King et al. (1986) confirmaram que a organização do cariótipo das espécies estudadas está de acordo com o apresentado em Cohen & Gans (1970) e que seus dados corroboram o extensivo regime de reorganização cariotípica por fusões e fissões durante a evolução dos Crocodilia, provavelmente associado a uma série de radiações adaptativas pelas quais o grupo teria passado, como preconizado por Cohen & Gans (1970).

O estabelecimento da filogenia dos crocodilianos permanece um assunto aberto tanto no campo da morfologia quanto da bioquímica, continuando aparentemente em controvérsia. Uma extensa revisão dos aspectos morfológicos é apresentada por Tarsitano et al. (1989) e dos aspectos bioquímicos por Densmore & Owen (1989). A principal dificuldade é a conservação do genoma e de características morfológicas apresentadas pelo grupo, bem como dificuldades adicionais devido à convergência e paralelismo. Sobretudo o posicionamento dos gêneros *Gavialis*, *Tomistoma* e *Osteolamus* é controverso. Tarsitano et al. (1989) coloca *Gavialis gangeticus* como grupo claramente separado dos outros crocodilianos incluindo *Tomistoma*, apesar de ser classificado como eusuchia, em oposição aos resultados obtidos por Densmore (1983) e Densmore & Dessauer (1984), citados por Tarsitano et al. (1989) onde baseado em reações antígeno com anticorpo, *Gavialis gangeticus* e *Tomistoma schlegelli* compartilham a maior número de similaridades bioquímicas. Através do uso de enzimas de restrição e sondas de mtDNA de *Alligator mississippiensis*, o mtDNA de *Alligator sinensis*, *Gavialis gangeticus*, *Tomistoma schlegelli* e *Crocodylus rhombifer* foi

comparado suportando o posicionamento de *Gavialis* e *Tomistoma* como grupos irmãos (Densmore & Owen, 1989), fato que foi novamente notado em Hass et al. (1992) através de ensaios imunológicos. Entretanto os trabalhos de Cohen & Gans (1970), Densmore (1983), Densmore & Owen (1989) estão de acordo em colocar *Caiman*, *Melanosuchus* e *Paleosuchus* como um grupo monofilético relacionado a *Alligator*, sendo que os dados mais recentes de Hass et al. (1992) suportam as famílias Alligatoridae e Crocodylidae.

Em um estudo com sonda multilocal do tipo minisatélite (Bkm-2), foi observado em cinco espécies da ordem Crocodylia que o grau de polimorfismo foi muito baixo. Um polimorfismo maior foi encontrado entre seis espécies da ordem Chelonia (Demas et al., 1991). A sonda Bkm-2, foi utilizada em outro estudo para estimar o grau de parentesco em crocodylios em trabalho onde o número de bandas em comum foi computado para cada par de indivíduos e uma média foi utilizada para comparar grupos de indivíduos não aparentados, com grupos de meio-irmãos e irmãos completos (Lang et al., 1993). Observou-se que a média de bandas em comum foi menor no grupo não aparentado do que nos grupos de meio-irmãos e irmãos completos, entretanto houve muita dispersão dos dados, o que inviabilizou a distinção genética entre meio-irmãos e irmãos completos.

Marcadores microssatélites vêm proporcionando grandes avanços ao estudo da genética de crocodylios. A característica de possuir um número maior de alelos quanto maior for a seqüência ininterrupta de repetições descrita por Weber (1990) foi confirmada por Glenn et al. (1996) em estudos com *Alligator mississippiensis*. Estes autores puderam observar que a capacidade de um determinado *taxon* amplificar para um *locus* particular está relacionada à distância filogenética entre os Alligatorinae como havia sido previsto em Moore et al. (1991). Os *primers* desenvolvidos e otimizados para *Alligator mississippiensis* e testado nas condições ótimas para esta espécie em outros *taxa* foram mais eficientes em amplificar o DNA de Alligatoridae ou Gavialidae do que Crocodylidae, a família mais distante em relação a Alligatoridae (Densmore, 1983), citado por Glenn et al. (1996). Estes autores observaram ainda que o conteúdo de GC no *primer* foi negativamente correlacionado com o número de alelos em alligator e também em relação ao número de gêneros amplificados ou à temperatura de anelamento usada na

PCR. O número de alelos em alligator foi negativamente correlacionado ao número de gêneros de crocodilianos amplificados.

Os *loci* aos quais Glenn et al. (1996) se referem foram renomeados em Glenn et al. (1998). Como exemplo os *loci* AC-01 e AG-01 de Glenn et al. (1996) passaram a ser chamados de *Amiμ1* e *Amiμ101* em Glenn et al. (1998). Estes marcadores foram obtidos por biblioteca de DNA de insertos pequenos tanto de DNA genômico ao acaso, como de bibliotecas enriquecidas baseadas no método de Ostrander et al. (1992) e otimizados para *Alligator mississippiensis* utilizando 19 amostras de alligators do RWR - *Rockefeller Wild Refuge* no Estado da Louisiana e 14 amostras de alligators 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 alligators e sua aplicação para outros *taxa* de crocodilianos foi revista para todos as 22 espécies de crocodilianos viventes. Seu uso foi considerado como possivelmente grande entre os Alligatoridae e Gaviallidae e menor para Crocodylidae do que o previsto por Glenn et al. (1996) segundo dados iniciais de FitzSimmons (Pers. comm.), citado por Glenn et al. (1998).

As maiores desvantagens no uso de microssatélites para estudos de divergência de populações em relação às isoenzimas, segundos os autores são (1) alta taxa de mutação, o que pode levar a saturação mais rápido do que em outros marcadores, (2) o potencial para mutações homoplásicas observadas em Glenn (1997), citado por Glenn et al. (1998) e (3) o limite do potencial de divergência em populações grandes onde o número de estados alélicos possíveis é pequeno. As maiores vantagens para a avaliação de divergência entre populações são (1) maior número de *loci* polimórficos proporcionando uma base melhor para a avaliação de divergência genética, (2) rápida geração de novos alelos nos microssatélites, o que pode ocorrer com velocidade maior do que a divergência causada por deriva genética (Slatkin, 1995), citado por Glenn et al. (1998) e (3) assumindo o modelo de *step wise* para a formação de novos alelos, um maior conteúdo de informação originário de ancestralidade nos alelos de microssatélite pode ser inferido de seus tamanhos (Slatkin, 1995), citado por Glenn et al. (1998). Estudos de parentesco usando microssatélites foram considerados promissores em

Queller et al. (1993). Aliado ao progresso na biometria de marcadores genéticos como os obtidos recentemente (Ritland, 1996; Lynch & Ritland, 1999; Lynch, 1999; Shoemaker, 1999; Ayres, 2000; Carlini- Garcia et al., 2001; Coelho, 2001 e 2002) estes estudos tanto em nível de cativeiro como na natureza estão obtendo um notável sucesso (Zucoloto, 1998; DeWoody et al., 2000; Smith et al., 2001; Bentzen et al., 2001; Olsen et al., 2001; Davis et al., 2001a e Verdade et al., 2002). Uma grande revisão sobre o assunto é apresentada em Ross (2001). Alguns destes trabalhos são comentados na seção a seguir.

2.3. Parentesco, dispersão de indivíduos e estrutura de populações

O estudo da dinâmica de populações compreende o estudo de propriedades inerentes a uma população, como sua densidade, sistema reprodutivo, as taxas de natalidade e mortalidade, a distribuição etária, o potencial biótico, a dispersão e a forma de crescimento. A dispersão refere-se ao movimento de indivíduos ou formas disseminantes para dentro ou para fora da população e é influenciada por barreiras ou pela capacidade de movimento dos indivíduos ou formas disseminantes. É através da dispersão que áreas novas ou despovoadas são colonizadas, sendo um importante componente no fluxo gênico e na especiação (Odum, 1988).

A estrutura de populações tem sido reconhecida como tendo uma importante influência na manutenção e perda de variabilidade genética. A teoria de metapopulações assume como premissa, que o espaço é finito, sendo isto usado para distinguir entre os demes (populações locais) de uma metapopulação. Quando as populações de uma espécie são muito fragmentadas, pode ser observado um cenário de extinções locais e recolonizações, havendo um grande fluxo de indivíduos entre os demes de uma metapopulação (Hanski & Gilpin, 1998). A teoria de metapopulações pode ser adequada para entender a dinâmica de populações fragmentadas de uma espécie em extinção como é o caso do jacaré-de-papo-amarelo na região central do Estado de São Paulo. Do ponto de vista genético, a estimação de parâmetros populacionais através da utilização de marcadores moleculares pode acrescentar muito ao entendimento da dinâmica de populações naturais contribuindo em aspectos da ecologia como a migração de

indivíduos entre populações e sistema reprodutivo. Entretanto para acessar esse tipo de informação é necessário a estimação do coeficiente de parentesco entre indivíduos.

A idéia de utilizar marcadores moleculares para acessar o coeficiente de parentesco já existe há algum tempo, porém um dos questionamentos para este tipo de aplicação é o fato de que alelos idênticos em dois indivíduos podem ser idênticos por descendência ou por acaso. Tal fato dificultaria o uso desses marcadores. Entretanto é possível trabalhar com a hipótese de que indivíduos aparentados devem ter maior similaridade do que indivíduos não aparentados (Schwartz & Armitage, 1983). Em seu trabalho com isoenzimas em marmota (*Marmota flaviventris*), esses autores não encontraram uma predição adequada com o modelo de correlação entre similaridade genética e coeficiente de parentesco, mas destacaram a importância de conhecer o parentesco dentro da estrutura social de populações, como forma de entender mecanismos de dinâmica de populações em muitas espécies de mamíferos que apresentam organização em colônias.

O desafio para a utilização de marcadores moleculares e particularmente microssatélites é a estimação do coeficiente de parentesco diretamente do genótipo apresentado por cada indivíduo para o marcador, quando nenhuma informação sobre pedigree pode ser obtida *a priori*, como em geral ocorre em populações naturais. Desta forma, estimadores para coeficiente de parentesco vêm sendo desenvolvidos. Neste sentido 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 microssatélites. 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 em populações naturais. 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.

Em um estudo recente conduzido com o jacaré-de-papo-amarelo concluiu-se que marcadores microssatélites podem ser utilizados para acessar o coeficiente de parentesco entre indivíduos e estudar a dispersão entre suas populações selvagens (Zucoloto, 1998). Utilizando 14 dos microssatélites desenvolvidos por Glenn et al. (1998) nas mesmas condições de amplificação descritas para *Alligator mississippiensis*, Zucoloto (1998) encontrou polimorfismo com os marcadores *Amiμ8*, *Amiμ11*, *Amiμ13* e *Amiμ20*. Com estes marcadores pôde 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 %. Foi observado que as mães das famílias 1 e 5, também estudadas na atual pesquisa são respectivamente 4-CL106 e 3-CL53. A família 5 foi particularmente interessante pois a mãe indicada pelos marcadores microssatélites não foi a mesma indicada pelo comportamento de defesa ao ninho, sendo que por este comportamento a mãe desta família seria a fêmea 2-CL25. Através de regressão linear utilizando uma população com pedigree conhecido, 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 $p \leq 0,001$. Através 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.

As estatísticas F de Wright, θ_s de Cockerham, índice de fixação total (F), índice de fixação intrapopulacional (f), diversidade entre populações (θ), são medidas baseadas em parâmetros genéticos de populações, sendo muito utilizadas para entender sua estrutura (Weir, 1996).

O R_{ST} (Slatkin, 1995), um análogo do θ de Cockerham, foi o índice escolhido para o estudo de divergência entre populações na atual pesquisa, por ser adequado ao *step wise model* de evolução para alelos de marcadores microsatélites, onde a mutação para um novo alelo de um determinado marcador microsatélite ocorre em passos. Segundo este modelo alelos com tamanhos mais próximos são considerados mais similares do que alelos com tamanhos mais distantes.

A obtenção de estimativas adequadas destes parâmetros vem recebendo grande atenção, por exemplo, Carlini-Garcia et al. (2001) usando dados de literatura mostraram que pelo teste de normalidade de Kolmogorov-Smirnov, as estimativas de F apresentaram distribuição normal somente quando indivíduos foram reamostrados para os dados de Seoane (1998) e Auler (2000), nos quais os p-valores obtidos foram $p > 0,15$ e $p = 0,13$, respectivamente. Quanto à estimativa de f , o teste de normalidade foi não significativo apenas na reamostragem (*bootstrap*) de indivíduos para os dados de Telles & Coelho (1998) ($p > 0,15$) e com a reamostragem concomitante de indivíduos e populações para os dados de Ciampi (1999) ($p > 0,15$).

Para os demais parâmetros, nos diversos níveis de reamostragem, rejeitou-se a hipótese da normalidade, considerando nível mínimo de significância de 0,05. Segundo Carlini-Garcia et al., (2001) estas observações invalidam a utilização de métodos clássicos que assumam a normalidade como pressuposto. O teste z ou χ^2 para a hipótese da nulidade ($H_0 : f = 0$), como descrito em Weir (1996) e a construção de intervalos de confiança baseados na distribuição normal são segundo Carlini-Garcia et al., (2001) exemplos da violação do pressuposto da normalidade dos dados, evidenciando a vantagem e a necessidade do emprego de técnicas de reamostragem, para contornar esse problema. Vencovsky et al. (1997), citado por Carlini-Garcia et al., (2001) observaram que suas distribuições empíricas das estimativas de F e f tendem à normalidade quando o tamanho amostral é grande e verificaram que, para oito dos nove *loci* analisados, a estimativa de f teve distribuição normal quando indivíduos foram reamostrados.

Estes autores ressaltaram que cada conjunto de dados teve sua característica particular. Nos trabalhos onde isoenzimas foram utilizadas, a dificuldade foi o número de alelos por *locus*, em alguns casos o número de indivíduos amostrados não foi

suficiente para a estimação adequada dos parâmetros F , f e θ . De uma forma geral os autores concluem que amostrar maior número de populações, igualmente, é estratégia que deve ser adotada e por outro lado o aumento do número de locos analisados leva a um aumento concomitante do número total de alelos o que também pode colaborar para a boa estimação dos parâmetros F , f e θ .

O teorema de Bayes que se utiliza de informações *a priori* para a obtenção de distribuições de probabilidade posterior, visa a identificação da probabilidade de ocorrência de cada evento possível em um dado estudo (Shoemaker, 1999). Segundo o autor este tipo de análise estatística poderia se adaptar bem a solução de problemas da genética. Buscando aprimorar estimadores para os parâmetros F , f , θ e da taxa de fecundação cruzada t , Coelho (2002) usando o teorema de Bayes propôs um modelo hierárquico de análise para a estimação de f levando em consideração a informação obtida de múltiplos *loci* não ligados e a condicionalidade do processo de estimação ao polimorfismo apresentado por cada *locus*. Incorporando o caráter dinâmico de f em cada *locus* o modelo desenvolvido permite a estimação do número de indivíduos reprodutivamente ativos em uma população, mostrando que a estatística Bayesiana poderá contribuir muito para a genética nos próximos anos.

Outro exemplo de introdução da estatística Bayesiana é dado por Ayres (2000) que propõe a incorporação do coeficiente de coancestralidade F_{ST} ao método proposto por Balding & Nichols (1995), citado por Ayres (2000) para adequá-lo ao teste de parentesco em populações com subdivisão.

As estatísticas F foram utilizadas para entender a estrutura de metapopulações da borboleta *Melitaea cinxia*, através de marcadores microsatélites. Neste trabalho foi observado um excesso significativo de homozigotos dentro das populações locais ($F_{IL} = 0,35$), que foi atribuído unicamente à estrutura destas metapopulações (Palo et al., 1995). No estudo com duas populações de *Alligator mississippiensis* originárias do RWR - *Rockefeller Wild Refuge* no Estado da Louisiana e do *Everglades National Park* no Estado da Florida, Glenn et al. (1998) encontraram divergência significativa entre estas duas populações. Os totais para onze *loci* analisados foram $F_{ST} = 0,137$, $\theta_p = 0,239$ e $R_{ST} = 0,387$, demonstrando que a incorporação do *step wise model* ao cálculo do índice de

divergência entre populações proposto por Slatkin (1995) e utilizado no programa Genepop v3.1d, 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 às estatísticas F e θ , quando o marcador estudado é microssatélite.

Em sua revisão sobre o comportamento social estudado via marcadores moleculares para analisar o sistema de acasalamento e a estrutura genética dos mais variados organismos, Ross (2001) evidencia a grande quantidade de trabalhos que vem sendo realizados nesta linha nos últimos anos, concluindo que as ferramentas de trabalho que os pesquisadores da área dispõem atualmente são suficientes para organizar e interpretar dados genéticos e explicitar a forte ligação entre o sistema de acasalamento, a composição de parentesco dentro de grupos e sua estrutura genética. Este ponto de vista é compartilhado por Davis et al. (2001a) que comenta em sua introdução o aumento na capacidade de identificar indivíduos em populações naturais que marcadores moleculares como RAPD, RFLP – *Restriction Fragment Length Polymorphism*, minissatélites e microssatélites trouxeram (Parker et al., 1998), citado por Davis et al. (2001a), podendo responder a questões sobre o sistema de acasalamento como quantos e quais machos são pais de uma determinada prole, quando ou não as fêmeas estão acasalando com mais de um macho na mesma temporada de reprodução, se há domínio de certos machos durante a reprodução e sobre a consangüinidade (*inbreeding*) em populações, ilustrando a necessária ligação entre genética de populações e ecologia (Avice, 1996 e Sugg et al., 1996), citados por Davis et al. (2001a). Estes autores comprovaram a paternidade múltipla em *Alligator mississippiensis* por marcadores isoenzimáticos e microssatélites que havia sido suposta em Lang (1989), citado por Davis et al. (2001a).

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 foi estendida em Verdade et al. (2002) com base na teoria de metapopulações e considerando a escala microgeográfica da amostragem realizada.

Nestes trabalhos os autores observaram que há uma variação 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 ao redor dos 10 anos na espécie (Verdade & Sarkis, 1998). A variação encontrada foi estimada para as populações através das estatísticas *Rho* (estimador do R_{ST}). Usando o programa RST calc, foi concluído que a variação observada entre as populações é provavelmente causada por alto nível de parentesco dentro de cada grupo. Isto foi demonstrado pela determinação do coeficiente de parentesco par a par entre os indivíduos dessas populações pelo método desenvolvido por Coelho (2001) usando o programa Sancho para a determinação deste coeficiente e NTSYS-pc 1.70 para as análises por agrupamento UPGMA. À algumas das populações analisadas em Verdade et al. (2002) com quatro marcadores microssatélites foram acrescentados indivíduos e aos marcadores foram acrescentados outros sete microssatélites polimórficos desenvolvidos nesta pesquisa, sendo que os novos dados são comparados neste texto.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Animais da colônia em cativeiro da ESALQ

Amostras de sangue coletadas de quinze indivíduos da colônia em cativeiro da ESALQ, sendo sete adultos e oito filhotes das famílias 1 e 5 da temporada de reprodução de 1995 foram analisadas. Como o pedigree entre estas amostras é conhecido, estas foram utilizadas para fazer o teste de segregação dos novos marcadores, confirmar o teste de maternidade nestas duas famílias e testar a capacidade do método de identificação de parentesco desenvolvido em Coelho (2001). Os indivíduos amostrados com seus códigos identificando o número de laboratório e número de registro no *Studbook* regional do jacaré-de-papo-amarelo são: 1-CL203 (Pai dos filhotes das famílias 1 e 5), 2-CL25 (possível mãe dos filhotes das famílias 1 e 5), 3-CL53 (possível mãe dos filhotes das famílias 1 e 5), 4-CL106 (possível mãe dos filhotes das famílias 1 e 5), 33-CL30 (macho não aparentado), 82-CL1 (macho não aparentado), 241-LEME (macho não aparentado, proveniente do Zoológico de Leme), para as análises subseqüentes este grupo foi denominado de FNA (Fundadores não aparentados); os filhotes da família 1, chamados de (Fm1), 5-CL354, 6-CL355, 7-CL356, 8-CL357 e os filhotes da família 5, chamados de (Fm5), 121-CL458, 123-CL460, 124-CL461, 125-CL462.

3.2. Sítios de campo fora da bacia do Rio Piracicaba

Amostras coletadas em locais onde a espécie foi encontrada no Estado de São Paulo, totalizando quinze indivíduos, foram genotipadas para estudar o comportamento

do método de estimativa de parentesco (Coelho, 2001) em populações naturais cujo pedigree é desconhecido. Foram amostrados dois indivíduos no Ribeirão Jacu em Angatuba/SP (ANG), três no Rio Paraná (PR), cinco no Rio Grande (GR), quatro no Rio Jacaré-pepira (JP) e um em Peruíbe/SP no litoral sudeste (LTSE). Seus códigos foram anotados como a seguir, identificando o local de origem, número de laboratório e número de registro no *Studbook* regional do jacaré-de-papo-amarelo: ANG_189-ANG02, ANG_190-ANG03, PR_181-PR01, PR_182-PR02, PR_183-PR03, GR_236-USP108, GR_237-USP109, GR_238-USP110, GR_239-USP111, GR_240-USP112, JP_233-USP003, JP_234-USP004, JP_250-USP725, JP_251-USP190, LTSE_187-LT01.

3.3. Sítios de campo na bacia do Rio Piracicaba

Os locais de coleta foram 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 (1997a) foram utilizados: Porto de Areia (Latitude: 22°39'02"S, Longitude: 47°58'52"O), lagoa de aproximadamente 200 ha associada ao Rio Piracicaba; Volta Grande (Latitude: 22°40'41"S, Longitude: 47°55'21"O), várzea de aproximadamente 80 ha associada ao Rio Piracicaba; Pantanal (Latitude: 22°35'58"S, Longitude: 47°51'51"O), lagoa de aproximadamente 10 ha associada ao Riacho Aracuaá; Charqueada (Latitude 22°30'24"S, Longitude: 47°49'29"O), açude artificial de aproximadamente 2 ha associado ao Riacho Aracuaá; e Duraflora (Latitude: 22°26'32"S, Longitude: 48°52'22"O), açude artificial de aproximadamente 5 ha associado ao Riacho Pederneiras.

Os indivíduos amostrados foram nove de Porto de Areia (PA), dois de Volta Grande (VG), vinte de Pantanal (PT), doze de Charqueada (CH) e vinte e três de Duraflora (DF), totalizando 66 indivíduos que foram avaliados quanto ao seu parentesco par a par usando o método de Coelho (2001). Seus códigos foram anotados como a seguir identificando o local de origem, número de laboratório e número de registro no *Studbook* regional do jacaré-de-papo-amarelo: PA_151-VG01, PA_152-VG02, PA_153-

VG03, PA_154-VG04, PA_155-VG05, PA_156-VG06, PA_157-VG07, PA_158-VG08, PA_159-VG09, VG_160-VG10, VG_161-VG11, PT_162-VG12, PT_163-VG13, PT_164-VG14, PT_184-VG19, PT_185-VG20, PT_186-VG21, PT_188-VG22, PT_235-USP508, PT_263-USP409, PT_264-SP189, PT_265-USP413, PT_266-USP414, PT_267-USP412, PT_268-USP411, PT_269-USP410, PT_270-SP200, PT_271-USP199, PT_272-USP451, PT_273-USP407, PT_274-USP408, CH_165-VG15, CH_166-VG16, CH_167-VG17, CH_180-VG18, CH_242-USP701, CH_243-USP702, CH_244-USP703, CH_245-USP704, CH_246-USP705, CH_247-USP706, CH_248-USP707, CH_249-USP708, DF_168-DF01, DF_169-DF02, DF_170-DF03, DF_171-DF04, DF_172-DF05, DF_173-DF06, DF_174-DF07, DF_175-DF08, DF_176-DF09, DF_177-DF10, DF_178-DF11, DF_179-DF12, DF_252-USP401, DF_253-USP402, DF_254-USP403, DF_255-SP404, DF_256-USP405, DF_257-USP406, DF_258-USP631, DF_259-USP632, DF_260-USP633, DF_261-SP634, DF_262-USP635.

3.4. Amostras de espécies próximas: *Caiman crocodilus*, *Caiman yacare* e *Paleosuchus palpebrosus*

Amostras de sangue de espécies próximas ao *Caiman latirostris*, a saber, *Caiman crocodilus*, *Caiman yacare* e *Paleosuchus palpebrosus*, todas pertencentes à subfamília Alligatorinae foram usadas para testar a habilidade dos marcadores desenvolvidos em amplificar os *loci* ortólogos nestas espécies. Estas amostras foram coletadas na colônia em cativeiro da UNESP/Rio Claro sob permissão do Prof. Dr. Augusto Abe. Foram amostrados três indivíduos de *Caiman crocodilus* (Cc), três de *Caiman yacare* (Cy) e dois de *Paleosuchus palpebrosus* (Pp), seus códigos identificando as espécies são: Cc1, Cc2, Cc3, Cy1, Cy2, Cy3, Pp1 e Pp2.

3.5. Captura dos animais, coleta e conservação de sangue

A captura dos animais provenientes da natureza foi feita à noite, manualmente ou com o auxílio de laço de cabo de aço, após visualização com facho de luz intensa do tipo *sealed beam* e aproximação em barco, conforme descrito por Hutton et al. (1987) e Walsh (1987). Sua imobilização foi mecânica, dispensando-se o uso de anestésicos ou relaxantes musculares, conforme realizado por Verdade (1997a). 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).

3.6. Obtenção dos marcadores microssatélites pelo método do enriquecimento

3.6.1. Extração do DNA genômico, digestão do DNA extraído com *Sau3A I* e seleção dos fragmentos de interesse para o enriquecimento

O DNA genômico de um exemplar do *Caiman latirostris*, pertencente à colônia em cativeiro da ESALQ/USP, registro no *Studbook* regional da espécie (USP132) foi extraído de sangue fresco pelo método que utiliza fenol (Sambrook et al., 1989). O DNA, assim extraído, foi então precipitado com acetato de sódio e isopropanol absoluto. O pellet foi lavado duas vezes com 500 μ L Etanol 70 % e o DNA dissolvido em H₂O MilliQ (água deionizada) para a concentração de 1 μ g/ μ L. A reação de digestão com a enzima de restrição *Sau3A I* foi feita em um volume total de 50 μ L, constituído de 1 x de tampão de digestão de *Sau3A I*; 0,2 U/ μ L de *Sau3A I*; 5 μ g do DNA e 39 μ L de água deionizada. Esta reação foi homogeneizada, incubada a 37 °C por 2 h e armazenada a -20 °C.

Após a digestão, fragmentos entre 400 a 800 pb (pares de bases) foram selecionados de um gel de agarose de baixo ponto de fusão a 0,8 %, preparado com TAE 1 x, utilizando-se como marcador de peso molecular 100 ng de 100 bp DNA *ladder*.

Para recuperar o DNA digerido do gel de agarose, suficiente para proceder à fase de enriquecimento em seqüências microssatélites, foi necessário digerir com *Sau3A* I aproximadamente 100 µg de DNA genômico, pois todo DNA não pertencente à região de 400 a 800 pb deve ser descartado. Assim para cada sonda foram utilizadas 20 reações de digestão, obtendo-se ao final entre 5 e 10 µg de DNA digerido para proceder ao enriquecimento.

As vinte repetições da digestão foram então reunidas em um único tubo, adicionou-se 20 µL de Azul de bromofenol aos 1000 µL da digestão e então se aplicou em um único poço de 0,2 por 0,4 por 16 cm. A região contendo os fragmentos de interesse foi recortada do gel com régua sob luz ultravioleta e repartida em quatro tubos de centrífuga de 1,5 mL, então foi submetida à extração com sephaglass (Amersham-Pharmacia), segundo instruções do kit. Após sephaglass, o DNA (5 a 10 µg) foi dissolvido em 20 µL de água deionizada e novamente precipitado com 0,1 vez do volume de Acetato de Sódio 3 M e 0,6 vez do volume de Isopropanol absoluto. O pellet foi lavado duas vezes com 500 µL Etanol 70 % e dissolvido em 20 µL de água deionizada, volume ideal para a reação de ligação aos adaptadores.

3.7. Enriquecimento de bibliotecas de DNA de jacaré-de-papo-amarelo em regiões microssatélites

3.7.1. Preparo dos adaptadores, biotilação das sondas e ligação dos adaptadores ao DNA inserto

O processo de enriquecimento utilizado foi adaptado de Brondani et al. (1998). Este processo requer uma etapa de PCR ao final, para atender a esta etapa final, é necessário ligar os fragmentos digeridos com *Sau3A* I a adaptadores, cuja seqüência foi

construída para ser local de anelamento do *primer* da PCR. Tratam-se de duas seqüências uma denominada *Long* e a outra *Short*. A seqüência *Short* é complementar à parte da seqüência *Long* e por isso é utilizada como *primer* único na reação de PCR.

Antes de fazer a ligação entre os adaptadores e o DNA inserto, as seqüências *Long* e *Short* foram hibridizadas uma com a outra, em reação com volume final de 200 μ L contendo 200 μ M de seqüência *Long*, 200 μ M de seqüência *Short* e 40 μ L de TE a 0,1 M de NaCl. Após o preparo incubou-se a reação por 15 min a 65 °C, mantendo a temperatura ambiente por 2 h, após o que se armazenou a 4 °C, a concentração final dos adaptadores hibridizados é 200 μ M.

Os adaptadores hibridizados estão prontos para a ligação com o DNA inserto, a extremidade coesiva resultante da reação é complementar às extremidades deixadas pela *Sau3A I* nos fragmentos digeridos (Figura 1 A).



Figura 1- Representação da reação de hibridização entre as seqüências *Long* e *Short* (A) e da ligação entre os adaptadores pré-hibridizados e o DNA inserto de jacaré-de-papo-amarelo (B).

A reação de ligação entre o DNA inserto e os adaptadores pré-hibridizados (Figura 1 B) foi feita em volume final de 120 μ L contendo 6,67 μ M dos adaptadores pré-hibridizados, 5 a 10 μ g do DNA selecionado para a região de 400 a 800 pb (deve-se começar a reação adicionando 30 μ L de água deionizada aos 20 μ L de DNA digerido e selecionado, homogenizando com a pipetadora para dissolver bem o DNA), 1 x tampão de *T₄ DNA ligase* e 0,5 U de *T₄ DNA ligase*. Depois do preparo da reação, manteve-se

por 16 h a 12 °C. Após as 16 h adiciona-se 30 µL de água deionizada, recolhendo 1 µL do DNA ligado aos adaptadores, para análise do processo de enriquecimento via PCR (diluir 1:1000 em água deionizada). O DNA adaptado foi guardado a -20 °C.

Após a ligação do DNA aos adaptadores, foi feita uma seleção dos fragmentos que contém regiões microssatélites, enriquecimento propriamente dito. Esta etapa requer a utilização de sondas para regiões microssatélites marcadas com biotina e esferas paramagnéticas marcadas com streptavidina, usando a propriedade de alta afinidade da streptavidina pela biotina.

As sondas escolhidas para fazer o enriquecimento foram (ACC)₈ e (AC)₁₂. Estas devem ser marcadas no dia anterior ao enriquecimento e simultaneamente à ligação do DNA aos adaptadores. Cada enriquecimento foi feito separadamente, desde a etapa de preparação do DNA. A reação de biotilação das sondas foi feita em volume final de 40 µL contendo 100 pMoles da sonda desejada, 1 x tampão de *Terminal transferase*, 0,02 µM de Biotina-14-dATP e 0,1 U de *Terminal transferase*. Incuba-se a 37 °C por 30 min, após o que desnatura-se a enzima adicionando 4 µL de EDTA 0,5 M. A reação foi precipitada com 88 µL de Etanol absoluto mantendo a - 20 °C por 16 h, após o que centrifugou-se por 30 min a 12000 rpm (4 °C). Lavar duas vezes com 100 µL Etanol 70 %, centrifugando 10 min a 12000 rpm (4 °C). Secar ao ar por 1 h e guardar a -20 °C até a hora do uso.

3.7.2. Preparo das esferas paramagnéticas e enriquecimento

As esferas paramagnéticas marcadas com streptavidina precisam de uma preparação prévia. Homogeneizou-se um tubo do produto Streptavidin Magnesfere Paramagnetic Particle (Promega), usando vortex. Uma alíquota de 100 µL do produto foi lavada 3 vezes por 1 min a temperatura ambiente com 400 µL de SSC 0,5 M. Descarta-se o líquido a cada lavagem, segurando as esferas paramagnéticas na parede do tubo com um ímã ou com o estojo Magna Separator Magnetic particle (*Gibco*). Lava-se 1 vez com 400 µL de BEW 1 x e descarta-se o líquido utilizando o estojo. Dissolver em 200 µL de

BEW 2 x, homogeneizar e passar para o tubo com a sonda biotinizada preparada anteriormente.

As esferas paramagnéticas marcadas com streptavidina formam um complexo com a sonda marcada com biotina (Figura 2 A e B). Nesta etapa, a sonda que está em complexo com as esferas paramagnéticas devido a afinidade da biotina pela streptavidina, hibridizam-se com os fragmentos de DNA que contenham seqüências complementares a da sonda (microssatélites), como esquematizado na Figura 2 (C e D).

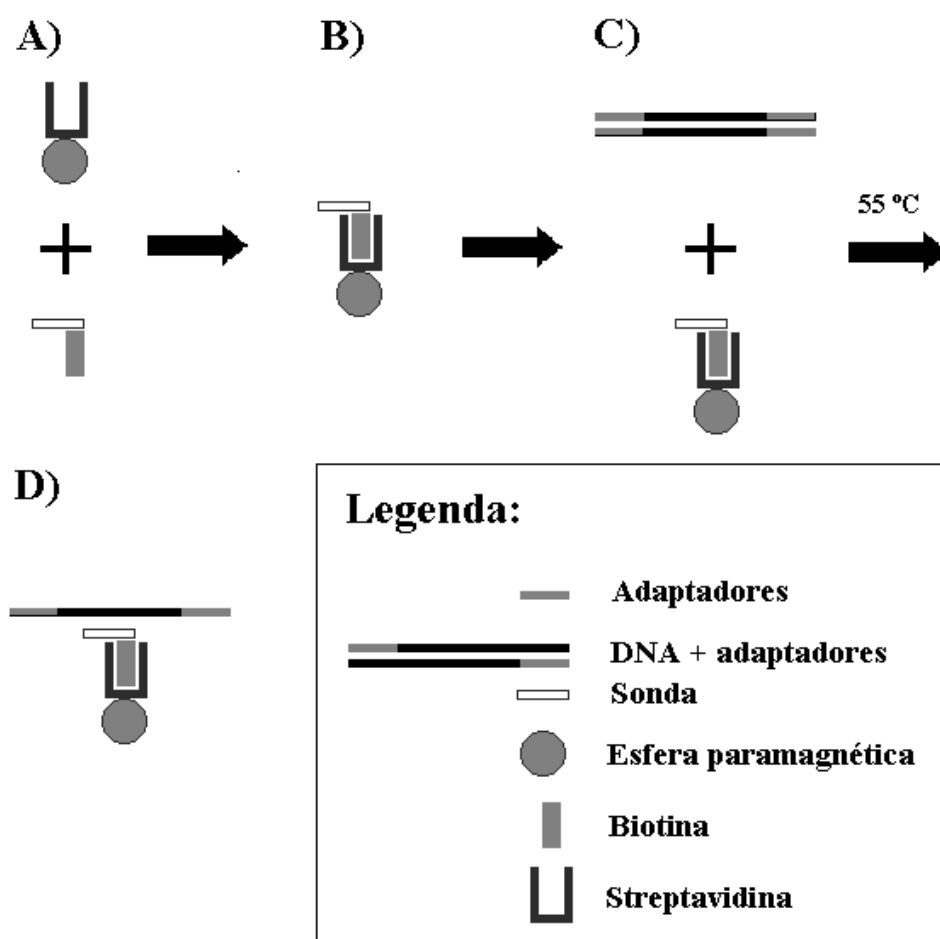


Figura 2 - Representação do processo de enriquecimento. Passos A e B, representam a formação do complexo esferas paramagnéticas mais sonda marcada com biotina. Passos C e D representam a hibridização da sonda com o DNA adaptado, formando o complexo esferas paramagnéticas, sonda marcada com biotina e DNA adaptado.

Após a hibridização, recolher o líquido em eppendorf (solução de hibridização), segurando o complexo formado por esferas paramagnéticas, sonda e DNA adaptado com o estojo e fazer as seguintes lavagens:

- Primeira lavagem - 400 μ L de SSPE 2 x + 0,1 % SDS por 5 min em temperatura ambiente. Recolher num eppendorf usando o estojo
- Segunda lavagem - 400 μ L de SSPE 2 x + 0,1 % SDS por 5 min em temperatura ambiente. Recolher num eppendorf usando o estojo
- Terceira lavagem - 400 μ L de SSPE 2 x + 0,1 % SDS (pré-aquecido a 55 °C) por 15 min a 55 °C. Recolher num eppendorf usando o estojo
- Quarta lavagem - 400 μ L de SSPE 2 x por 5 min em temperatura ambiente. Recolher num eppendorf usando o estojo
- Quinta lavagem - Dissolver em 200 μ L de água deionizada segurando o complexo formado por esferas paramagnéticas, sonda e DNA adaptado.

3.7.3. Verificação do enriquecimento via PCR e amplificação do DNA enriquecido para clonagem

A verificação do processo de enriquecimento foi feita utilizando a seqüência *Short* como *primer* para conduzir a PCR. Uma alíquota de 3 μ L de cada uma das seguintes amostras: (1) 100 bp DNA *ladder*; (2) DNA adaptado diluído 1:1000; (3) Solução de hibridização; (4) Primeira lavagem; (5) Segunda lavagem; (6) Terceira lavagem; (7) Quarta lavagem; (8) Complexo formado por esferas paramagnéticas, sonda e DNA adaptado dissolvido em água deionizada e (9) Água deionizada (negativo) foi testada em reação com volume final de 25 μ L contendo 1 x tampão de PCR, 0,5 mM $MgCl_2$, 0,04 mM dNTP *mix*, 1 μ M de seqüência *Short*, 0,04 U de *Taq DNA polimerase*. O termociclador foi programado como a seguir: (1) 95 °C por 3 min; (2) 94 °C por 45 seg; (3) 56 °C por 45 seg; (4) 72 °C por 2 min; (5) Ir para o passo 2 e repetir 24 vezes; (6) 72 °C por 7 min; (7) 4 °C até guardar em *freezer* – 20 °C.

Para fazer a clonagem, a reação descrita é repetida 10 vezes, usando como molde o DNA do complexo formado por esferas paramagnéticas, sonda e DNA adaptado dissolvido em água deionizada, obtendo-se DNA adaptado suficiente para purificar a partir de um gel de agarose de baixo ponto de fusão 0,8 %. Utilizou-se sephaglass (Amersham-Pharmacia), segundo instruções do kit, para purificar o DNA.

3.8. Construção, armazenagem e detecção das bibliotecas de DNA do jacaré-de-papo-amarelo (JPA), enriquecidas em regiões microsatélites

O DNA adaptado foi ligado a pUC18/*Sma* I, utilizando *Sure Clone kit*, conforme instruções do fabricante. Após a ligação, uma alíquota de 5 μ L da reação foi utilizada para transformar células de *Escherichia coli* DH5 α competentes. Depois de descongelar o tubo com células competentes em gelo por 5 min, adicionou-se os 5 μ L da ligação. Incubou-se o tubo com a transformação em gelo por 30 min. Prosseguiu-se dando um choque térmico nas células, transferindo o tubo com a transformação para um banho regulado precisamente a 42 °C. Nesse ponto a membrana das células competentes torna-se momentaneamente mais permeável, é quando ocorre a transformação das células com o plasmídeo, dos quais alguns contêm DNA inserto enriquecido. Resfriou-se o tubo em gelo por 2 min e em seguida, todo o conteúdo do tubo eppendorf foi transferido para um tubo de ensaio contendo 3 mL de meio SOC (com Ampicilina a 100 mg/mL). O tubo de ensaio foi então transferido para *shaker* regulado a 37 °C, 150 rpm (devem ser evitadas rotações muito altas para não romper a membrana das células competentes que estão sensíveis a choque mecânico).

Ao final de 45 min de incubação, 200 μ L do conteúdo do tubo de ensaio foram espalhados em placa de Petri grande contendo meio LB àgar com Ampicilina à 100 mg/mL e Xgal, sendo que foram feitas 5 placas para cada biblioteca (sonda). Incubaram-se as placas à 37 °C por 16 h. No dia seguinte os clones positivos, contendo inserto, colônias brancas, foram transferidos para placas de ELISA contendo 1 mL de meio CG (*Circle grow*) em cada poço, com Ampicilina a 100 mg/mL. Foram guardadas 4 placas

de ELISA para cada biblioteca enriquecida, estas placas foram então incubadas a 37 °C por 22 h em *Shaker* a 150 rpm. Após a incubação, os clones foram armazenados em placas de 96 poços para estoque em glicerol, placas de fundo redondo, dispensou-se em cada poço 100 µL de Glicerol 50 % estéril e 100 µL da cultura crescida de cada clone. Esta placa foi guardada em *freezer* a -80 °C como estoque de segurança. Uma réplica das placas de estoque em glicerol foi guardada em *freezer* -80 °C para cada clone, esta é usada para descongelar no momento de fazer a detecção dos clones positivos contendo microssatélites.

3.9. Detecção e sequenciamento dos clones positivos

A detecção dos clones positivos originários das bibliotecas enriquecidas foi feita com ECL 3' *oligolabeling and detection system* e ECL *hyper film* (Amersham-Pharmacia), de acordo com as instruções do fabricante. Os clones foram transferidos para membrana de *nylon* Hybond, utilizando um sistema replicador para *macro array* (V & P scientific), ver Figura 3.

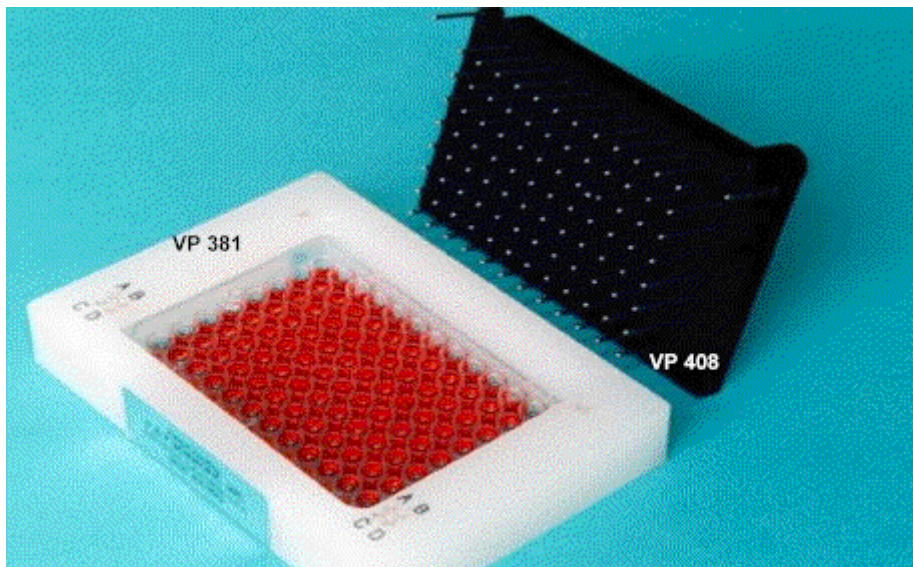


Figura 3 - Replicador utilizado para transferir quatro placas de ELISA para a membrana de nylon em um espaço de aproximadamente 150 cm².

Os clones positivos selecionados na detecção passaram por extração plasmidial em placa de 96 poços, por método de lise alcalina. O sequenciamento dos clones positivos foi feito com o *Kit Big Dye Terminators* (PE Applied Biosystems) em volume final de 10 µL contendo tampão *Save money* (4 mM de Tris-HCl e 0,1 mM de MgCl₂) em pH 9,0; 0,032 pMol de *primer* M13 direto ou reverso e 200 ng de DNA plasmidial. As amostras foram seqüenciadas utilizando o seguinte programa: (1) 96 °C por 3 min; (2) 96 °C por 10 seg; (3) 50 °C por 5 seg; (4) 60 °C por 4 min; (5) repetir os passos 2, 3 e 4 por 25 vezes; (6) 4 °C até guardar a – 20 °C. A reação de sequenciamento foi purificada em placa de 96 poços e as amostras corridas em sequenciador *ABI prism 377*.

3.10. Desenho dos *primers* e nomenclatura dos marcadores microssatélites

Os *primers* direto e reverso de cada microssatélite foram desenhados observando-se os critérios a seguir: não conter bases redundantes; estar a uma distância adequada dos microssatélites (entre 10 a 60 pb); ser constituídos por 18 a 24 nucleotídeos sem seqüências repetitivas; conter uma porcentagem de C e G entre 50 e 55 %; se possível, começar em 5' e terminar em 3' com um C ou G e ter temperatura de anelamento entre 45 e 65°C, com diferença de 3 a 4°C, de forma que possam ser utilizados na mesma reação e que não sofram auto-hibridização, ou hibridizem um com o outro. O programa Primer3 via internet foi utilizado para o desenho dos *primers*.

O primeiro marcador desenvolvido foi nomeado utilizando-se o nome científico do organismo de origem. Foram utilizadas a primeira letra do nome do gênero em maiúsculo e as duas primeiras letras do nome da espécie em minúsculo, seguidas da letra grega µ (micro), indicando microssatélite e de um número correspondente a ordem dos clones de origem por biblioteca e por placa de ELISA. Assim, o primeiro marcador desenvolvido para o *Caiman Latirostris*, isolado da biblioteca (ACC)₈ e originário do clone D5C foi chamado de *Clam1*. Os marcadores foram classificados segundo suas repetições, conforme a classificação de Weber (1990), onde microssatélites com único tipo de repetição sem seqüências intervenientes ao acaso são chamados de

microsatélites perfeitos, aqueles com único tipo de repetição com seqüências intervenientes são chamados de imperfeitos e aqueles com tipos de repetições diferentes são chamados de compostos.

3.11. Extração do DNA para a determinação dos genótipos

A extração do DNA para a amplificação de microsatélites, foi realizada por purificação com CTAB. À 100 μL de sangue foram adicionados 40 μL de CTAB 10 % em NaCl 1 M e 50 μL de NaCl 5 M. Os tubos de microcentrífuga de 1,5 μL foram aquecidos a 65 °C, neste momento as proteínas são precipitadas enquanto o DNA fica adsorvido ao CTAB. A separação foi feita com clorofórmio, a solução aquosa da fase superior do tubo contendo o DNA foi transferida para um tubo limpo, o DNA em solução precipitado com etanol absoluto. O DNA concentrado no fundo do tubo foi lavado duas vezes em etanol 70 %, seco à temperatura ambiente por 1 h e dissolvido em 50 μL de água deionizada.

3.12. Teste de especificidade da PCR dos novos marcadores

Um teste para verificar se o tamanho do produto da PCR de cada marcador esta de acordo como o esperado segundo o tamanho da seqüência flanqueada dos respectivos clones, foi realizado em gel de agarose 3 %. O tamanho dos fragmentos foi determinado utilizando o marcador de peso molecular ϕx *Hae* III fragments e o programa Kodak 1D digital science v. 3.0.2.

3.13. Otimização dos marcadores

Para a otimização da concentração de magnésio e do pH ideais para cada marcador 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. O kit contém ainda dNTP mix na concentração de 2,5 mM para cada nucleotídeo e outros componentes, conforme o manual do produto. 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 25 µL foram: 1 x de cada tampão; 0,05 mM de dNTP mix; 0,4 µM de cada *primer*; 0,2 U de *Taq DNA polimerase* e 100 ng de DNA. O termociclador foi programado segundo os passos: (1) 94 °C por 3 min; (2) 94 °C por 1 min; (3) 55 °C por 1 min; (4) 72 °C por 1 min; (5) Repetir n ciclos contendo os passos 2, 3 e 4, segundo a Tabela 1; (6) 72 °C por 7 min e (7) 4 °C até guardar a -20 °C.

Os testes com os tampões para cada marcador foram visualizados em géis de agarose 3 % corados com Brometo de etídio, fotografados com câmera Kodak DC 120. O tamanho dos fragmentos foi determinado utilizando o marcador de peso molecular ϕ x *Hae III fragments* e o programa Kodak 1D digital science v. 3.0.2.. Após a otimização do tampão sob temperatura de anelamento de 55 °C, foram testadas outras temperaturas de anelamento, sendo os testes visualizados em agarose como acima.

As condições da PCR para 25 µL de reação foram padronizadas para todos os marcadores como sendo: 1 x o tampão específico de cada *primer* (Tabela 1), todos os tampões descritos nesta tabela tem em comum em sua composição 300 mM de Tris-HCl e 75 mM de Sulfato de amônio e diferem na concentração de Mg^{2+} e pH como a seguir, A (7.5 mM $MgCl_2$, pH 8.5), C (12.5 mM $MgCl_2$, pH 8.5), F (10 mM $MgCl_2$, pH 9.0), J (10 mM $MgCl_2$, pH 9.5); 0,05 mM de dNTP mix; 0,2 U de *Taq DNA polimerase* e 100 ng de DNA. 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 1); (4) 72°C por 1 min; (5) Repetir n ciclos contendo os passos 2, 3 e 4, segundo a Tabela 1; (6) 72°C por 7 min e (7) 4°C até guardar a - 20 °C.

Os *primers* diretos de cada microssatélite foram marcados com as fluorescências indicadas na Tabela 1. Os marcadores foram analisados no sistema do seqüenciador de DNA MegaBace 1000. Após a amplificação, três marcadores são reunidos em uma única placa de 96 poços, 2 µL de cada amostra foram purificados segundo o protocolo de precipitação com etanol do manual do aparelho. Os marcadores

foram selecionados segundo as seguintes características: (1) Consistência da amplificação (qualidade do resultado da amplificação quanto à possibilidade de identificar corretamente o genótipo) e (2) Verificação de segregação mendeliana.

3.14. Análise dos dados

O programa estatístico Genepop version 3.1d (Raymond & Rousset, 1995) foi utilizado para testar o desequilíbrio de ligação entre pares de *locus* (Opção 2, subopção 1 com 1000 desmemorizações, 100 lotes de dados e 1000 interações 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 5000 desmemorizações, 500 lotes de dados e 5000 interações por lote), teste de diferenciação gênica entre pares de populações (Opção 3, subopção 2 com 9999 desmemorizações, 100 lotes de dados e 1000 interações por lote) e genotípica entre pares de populações (Opção 3, subopção 4 com 9999 desmemorizações, 100 lotes de dados e 1000 interações por lote). Estas análises foram aplicadas aos grupos de indivíduos do cativo FNA, Fm1, Fm5 e às populações selvagens PA, VG, PT, CH, DF, ANG, PR, GR e JP.

As estatísticas Rho e o número médio de migrantes por geração entre populações (N_m) foram estimados usando o programa Rst Calc version 2.2 (Goodman, 1997) com 10000 permutações e 1000 randomizações para as populações PA, PT, CH e DF, que não violaram o pressuposto do programa de não conterem menos que dois genótipos diferentes por combinação *locus*/população. O objetivo foi estudar a estrutura de populações remanescentes da espécie no estado de São Paulo em escala microgeográfica de amostragem.

O programa Cervus 2.0 (Marshall et al., 1998) foi usado para os cálculos de conteúdo de polimorfismo informativo, probabilidade de exclusão e para a identificação da mãe das famílias 1 e 5, a identificação da mãe de cada família foi realizada de duas formas (1) sem indicação do pai e (2) indicando o macho 1-CL203, pai das duas famílias testadas, foi considerado o intervalo de confiança de 99 % para esta análise.

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).

O programa NTSYS-pc 1.70 (Rohlf, 1992) foi usado para fazer os fenogramas UPGMA baseados no coeficiente de parentesco calculado como acima e para acessar o nível de significância dos mesmos, através da comparação da matriz de coeficiente de parentesco e da matriz de valores cofenéticos considerando 9999 randomizações. Para esta análise foram comparados indivíduos dentro da população em cativeiro, da bacia do Rio Piracicaba e do grupo controle de indivíduos coletados no Estado de São Paulo.

As amostras de outras espécies foram avaliadas quanto a possibilidade de serem amplificadas utilizando os *primers* desenvolvidos para o *Caiman latirostris*.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Marcadores microssatélites: Bibliotecas enriquecidas, teste de especificidade da PCR, otimização e seleção dos marcadores

Duas bibliotecas de DNA enriquecidas contendo 384 clones cada foram construídas, uma para a sonda $(ACC)_8$ e outra para $(AC)_{12}$, (Zucoloto et al., 2002). A hibridização dos clones originários da biblioteca $(ACC/TGG)_n$ produziu 29 clones (7,6 %) com regiões repetidas reconhecidas pela sonda $(ACC)_8$. Nenhum destes clones teve repetições de trinucleotídeo, entretanto o clone (*Clau1*) apresentou a repetição de dinucleotídeo $(AC)_{46}$. Isto indica que as condições do nosso experimento não foram ótimas para esta biblioteca e também pode indicar que repetições de trinucleotídeos são raras em Alligatoridae, como previamente observado por Glenn et al., (1998).

Da biblioteca $(AC-TG)_n$, 51 clones (13,3 %) hibridizaram com a sonda $(AC)_{12}$ e foram seqüenciados. Estes 51 clones selecionados geraram 12 seqüências únicas com microssatélites (23,5 %), que foram denominados *Clau2* a 13, nove seqüências redundantes (17,7 %), 10 seqüências de qualidade ruim com microssatélites confirmados (19,6 %), 14 seqüências sem microssatélites (27,5 %) e seis seqüências de qualidade ruim onde a presença de microssatélites não pode ser determinada (11,7 %). Foram desenhados 13 pares de *primers* para os marcadores microssatélites *Clau1* a 13, suas características são mostradas na Tabela 1. Destes pares de *primers* desenhados, 10 produziram fragmentos específico e com o tamanho esperado (com base na seqüência dos clones, Tabela 1). A Figura 4 mostra a classificação dos marcadores segundo Weber (1990), onde os microssatélites foram identificados como perfeitos, imperfeitos e compostos. A Figura 5 mostra o teste de especificidade do produto da PCR realizado para os marcadores *Clau4* a 13. Nota-se que os marcadores *Clau11* e 13 não produziram

boas ampliações com temperatura de anelamento de 55 °C. A Tabela 1, contém os resultados de variação do tamanho dos alelos, onde pode ser notado que onze dos treze *primers* desenvolvidos produziram com sucesso o produto específico esperado em relação ao tamanho da seqüência flanqueada nos respectivos clones. O marcador *Clau12* foi monomórfico para as amostras coletadas (ver Tabelas 1 e 3). Considerando as duas bibliotecas desenvolvidas, foram necessários 768 clones para produzir 10 microssatélites polimórficos, uma porcentagem de eficiência de obtenção de 1,3 %. O método de enriquecimento foi empregado com sucesso para dinucleotídeos e o número de microssatélites obtidos foi comparável ao obtido por Glenn et al. (1998) para *Alligator mississippiensis*, e por FitzSimmons et al. (2001) para *Crocodylus porosus* e *C. johnstoni*.

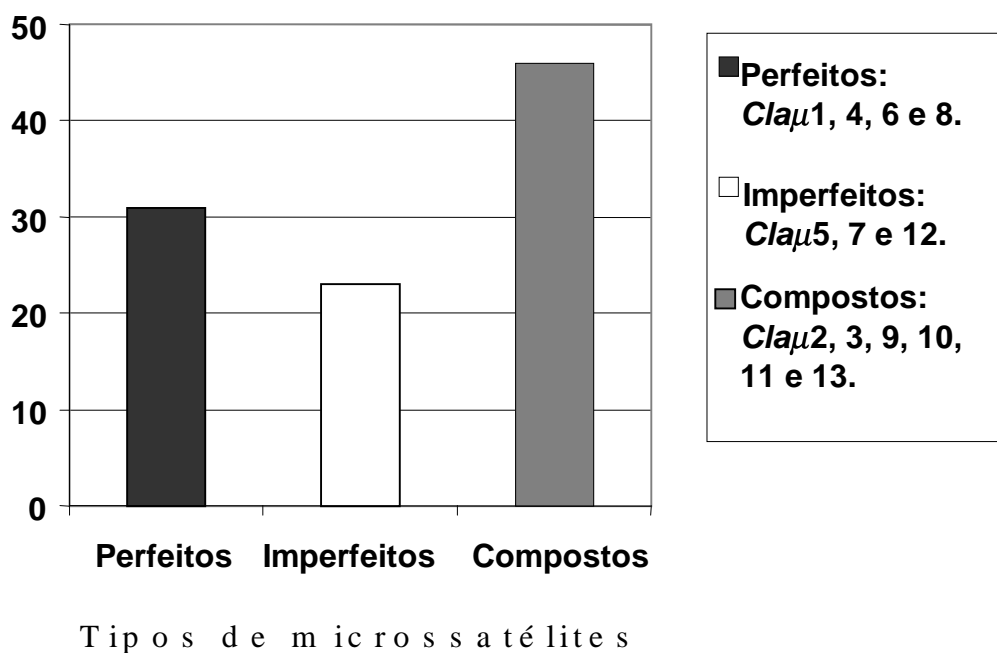


Figura 4 – Classificação dos marcadores microssatélites segundo Weber (1990).

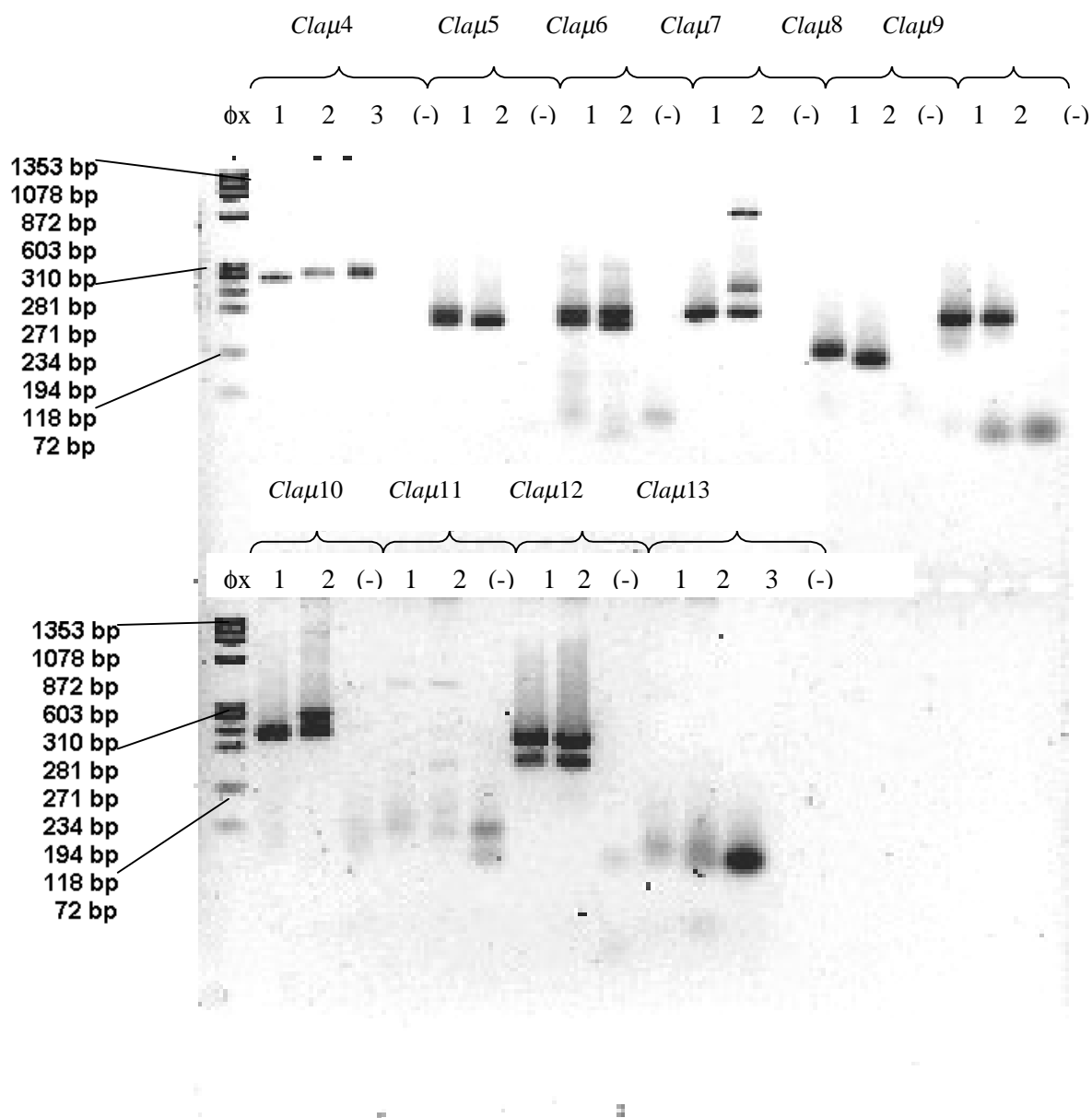


Figura 5 –Inspeção da especificidade da PCR dos marcadores *Clau4* to *Clau13* em gel de agarose 3 %, ϕ x *Hae* III DNA ladder como padrão de tamanho de fragmento, dois ou três indivíduos testados por marcador e o negativo de cada reação.

Os marcadores microssatélites com amplificação positiva no teste com agarose, *Clau1*, *Clau2*, *Clau3*, *Clau4*, *Clau5*, *Clau6*, *Clau7*, *Clau8*, *Clau9*, *Clau10* e *Clau12* foram otimizados com a utilização do PCR optimizer Kit (*Invitrogen*). A Figura 6 mostra a escolha do melhor tampão para os marcadores *Clau4* e *Clau6*. Para cada marcador foi escolhido o tampão que rendeu maior quantidade de produto com menor quantidade de bandas não específicas, características desejáveis para a utilização desses

marcadores no seqüenciador automático de DNA MegaBace 1000. Nota-se na Figura 6 que o marcador *Clau6* teve bandas inespecíficas com os tampões C e F e que o produto específico apresentou maior quantidade com o tampão J, que foi o escolhido para o marcador. Os tampões escolhidos foram ainda testados variando a temperatura de anelamento e os resultados são mostrados na Tabela 1.

Tampões: A B C D F J N (-) ϕ x A B C D F J N

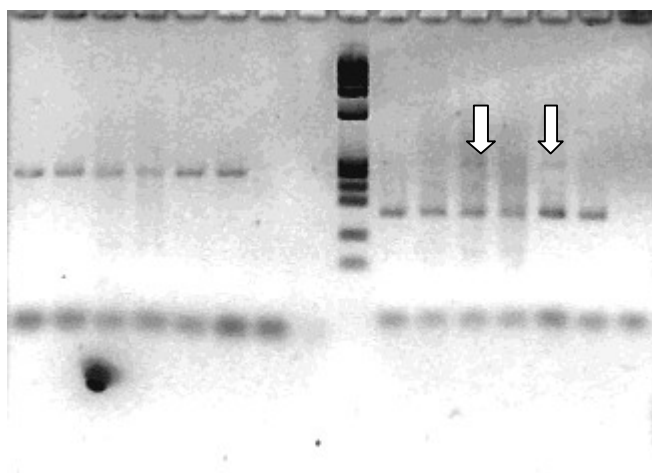


Figura 6 – Teste com o estágio 1 do PCR Optimizer Kit dos marcadores *Clau4* (à esquerda do marcador ϕ x) e 6 (à direita do ϕ x), utilizando a mesma amostra, mostrando o efeito da concentração de magnésio e do pH sobre a amplificação destes marcadores, nota-se que alguns dos tampões produzem amplificações não específicas (setas).

Os marcadores microssatélites otimizados foram selecionados utilizando o sequenciador automático de DNA MegaBace 1000, observando a qualidade do resultado da amplificação quanto à possibilidade de identificar corretamente o genótipo, sendo classificados em bons Figura 7A (*Clau2*, *Clau5*, *Clau6*, *Clau7*, *Clau8*, *Clau9*, *Clau10* e *Clau12*, sendo este último confirmado como monomórfico em todas as amostras) e ruins Figura 7B (*Clau1*, *Clau3* e *Clau4*) e quanto a verificação de segregação mendeliana, sendo que todos os microssatélites considerados bons quanto a qualidade da amplificação tiveram segregação mendeliana confirmada (Tabela 2).

Tabela 1 – Parâmetros dos *primers* desenvolvidos e otimizados para *Caiman latirostris*.

Nome	Seqüência 5'-3'	tm	gc %	any	3'	Fluor.	Tam. prod.
<i>Clam1a</i>	CATAAACCTTGGGGCTGGTA	59,82	50,00	3	2	FAM	276
<i>Clam1b</i>	ACACCATGCTGAAAGAAGCC	60,26	50,00	6	1		
<i>Clam2a</i>	CCTTCAGGACCCACTTTCTT	58,23	50,00	4	0	HEX	205
<i>Clam2b</i>	CGAATCCCTCTTCCCAAACCT	60,43	50,00	3	1		
<i>Clam3a</i>	TGACTTCCAGCTATGGGTGA	59,24	50,00	4	2	FAM	377
<i>Clam3b</i>	GTTCAAACCAGCAGTGACCA	59,73	50,00	4	2		
<i>Clam4a</i>	CCATGAGTGCTTGAACAG	53,23	50,00	4	1	HEX	269
<i>Clam4b</i>	CAGTCTCTACCCAAGATGTG	53,07	50,00	3	1		
<i>Clam5a</i>	GCGTAGACAGATGCATGGAA	59,83	50,00	6	2	FAM	203
<i>Clam5b</i>	CAGTCTGAAGCTAGGGCAAA	58,26	50,00	5	0		
<i>Clam6a</i>	GAAATATGGGACAGGGAGGA	58,79	50,00	4	0	TET	229
<i>Clam6b</i>	GGTTGGCTGCATGTGTATGT	59,45	50,00	4	0		
<i>Clam7a</i>	CGGGTCTTGGTGTGACTA	60,94	55,00	3	2	TET	201
<i>Clam7b</i>	CGGGACCAGGAGCTGTATAA	60,09	55,00	4	2		
<i>Clam8a</i>	CAGCCACTGAAGGAATTGAC	58,29	50,00	4	1	FAM	123
<i>Clam8b</i>	CACATACCTGACCCAGCTTATC	58,60	50,00	4	1		
<i>Clam9a</i>	ACAGGGGAAAAGAAGAGCTG	58,52	50,00	4	2	HEX	163
<i>Clam9b</i>	AAAATCCCCACTCTTACCC	59,15	50,00	2	0		
<i>Clam10a</i>	TGGTCTTCTCTTCGTGTCCT	57,42	50,00	2	0	TET	220
<i>Clam10b</i>	ATGAGCCCCTCTATGTTCCCT	57,67	50,00	3	0		
<i>Clam11a</i>	GGCTCGTATGTTGTGTGGAA	61,31	50,00	4	3	nm	341
<i>Clam11b</i>	GCCAGAATAGCAGGTTGATAGC	60,08	50,00	6	2		
<i>Clam12a</i>	AAAAAGCCTCGACTGGCTGT	59,57	50,00	2	0	HEX	205
<i>Clam12b</i>	CACAGGGAAAGGTTTCTGGA	60,25	50,00	3	2		
<i>Clam13a</i>	AGCCTAGAGCCGAATTCAC	57,09	52,63	6	2	nm	161
<i>Clam13b</i>	CTGAGAGAGTACTGAGTCATCAGG	57,37	50,00	6	3		

Tabela 1 – Continuação.

Nome	Repetição	Var. tam.	Tamp.	Temp. testadas	Num. ciclos testados	An.	Cic.
<i>Clau1a</i>	(AC) ₄₆		J	55, 58, 60 e 64	30 e 35		
<i>Clau1b</i>							
<i>Clau2a</i>	(GA) ₁₆ ,(GT) ₁₀	195-241	A	55, 58 e 60	30 e 35	58	30
<i>Clau2b</i>							
<i>Clau3a</i>	(TG) ₁₈ ,(TGTA) ₆		C	52, 54, 55, 58 e 60	30 e 35	54	35
<i>Clau3b</i>							
<i>Clau4a</i>	(AC) ₁₅		J	52, 55, 58 e 60	30 e 35	52	35
<i>Clau4b</i>							
<i>Clau5a</i>	(AC) ₁₆ ,(AC) ₂₂	161-199	F	52, 55, 58 e 60	30 e 35	55	30
<i>Clau5b</i>							
<i>Clau6a</i>	(AC) ₁₇	155-227	J	55 e 58	30	58	30
<i>Clau6b</i>							
<i>Clau7a</i>	(TG) ₁₂ ,(TG) ₆	181-277	F	55 e 58	30	58	30
<i>Clau7b</i>							
<i>Clau8a</i>	(AC) ₂₆	101-235	F	52, 55, 58 e 60	25, 30 e 35	55	30
<i>Clau8b</i>							
<i>Clau9a</i>	(TG) ₁₁ ,(CG) ₅	161-179	A	55, 58 e 60	30 e 35	60	35
<i>Clau9b</i>							
<i>Clau10a</i>	(CA) ₁₂ ,(CT) ₁₉	216-258	A	55, 58 e 60	30 e 35	60	35
<i>Clau10b</i>							
<i>Clau11a</i>	(CA) ₉ ,(TG) ₇ ,(TG) ₁₉ ,(TG) ₄			47, 55 e 58	30 e 35	55	30
<i>Clau11b</i>							
<i>Clau12a</i>	(TG) ₅ ,(TG) ₆ ,(TG) ₃	207	A	55 e 58	30	55	30
<i>Clau12b</i>							
<i>Clau13a</i>	(TG) ₄ ,(TG) ₉ ,(TA) ₄			47, 55 e 58	30 e 35	55	30
<i>Clau13b</i>							

Obs.: tm – Temperatura calculada de anelamento do *primer*, gc % - Porcentagem de G e C dentro da seqüência do *primer*, any – medida de formação de dímeros entre os *primers* do par, 3' – medida de formação de alça na extremidade 3' do mesmo *primer*, Tam. prod.– Tamanho esperado do produto de acordo com a seqüência do clone de origem, Var. tam. – Variação de tamanho dos alelos observada nas populações da bacia do Rio Piracicaba em MegaBace 1000; Tamp. – Tampão otimizado para o par de *primers*; Temp. testadas - Temperaturas de anelamento testadas, Num. ciclos testados - Número de ciclos testados, An. – Temperatura de anelamento otimizada; Cic. - Número de ciclos otimizado, nm – não marcado, nd – não determinado.

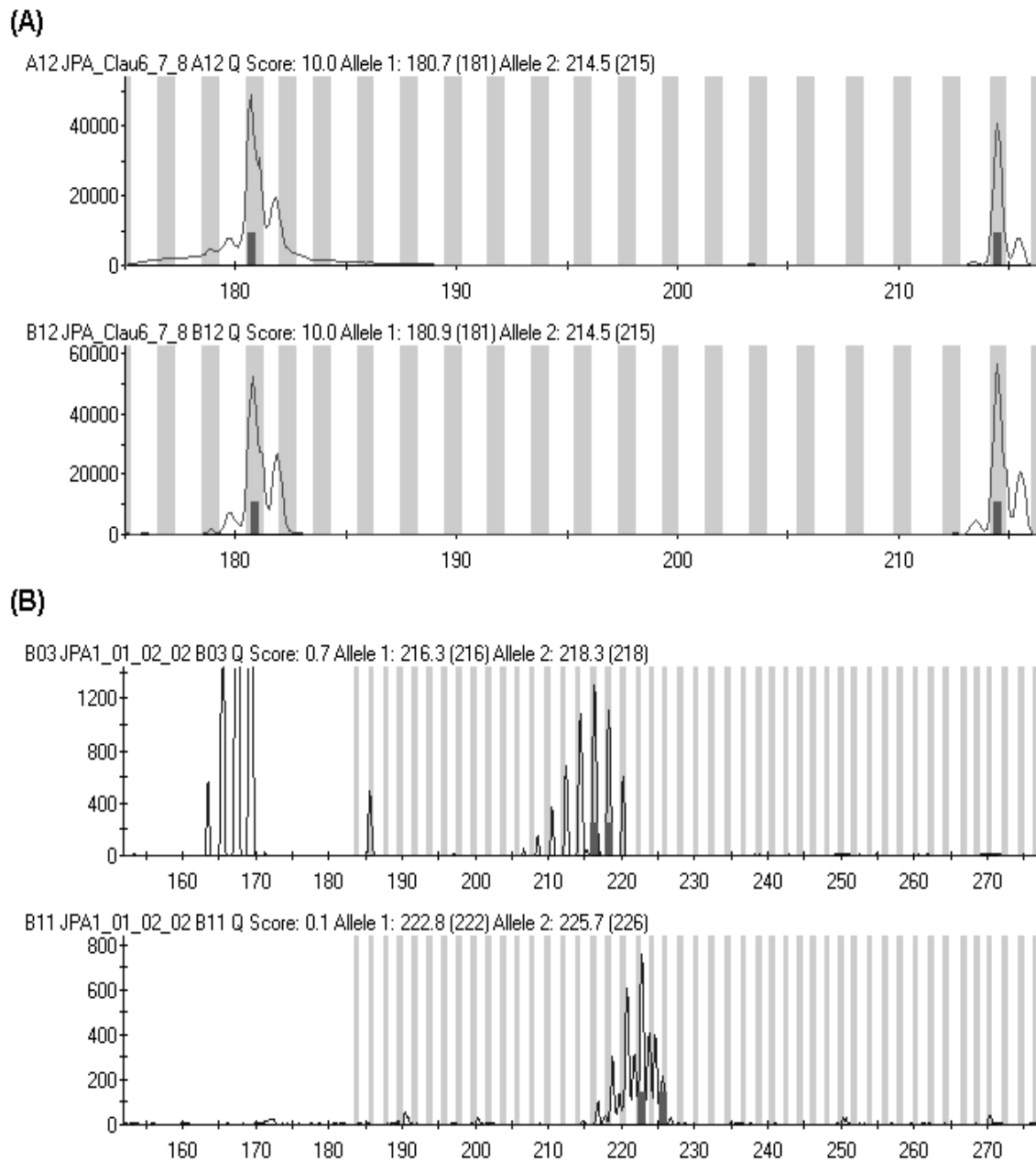


Figura 7 – Qualidade da PCR para análise no sistema do seqüenciador de DNA MegaBace 1000. (A) Picos com boa qualidade e de fácil interpretação e (B) Picos de qualidade ruim de difícil interpretação.

Tabela 2 – Confirmação de segregação para os marcadores selecionados através dos genótipos dos indivíduos da família 1.

Fml	Código	<i>Ami</i> μ 8	<i>Ami</i> μ 11	<i>Ami</i> μ 13	<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 5	<i>Clau</i> μ 6	<i>Clau</i> μ 7	<i>Clau</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 9	<i>Clau</i> μ 10
Pai	1-CL203	115/115	229/237	264/270	126/152	203/205	165/211	227/227	181/215	111/117	161/165	218/222
Mãe	4-CL106	115/117	229/237	240/268	126/126	203/203	167/169	223/227	215/215	109/133	161/177	226/232
Filhote	5-CL354	115/ 115	229/237	268 /270	126 /126	203 /205	169 /211	223 /227	181/ 215	109 /117	161 /165	222/ 226
Filhote	6-CL355	115/ 117	229/237	240 /264	126 /152	203 /203	165/ 169	223 /227	181/ 215	111/ 133	161/ 177	222/ 232
Filhote	7-CL356	115/ 117	229/237	264/ 268	126 /126	203 /205	169 /211	227 /227	181/ 215	111/ 133	161/ 177	222/ 232
Filhote	8-CL357	115/ 117	229/237	264/ 268	126 /126	203 /205	169 /211	227 /227	215/ 215	111/ 133	161/ 177	218/ 226

Observando os critérios de qualidade de amplificação e segregação mendeliana, os marcadores *Ami* μ 8, *Ami* μ 11, *Ami* μ 13 e *Ami* μ 20 (Zucoloto, 1998; Verdade et al., 2002) utilizados anteriormente e os marcadores desenvolvidos para *Caiman latirostris* *Clau* μ 2, *Clau* μ 5, *Clau* μ 6, *Clau* μ 7, *Clau* μ 8, *Clau* μ 9 e *Clau* μ 10 foram os selecionados. A análise dos genótipos da família 1 (Tabela 2) mostrou que os filhotes CL354, 355, 356 e 357 apresentaram o alelo paterno e o materno (assinalado em negrito), com exceção do marcador *Ami* μ 11, onde os alelos dos filhotes e de seus pais impossibilitaram identificar qual alelo é materno e qual é paterno, entretanto os alelos apresentados pelos filhotes neste marcador constam no genótipo dos pais, sendo sua segregação confirmada.

4.2. Caracterização dos marcadores

4.2.1. Conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) dos microssatélites

O conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) é uma media baseada na quantidade de heterozigotos de um marcador em uma população (Botstein et al., 1980 e Marshall et al., 1998). O PIC variou de 0,182 (*Ami* μ 8) a 0,630 (*Clau* μ 8) na média por marcador e 0,359 (VG) a 0,683 (FNA) na média por população, indicando em qual população ou marcador há um maior ou menor número heterozigotos. A média geral foi 0,499, demonstrando o auto nível de polimorfismo obtido com estes marcadores (Tabela 3). A baixa média de PIC apresentada pelo marcador *Ami* μ 8 deve-se ao fato deste marcador conter dois alelos considerando todas as populações (Tabela 5) e ser fixado em

algumas populações com poucos indivíduos amostrados (Tabela 6). O marcador *Clau8* apresentou a maior quantidade de alelos, 16 alelos (Tabela 5) considerando todas as populações e a heterozigosidade observada foi maior que a esperada em todas as populações para o microssatélite *Clau8* (Tabela 6). Esta variabilidade foi refletida na alta média de PIC apresentada pelo marcador, considerando todas as populações. O grupo de fundadores não aparentados da colônia em cativeiro da ESALQ (FNA) apresentou o maior número de alelos considerando todos os marcadores (Tabela 5) e a heterozigosidade observada foi significativamente menor que a esperada ($p \leq 0,05$) somente para os marcadores *Amiμ13* e *Clau6* (Tabela 6), sendo esta variabilidade refletida na maior média de PIC por população considerando todos os marcadores.

Tabela 3 – Conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) por marcador e por população.

<i>Locus</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	Média
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	7,917
<i>Amiμ8</i>	0,325	0,359	0,305	0,286	0,000	0,332	0,375	0,042	0,000	0,000	0,164	0,000	0,182
<i>Amiμ11</i>	0,530	0,375	0,375	0,553	0,555	0,538	0,561	0,664	0,555	0,375	0,596	0,703	0,532
<i>Amiμ13</i>	0,853	0,630	0,511	0,286	0,305	0,644	0,805	0,499	0,305	0,449	0,610	0,667	0,547
<i>Amiμ20</i>	0,745	0,195	0,195	0,695	0,555	0,747	0,774	0,687	0,000	0,000	0,581	0,605	0,482
<i>Clau2</i>	0,772	0,359	0,305	0,449	0,000	0,545	0,579	0,315	0,703	0,593	0,410	0,630	0,472
<i>Clau5</i>	0,866	0,511	0,555	0,632	0,703	0,520	0,346	0,563	0,703	0,346	0,820	0,653	0,602
<i>Clau6</i>	0,726	0,305	0,375	0,586	0,000	0,545	0,630	0,548	0,703	0,593	0,410	0,667	0,507
<i>Clau7</i>	0,648	0,359	0,511	0,747	0,703	0,497	0,619	0,504	0,000	0,346	0,314	0,371	0,468
<i>Clau8</i>	0,866	0,630	0,582	0,640	0,375	0,725	0,744	0,585	0,555	0,535	0,745	0,582	0,630
<i>Clau9</i>	0,580	0,511	0,555	0,375	0,375	0,548	0,533	0,703	0,305	0,239	0,581	0,359	0,472
<i>Clau10</i>	0,605	0,667	0,305	0,667	0,375	0,714	0,572	0,747	0,555	0,744	0,676	0,524	0,596
Média	0,683	0,446	0,416	0,538	0,359	0,578	0,594	0,532	0,398	0,384	0,537	0,524	0,499

Obs.: *N* – Número de indivíduos amostrados.

4.2.2. Desequilíbrio de ligação

O teste de desequilíbrio de ligação realizado para pares de *locus* considerando todas as populações foi significativo a nível de 1 % entre os *locus* *Amiμ11* e *Clau5* e *Amiμ20* e *Clau5* e a nível de 5 % entre os *locus* *Clau2* e *Clau5* (Tabela 4), indicando que há uma relação entre frequência de alelos e genótipos entre estes *loci*. Para

confirmar o desequilíbrio de ligação entre estes *loci* seria necessário a utilização de cruzamentos controlados, o que não foi viável no atual estudo. Para efeito das análises subsequentes todos os *loci* foram assumidos como não ligados.

Tabela 4 - Valores de P (P-valores) para o desequilíbrio de ligação entre cada par de *locus* considerando todas as populações estudadas pelo método de Fisher.

<i>Locus</i> 1	<i>Locus</i> 2	χ^2	gl	P-valores	<i>Locus</i> 1	<i>Locus</i> 2	χ^2	gl	P-valores
<i>Ami</i> μ 8	<i>Ami</i> μ 11	13,019	12	0,36768	<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 8	12,888	14	0,53537
<i>Ami</i> μ 8	<i>Ami</i> μ 13	15,829	16	0,46494	<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 8	13,834	12	0,31145
<i>Ami</i> μ 11	<i>Ami</i> μ 13	12,935	14	0,53162	<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 8	11,057	16	0,80593
<i>Ami</i> μ 8	<i>Ami</i> μ 20	5,933	16	0,98881	<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 8	13,508	14	0,48697
<i>Ami</i> μ 11	<i>Ami</i> μ 20	10,133	12	0,60432	<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 8	13,219	14	0,50940
<i>Ami</i> μ 13	<i>Ami</i> μ 20	3,396	16	0,99961	<i>Clau</i> μ 5	<i>Clau</i> μ 8	14,248	14	0,43138
<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 2	8,796	16	0,92159	<i>Clau</i> μ 6	<i>Clau</i> μ 8	10,117	12	0,60571
<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 2	15,314	12	0,22474	<i>Clau</i> μ 7	<i>Clau</i> μ 8	8,134	16	0,94479
<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 2	15,939	18	0,59682	<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 9	5,785	14	0,97162
<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 2	19,195	16	0,25869	<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 9	4,641	12	0,96890
<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 5	6,284	10	0,79090	<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 9	9,105	18	0,95726
<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 5	31,555	10	0,00047**	<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 9	9,472	14	0,79967
<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 5	10,831	16	0,81977	<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 9	4,947	16	0,99601
<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 5	Infinito	12	**	<i>Clau</i> μ 5	<i>Clau</i> μ 9	8,384	14	0,86840
<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 5	28,139	14	0,01364*	<i>Clau</i> μ 6	<i>Clau</i> μ 9	5,897	14	0,96903
<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 6	7,901	14	0,89440	<i>Clau</i> μ 7	<i>Clau</i> μ 9	14,792	18	0,67622
<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 6	8,745	12	0,72457	<i>Clau</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 9	15,434	14	0,34913
<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 6	9,555	16	0,88880	<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 10	12,131	16	0,73489
<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 6	11,407	14	0,65377	<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 10	4,778	12	0,96498
<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 6	14,817	16	0,53808	<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 10	15,513	16	0,48744
<i>Clau</i> μ 5	<i>Clau</i> μ 6	8,020	12	0,78354	<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 10	2,905	16	0,99986
<i>Ami</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 7	4,858	16	0,99642	<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 10	13,820	16	0,61214
<i>Ami</i> μ 11	<i>Clau</i> μ 7	4,872	14	0,98752	<i>Clau</i> μ 5	<i>Clau</i> μ 10	16,141	12	0,18485
<i>Ami</i> μ 13	<i>Clau</i> μ 7	19,467	20	0,49170	<i>Clau</i> μ 6	<i>Clau</i> μ 10	18,727	14	0,17563
<i>Ami</i> μ 20	<i>Clau</i> μ 7	13,280	16	0,65215	<i>Clau</i> μ 7	<i>Clau</i> μ 10	11,705	16	0,76405
<i>Clau</i> μ 2	<i>Clau</i> μ 7	22,049	18	0,22980	<i>Clau</i> μ 8	<i>Clau</i> μ 10	18,744	14	0,17498
<i>Clau</i> μ 5	<i>Clau</i> μ 7	18,682	16	0,28552	<i>Clau</i> μ 9	<i>Clau</i> μ 10	8,952	14	0,83414
<i>Clau</i> μ 6	<i>Clau</i> μ 7	9,587	16	0,88729					

*($p \leq 0,05$), **($p \leq 0,01$).

4.3. Caracterização das populações

4.3.1. Frequência de alelos, heterozigosidade e teste exato para equilíbrio de Hardy-Weinberg

Foram identificados 142 alelos nas populações amostradas, com diferenças quanto à presença e frequência dos alelos nestas populações (Tabela 5). Os totais de alelos considerando todas as populações por marcador foram *Amiμ8* (2 alelos), *Amiμ11* (9 alelos), *Amiμ13* (13 alelos), *Amiμ20* (20 alelos), *Clμ2* (13 alelos), *Clμ5* (22 alelos), *Clμ6* (10 alelos), *Clμ7* (12 alelos), *Clμ8* (16 alelos), *Clμ9* (6 alelos), *Clμ10* (19 alelos). Os alelos de 223, 233 e 243 pb do marcador *Amiμ11*; 228 e 250 pb do marcador *Amiμ13*; 106, 108, 120, 140 e 146 do marcador *Amiμ20* são novos em relação aos apresentados nas amostras genotipadas em Zucoloto (1998), isto se deve ao fato de que novos indivíduos foram adicionados a amostragem das populações: PA (1 indivíduo), PT (17 indivíduos), CH (8 indivíduos) e DF (11 indivíduos). Dos 142 alelos possíveis, considerando todos os marcadores, as populações apresentaram: FNA (68 alelos), Fm1 (30 alelos), Fm5 (27 alelos), PA (40 alelos), VG (25 alelos), PT (58 alelos), CH (56 alelos) e DF (55 alelos), ANG (27 alelos), PR (27 alelos), GR (45 alelos), JP (38 alelos) e LTSE (18 alelos) demonstrando como se distribui a variabilidade nestas populações. Alguns alelos são exclusivos de algumas populações, como o alelo de 249 pb para o marcador *Amiμ11* apresentado na frequência de 0,100 na população do Rio Grande ou o de 272 pb para o marcador *Clμ10* apresentado na frequência de 0,500 pelo único indivíduo amostrado em Peruíbe (LTSE).

Tabela 5 – Frequência de alelos nas populações estudadas.

<i>Ami</i> μ 8	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
115	0,714	0,625	0,750	0,778	1,000	0,300	0,500	0,978	1,000	1,000	0,900	1,000	1,000
117	0,286	0,375	0,250	0,222	0	0,700	0,500	0,022	0	0	0,100	0	0
Alelos	2	2	2	2	1	2	2	2	1	1	2	1	1
<i>Ami</i> μ 11	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
223	0	0	0	0	0	0,050	0	0	0	0	0	0	0
227	0	0	0	0,222	0,250	0	0,125	0,109	0	0	0,400	0,250	0
229	0,429	0,500	0,500	0,278	0,500	0,525	0	0,326	0,500	0,500	0	0,250	0
231	0	0	0	0	0	0	0	0,022	0	0	0	0	0,500
235	0,143	0	0	0,500	0,250	0,325	0,375	0,174	0,250	0	0,400	0,250	0
237	0,429	0,500	0,500	0	0	0,100	0,458	0,370	0,250	0,500	0	0,250	0,500
239	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
243	0	0	0	0	0	0	0,042	0	0	0	0	0	0
249	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
Alelos	3	2	2	3	3	4	4	5	3	2	5	4	2
<i>Ami</i> μ 13	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
228	0	0	0	0	0	0,025	0,042	0	0	0	0,200	0	0
240	0,071	0,125	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
242	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,500
250	0	0	0	0	0	0	0,125	0	0	0	0,200	0	0
254	0,071	0	0	0	0,250	0,475	0	0	0	0	0	0,250	0,500
258	0,071	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
260	0,143	0	0	0	0	0,225	0	0	0	0	0,100	0	0
262	0	0	0	0	0	0,050	0,083	0,043	0	0	0,500	0,125	0
264	0,143	0,375	0,375	0,222	0	0,050	0,250	0,065	0	0,667	0	0,250	0
266	0,071	0	0	0	0	0	0,125	0,109	0	0,167	0	0	0
268	0,214	0,375	0,125	0	0	0	0,042	0,674	0,250	0	0	0	0
270	0,143	0,125	0,500	0	0	0	0,083	0,065	0,750	0,167	0	0	0
272	0,071	0	0	0,778	0,750	0,175	0,250	0,043	0	0	0	0,375	0
Alelos	9	4	3	2	2	6	8	6	2	3	4	4	2
<i>Ami</i> μ 20	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	19	11	22	0	3	5	4	1
106	0	0	0	0	0	0,026	0	0	-	0	0	0	0
108	0	0	0	0	0	0,026	0	0	-	0	0	0	0
110	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0,100	0	0
116	0	0	0	0,056	0,500	0	0	0	-	0	0	0	0
120	0	0	0	0	0	0	0	0,023	-	0	0	0	0,500
124	0,071	0	0	0,444	0,250	0,053	0	0,182	-	0	0	0,500	0
126	0,429	0,875	0,875	0,167	0,250	0,211	0,364	0,500	-	0	0	0,250	0,500
128	0	0	0	0	0	0	0,091	0,068	-	0	0	0	0
130	0	0	0	0,111	0	0	0,045	0,023	-	0	0,500	0	0
132	0,071	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0
140	0	0	0	0	0	0	0,045	0	-	0	0	0	0
144	0,143	0	0	0,167	0	0,237	0,045	0	-	0	0	0	0
146	0	0	0	0	0	0,026	0	0	-	0	0,100	0	0
150	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0,125	0
152	0,071	0,125	0,125	0	0	0	0,045	0,136	-	1,000	0	0	0
154	0,071	0	0	0	0	0	0	0,023	-	0	0	0	0
156	0	0	0	0	0	0,368	0,273	0	-	0	0,300	0	0
158	0,071	0	0	0,056	0	0,053	0,091	0	-	0	0	0,125	0
162	0,071	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0
164	0	0	0	0	0	0	0	0,045	-	0	0	0	0
Alelos	8	2	2	6	3	8	8	8	0	1	4	4	2

Tabela 5 – Continuação.

<i>Clau2</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	6	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
195	0,167	0	0	0,167	0	0,050	0,208	0,804	0,250	0,333	0,100	0,375	0
199	0	0	0	0	0	0	0,083	0,022	0,250	0,333	0	0	0
201	0	0	0	0,167	0	0	0	0,109	0	0	0,700	0,125	0
203	0,417	0,625	0,750	0,667	1,000	0,575	0,167	0	0,250	0	0	0	0
205	0,167	0,375	0,250	0	0	0,200	0,542	0,065	0	0	0,200	0,375	0
207	0	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0	0	0	0
211	0,083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
217	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,125	0
231	0,083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
239	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0	0	0
241	0	0	0	0	0	0,175	0	0	0	0	0	0	0
243	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1,000
245	0,083	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Alelos	6	2	2	3	1	4	4	4	4	3	3	4	1
<i>Clau5</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
151	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,500
157	0,071	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
161	0	0	0	0	0	0,025	0	0	0	0,333	0	0	0
163	0	0	0	0	0	0	0,042	0	0	0	0	0	0
165	0,143	0,125	0	0	0	0,050	0	0	0	0	0	0,125	0
167	0,071	0	0	0,444	0,250	0,325	0,083	0,364	0,250	0	0	0,500	0,500
169	0,214	0,500	0	0,278	0,250	0	0,042	0	0	0	0,200	0,125	0
171	0,143	0	0,250	0	0	0	0	0,500	0,250	0,667	0	0,125	0
173	0	0	0	0	0	0,025	0	0	0	0	0	0	0
175	0	0	0	0	0,250	0,550	0,792	0	0	0	0	0	0
179	0,071	0	0,250	0	0	0	0	0,136	0	0	0	0	0
187	0,071	0	0	0,167	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
193	0	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0	0,100	0	0
195	0	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0	0,200	0	0
199	0	0	0	0,111	0,250	0,025	0,042	0	0	0	0	0	0
211	0,071	0,375	0,500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
215	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
217	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
219	0,071	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
223	0,071	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
241	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,125	0
247	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,200	0	0
Alelos	10	3	3	4	4	6	5	3	4	2	7	5	2
<i>Clau6</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
155	0,143	0	0	0	0	0	0,042	0,109	0	0,333	0	0,125	0
157	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0	0	0
159	0,286	0	0,500	0,278	1,000	0,125	0,375	0,370	0,250	0,333	0,700	0	1,000
161	0	0	0	0	0	0	0,042	0	0	0	0	0	0
165	0	0	0	0	0	0	0	0	0,250	0	0	0	0
167	0,071	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
219	0	0	0	0	0	0	0	0,043	0	0	0	0,250	0
223	0,214	0,250	0	0,389	0	0,400	0,375	0,478	0,250	0	0,100	0,250	0
225	0	0	0	0	0	0,450	0,167	0	0	0	0	0	0
227	0,286	0,750	0,500	0,333	0	0,025	0	0	0,250	0	0,200	0,375	0
Alelos	5	2	2	3	1	4	5	4	4	3	3	4	1

Tabela 5 – Continuação.

<i>Clau7</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
181	0,214	0,375	0,125	0,056	0,250	0,050	0,458	0,217	0	0	0,800	0	1,000
203	0,071	0	0	0,111	0,250	0,525	0,167	0	0	0,667	0,100	0,125	0
205	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,333	0	0	0
213	0	0	0	0	0	0	0	0,043	0	0	0	0	0
215	0,500	0,625	0,500	0,333	0	0	0,292	0,630	1,000	0	0,100	0,750	0
223	0	0	0	0,056	0	0	0	0	0	0	0	0	0
227	0	0	0	0,056	0	0	0	0	0	0	0	0	0
239	0,071	0	0	0	0,250	0	0,042	0,022	0	0	0	0	0
243	0,071	0	0	0,278	0,250	0,375	0,042	0,065	0	0	0	0,125	0
245	0	0	0	0,111	0	0	0	0,022	0	0	0	0	0
247	0	0	0	0	0	0,050	0	0	0	0	0	0	0
249	0,071	0	0,375	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Alelos	6	2	3	7	4	4	5	6	1	2	3	3	1
<i>Clau8</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	8	2	20	12	23	2	3	5	4	1
101	0,071	0	0,250	0	0	0,325	0,292	0	0	0	0,200	0	0
107	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,500
109	0,071	0,125	0	0,250	0	0	0	0,522	0,500	0	0	0,375	0
111	0,143	0,375	0,375	0	0	0	0,042	0	0	0,500	0	0	0
113	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,200	0	0
115	0,071	0	0	0	0	0,025	0,083	0	0	0	0	0	0
117	0,214	0,125	0,375	0	0	0	0	0,022	0	0	0	0	0
119	0,143	0	0	0	0	0,025	0,042	0,174	0	0	0,200	0,250	0
121	0	0	0	0	0	0	0,042	0	0	0	0	0	0
123	0	0	0	0,250	0,500	0,025	0	0,043	0	0	0	0	0
125	0,071	0	0	0,500	0,500	0,300	0,250	0,239	0,250	0	0,300	0,375	0,500
131	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,167	0	0	0
133	0,071	0,375	0	0	0	0,175	0	0	0	0,333	0	0	0
135	0,071	0	0	0	0	0,100	0,250	0	0,250	0	0,100	0	0
139	0,071	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
235	0	0	0	0	0	0,025	0	0	0	0	0	0	0
Alelos	10	4	3	3	2	8	7	5	3	3	5	3	2
<i>Clau9</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
161	0,286	0,500	0,500	0,500	0,500	0,575	0,542	0,239	0	0,167	0,300	0,625	0,500
163	0	0	0	0	0	0,075	0	0	0	0	0,100	0	0
165	0,429	0,125	0,250	0,500	0,500	0,225	0,208	0,261	0,250	0,833	0	0,375	0,500
175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
177	0,286	0,375	0,250	0	0	0,125	0,250	0,261	0,750	0	0,500	0	0
179	0	0	0	0	0	0	0	0,239	0	0	0	0	0
Alelos	3	3	3	2	2	4	3	4	2	2	4	2	2

Tabela 5 – Continuação.

<i>Clam</i> 10	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP	LTSE
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4	1
214	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,100	0	0
216	0,071	0	0	0,056	0	0,025	0	0,196	0	0,167	0,100	0	0
218	0,071	0,125	0,250	0	0	0	0	0	0	0,167	0	0	0
220	0	0	0	0	0	0	0	0,022	0,250	0,167	0	0	0
222	0,571	0,375	0,750	0,389	0	0,125	0,458	0,152	0,500	0,333	0,400	0,625	0
224	0,143	0	0	0,056	0	0	0,083	0,022	0	0,167	0,100	0,125	0
226	0,071	0,250	0	0	0,500	0	0	0	0	0	0	0	0,500
228	0	0	0	0,278	0,500	0	0	0,130	0,250	0	0	0	0
232	0,071	0,250	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
242	0	0	0	0	0	0,100	0	0	0	0	0	0	0
244	0	0	0	0	0	0,250	0	0	0	0	0	0	0
246	0	0	0	0,222	0	0,400	0,042	0	0	0	0	0	0
248	0	0	0	0	0	0,025	0	0	0	0	0	0,125	0
250	0	0	0	0	0	0,050	0,375	0	0	0	0,300	0,125	0
252	0	0	0	0	0	0	0,042	0	0	0	0	0	0
254	0	0	0	0	0	0	0	0,087	0	0	0	0	0
256	0	0	0	0	0	0,025	0	0,370	0	0	0	0	0
258	0	0	0	0	0	0	0	0,022	0	0	0	0	0
272	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,500
Alelos	6	4	2	5	2	8	5	8	3	5	5	4	2
Total Al.	68	30	27	40	25	58	56	55	27	27	45	38	18

Obs.: *N* – Número de indivíduos amostrados.

Embora tenham sido encontrados alelos característicos de cada população como pode ser facilmente visualizado na Tabela 5, uma amostragem maior em cada local poderia revelar uma maior uniformidade de presença dos alelos encontrados em todas as populações. Entretanto, com exceção feita para Volta Grande (VG), a amostragem realizada para as populações da bacia do Rio Piracicaba pode ser considerada suficiente para que as diferenças na presença e frequência de alelos possa ser analisada de forma mais efetiva.

A diferenciação gênica e genotípica foi testada para todos os pares de populações amostradas, com destaque para as diferenças significativas observadas entre populações originárias da bacia do Rio Piracicaba (marcadas em negrito), os resultados são mostrados no APÊNDICE II. Na maioria das vezes em que ocorreu diferença gênica significativa entre duas populações, esta foi acompanhada de diferença significativa também na comparação entre os genótipos. Entretanto todas as vezes em que houve diferença genotípica entre duas populações, esta foi acompanhada de diferença gênica significativa. A diferença encontrada entre as populações da bacia do Rio Piracicaba foi melhor estudada usando as estatísticas Rho, como será demonstrado a seguir.

Considerando o tamanho das amostras, apenas os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg ocorridos ao nível de 1 % serão analisados como importantes. Pelo mesmo motivo os desvios ocorridos nas populações VG e ANG, não serão discutidos, pois o mais provável é que foram causados pelo baixo número de indivíduos amostrados. O sítio LTSE não foi considerado para esta análise por conter apenas um indivíduo. Como pode ser visto na Tabela 6, os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg, quando ocorreram foram característicos das populações e não dos marcadores, a não ser pelo caso do marcador *Amiμ11* onde a presença de excesso de heterozigotos ocorreu ao nível de 5 % em PA e GR e ao nível de 1 % em FNA e DF. A presença de alelos nulos nestes marcadores será discutida na seção do teste de maternidade, entretanto não parece ser o caso como pode ser visto na Tabela 7. Pode-se dizer que não houve desvios nos grupos FNA, Fm1 e Fm5 da colônia em cativeiro da ESALQ, com exceção ao excesso de heterozigotos comentado acima no marcador *Amiμ11* em FNA. Houve excesso significativo de heterozigotos ($p \leq 0,01$), além dos mencionados para o marcador *Amiμ11* para as populações PT (marcador *Clau7*) e DF (marcador *Clau9*). Houve deficiência significativa de heterozigotos ($p \leq 0,01$) na população PA para o marcador *Clau2*, PT para os marcadores *Amiμ20*, *Clau2* e *Clau6*, CH para os marcadores *Amiμ11* e *Clau2*, DF para os marcadores *Amiμ20* e *Clau6*, PR com o alelo de 115 pb fixado para o marcador *Amiμ8* e o alelo de 152 pb fixado para o marcador *Amiμ20* e JP com alelo de 115 pb fixado para o marcador *Amiμ8*.

Tabela 6 – Heterozigidade nas populações estudadas.

<i>Amiμ8</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	3,077	2,143	1,714	3,294		8,615	6,261	1,000			1,000	
Ho	4,000	3,000	2,000	0,000		8,000	4,000	1,000			1,000	
Fis	-0,333	-0,500	-0,200	1,000	Fixado	0,073	0,371	0,000	Fixado	Fixado	0,000	Fixado
HW	1,000	1,000	1,000	0,012	-	1,000	0,282	-	-	-	-	-
EP	/	/	/	/		/	/					
Sig.	ns	ns	ns	*	nt	ns	ns	nt	nt	nt	nt	nt
<i>Amiμ11</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	4,615	2,286	2,286	5,941	1,667	12,436	7,913	16,800	1,667	1,800	3,667	3,429
Ho	6,000	4,000	4,000	9,000	1,000	10,000	4,000	21,000	2,000	3,000	5,000	4,000
Fis	-0,333	-1,000	-1,000	-0,565	0,500	0,200	0,506	-0,257	-0,333	-1,000	-0,429	-0,200
HW	0,007	0,314	0,314	0,047	0,333	0,332	0,004	0,000	1,000	0,400	0,035	0,238
EP	/	/	/	/	/	/	/	0,000	/	/	/	/
Sig.	**	ns	ns	*	ns	ns	**	**	ns	ns	*	ns
<i>Amiμ13</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	6,538	3,143	2,714	3,294	1,000	14,103	10,348	12,267	1,000	1,800	3,667	3,286
Ho	5,000	4,000	1,000	4,000	1,000	14,000	8,000	9,000	1,000	1,000	3,000	4,000
Fis	0,250	-0,333	0,667	-0,231	0,000	0,008	0,235	0,271	0,000	0,500	0,200	-0,263
HW	0,010	1,000	0,086	1,000	-	0,907	0,013	0,053	-	0,200	0,111	0,771
EP	0,001	/	/	/		0,002	0,001	0,002		/	/	/
Sig.	*	ns	ns	ns	nt	ns	*	ns	nt	ns	ns	ns
<i>Amiμ20</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	19	11	22	0	3	5	4
He	5,769	1,000	1,000	6,941	1,667	14,757	8,857	15,535			3,556	3,000
Ho	5,000	1,000	1,000	6,000	2,000	10,000	8,000	9,000			4,000	2,000
Fis	0,143	0,000	0,000	0,143	-0,333	0,328	0,101	0,426	nc	Fixado	-0,143	0,368
HW	0,289	-	-	0,110	1,000	0,002	0,516	0,000	-	-	1,000	0,314
EP	0,006			0,002	/	0,000	0,004	0,000			/	/
Sig.	ns	nt	nt	ns	ns	**	ns	**	nt	nt	ns	ns
<i>Claiμ2</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	6	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	4,909	2,143	1,714	4,765		12,231	7,870	7,911	2,000	2,400	2,556	3,143
Ho	4,000	3,000	2,000	1,000		6,000	3,000	8,000	2,000	2,000	3,000	2,000
Fis	0,200	-0,500	-0,200	0,800	Fixado	0,516	0,629	-0,012	0,000	0,200	-0,200	0,400
HW	0,190	1,000	1,000	0,005	-	0,000	0,002	0,241	1,000	0,467	1,000	0,314
EP	0,003	/	/	/		/	/	/	/	/	/	/
Sig.	ns	ns	ns	**	nt	**	**	ns	ns	ns	ns	ns
<i>Claiμ5</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	6,615	2,714	2,857	6,529	2,000	12,051	4,522	13,488	2,000	1,600	4,667	3,143
Ho	6,000	4,000	4,000	9,000	2,000	12,000	3,000	13,000	2,000	2,000	4,000	2,000
Fis	-0,063	-0,600	-0,500	-0,412	0,000	0,004	0,347	0,037	0,000	-0,333	0,158	0,400
HW	1,000	0,314	0,543	0,438	1,000	0,045	0,033	0,502	1,000	1,000	0,374	0,878
EP	0,000	/	/	/	/	0,001	0,001	/	/	/	0,004	0,002
Sig.	ns	ns	ns	ns	ns	*	*	ns	ns	ns	ns	ns

Tabela 6 – Continuação.

<i>Clap6</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	5,769	1,714	2,286	6,294		12,744	8,609	14,600	2,000	2,400	2,556	3,286
Ho	3,000	2,000	4,000	5,000		5,000	8,000	8,000	2,000	2,000	3,000	1,000
Fis	0,500	-0,200	-1,000	0,216	Fixado	0,614	0,074	0,458	0,000	0,200	-0,200	0,727
HW	0,032	1,000	0,314	0,113	-	0,000	0,026	0,002	1,000	0,467	1,000	0,286
EP	0,001	/	/	/		/	0,001	/	/	/	/	/
Sig.	*	ns	ns	ns	nt	**	*	**	ns	ns	ns	ns
<i>Clap7</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	5,154	2,143	2,714	7,412	2,000	11,872	8,435	12,889		1,600	1,889	1,857
Ho	5,000	3,000	3,000	8,000	2,000	15,000	10,000	9,000		0,000	2,000	2,000
Fis	0,032	-0,500	-0,125	-0,085	0,000	-0,272	-0,196	0,307	Fixado	1,000	-0,067	-0,091
HW	0,401	1,000	1,000	0,964	1,000	0,001	0,706	0,055	-	0,200	1,000	1,000
EP	0,003	/	/	0,001	/	/	0,002	0,001		/	/	/
Sig.	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	nt	ns	ns	ns
<i>Clap8</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	8	2	20	12	23	2	3	5	4
He	6,615	3,143	3,000	5,333	1,333	15,615	9,739	15,000	1,667	2,200	4,333	3,000
Ho	7,000	4,000	4,000	8,000	2,000	14,000	12,000	16,000	2,000	2,000	5,000	3,000
Fis	-0,063	-0,333	-0,412	-0,556	-1,000	0,106	-0,245	-0,068	-0,333	0,111	-0,177	0,000
HW	1,000	0,057	1,000	0,055	1,000	0,014	0,192	0,173	1,000	1,000	0,697	0,657
EP	0,000	/	/	/	/	0,001	0,003	0,002	/	/	0,002	/
Sig.	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<i>Clap9</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	4,923	2,714	2,857	4,765	1,333	12,256	7,522	17,622	1,000	1,000	3,556	2,143
Ho	5,000	4,000	4,000	9,000	2,000	15,000	9,000	22,000	1,000	1,000	5,000	3,000
Fis	-0,017	-0,600	-0,500	-1,000	-1,000	-0,231	-0,207	-0,256	0,000	0,000	-0,482	-0,500
HW	0,808	0,314	0,543	0,011	1,000	0,424	0,188	0,000	-	-	0,429	1,000
EP	/	/	/	/	/	/	/	/			/	/
Sig.	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	**	nt	nt	ns	ns
<i>Clap10</i>	FNA	Fm1	Fm5	PA	VG	PT	CH	DF	ANG	PR	GR	JP
<i>N</i>	7	4	4	9	2	20	12	23	2	3	5	4
He	4,769	3,286	1,714	6,824	1,333	15,333	8,000	18,244	1,667	2,800	4,000	2,571
Ho	3,000	4,000	2,000	8,000	2,000	20,000	11,000	23,000	2,000	3,000	4,000	3,000
Fis	0,390	-0,263	-0,200	-0,185	-1,000	-0,315	-0,399	-0,268	-0,333	-0,091	0,000	-0,200
HW	0,069	0,771	1,000	1,000	1,000	0,013	0,022	0,011	1,000	1,000	0,465	1,000
EP	0,002	/	/	0,000	/	0,001	0,001	0,001	/	0,000	0,002	/
Sig.	ns	ns	ns	ns	ns	*	*	*	ns	ns	ns	ns

Obs.: *N* – Número de indivíduos amostrados, 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, nc – Genótipos não coletados, *($p \leq 0,05$), **($p \leq 0,01$).

4.4. Teste de maternidade

A probabilidade de exclusão combinada obtida com os 11 marcadores foi 0,98 quando nenhum dos parentais é conhecido e 0,99 quando há a possibilidade de indicar um dos parentais (Tabela 7). O uso de um número maior de marcadores trouxe um grande avanço para o teste de maternidade, pois usando os marcadores *Amiμ8*, *Amiμ11*, *Amiμ13* e *Amiμ20* foi obtido uma probabilidade de exclusão combinada de 0,86 em Zucoloto (1998). A presença de alelos nulos foi calculada considerando as amostras de adultos e filhotes da colônia em cativeiro da ESALQ. Apenas o marcador *Amiμ20* parece apresentar um excesso maior de alelos nulos (0,1212), entretanto não houve desvios de equilíbrio de Hardy-Weinberg quando este *locus* foi analisado considerando a divisão em FNA, Fm1 e Fm5 (Tabela 6). Outros marcadores apresentaram excesso de heterozigotos *Amiμ8* (-0,1762), *Amiμ11* (-0,2814) e *Clam9* (-0,1496) na população amostrada, sendo que apenas os desvios do marcador *Amiμ11* foram significativos em FNA considerando a divisão FNA, Fm1 e Fm5 (Tabela 6).

O teste de maternidade aplicado foi capaz de identificar a mãe das famílias 1 e 5, mesmo sem a indicação do pai 1-CL203 e neste caso este macho foi o único com *LOD score* positivo entre os machos amostrados, embora esta observação não tenha caído dentro do intervalo de confiança (IC) construído para a família 1 e esteja dentro do intervalo de confiança de 80 % para o filhote 123-CL460 na família 5 (Tabela 8).

Pelo método sem a indicação do pai a fêmea 4-CL106 pode ser indicada como mãe do filhote 5-CL354 dentro do IC relaxado de 80 % e dentro do IC de 99 % para os demais filhotes da família 1. Na família 5 a fêmea 3-CL53 foi indicada dentro do IC de 99 % para o filhote 121-CL458 e dentro do IC de 80 % para os filhotes 124-CL461 e 125-CL462. Pelo método do pai conhecido a fêmea 4-CL106 foi indicada com IC de 99 % para todos os filhotes da família 1 e a fêmea 3-CL53 indicada como a mãe da família 5 com IC de 99 % para todos os filhotes (Tabela 8).

Estes resultados confirmam os obtidos por Zucoloto (1998). Na família 5 em particular a observação da fêmea 2-CL25 como mãe, indicada pela observação do

comportamento de defesa ao ninho, esta em desacordo com a fêmea indicada como mãe pelo método dos marcadores microssatélites (3-CL53). Isto pode significar que em cativeiro outra fêmea em temporada de reprodução exiba o comportamento de defesa ao ninho como se fosse a mãe verdadeira ou que no caso desta família a observação deste comportamento tenha falhado em indicar corretamente a maternidade.

Tabela 7 - Probabilidade de exclusão e frequência de alelos nulos na população em cativeiro da ESALQ.

<i>Locus</i>	Alelos	<i>N</i>	Hets	Homs	H_o	H_e	PIC	Excl(1)	Excl(2)	Freq. nulo
<i>Amiμ8</i>	2	15	9	6	0,600	0,434	0,332	0,088	0,166	-0,1762
<i>Amiμ11</i>	3	15	14	1	0,933	0,579	0,461	0,157	0,262	-0,2814
<i>Amiμ13</i>	9	15	10	5	0,667	0,834	0,780	0,449	0,624	+0,0913
<i>Amiμ20</i>	8	15	7	8	0,467	0,554	0,518	0,172	0,353	+0,1212
<i>Claiμ2</i>	7	15	9	6	0,600	0,671	0,610	0,251	0,427	+0,0445
<i>Claiμ5</i>	10	15	15	0	1,000	0,860	0,811	0,501	0,671	-0,0987
<i>Claiμ6</i>	5	15	9	6	0,600	0,701	0,627	0,261	0,431	+0,0471
<i>Claiμ7</i>	6	15	11	4	0,733	0,662	0,595	0,234	0,405	-0,0622
<i>Claiμ8</i>	10	15	15	0	1,000	0,862	0,814	0,507	0,675	-0,0976
<i>Claiμ9</i>	3	15	13	2	0,867	0,683	0,586	0,218	0,365	-0,1496
<i>Claiμ10</i>	6	15	9	6	0,600	0,657	0,606	0,244	0,428	+0,0255
Média						0,682	0,613	0,978312	0,998869	

Obs.: *N* – Número de indivíduos amostrados, Hets – Número de heterozigotos, Homs – Número de homozigotos, H_o – Heterozigosidade observada, H_e – Heterozigosidade esperada segundo o equilíbrio de Hardy-Weinberg, PIC – Conteúdo de polimorfismo informativo, Excl.(1) – Probabilidade de exclusão sem parentais conhecidos, Excl.(2) – Probabilidade de exclusão com um parental conhecido, Freq. nulo – Frequência calculada de alelos nulos por marcador.

Tabela 8 – Teste de maternidade das famílias 1 e 5.

Família	Método	Filhote	Adulto candidato	n° <i>Loci</i>	LOD	Delta	IC	
1	Pai não determinado	5-CL354	4-CL106	11	1,82347E+14	1,04519E+14	80 %	
		5-CL354	1-CL203	11	7,78286E+13	0		
		6-CL355	4-CL106	11	3,5574E+14	2,90641E+14	99 %	
		6-CL355	1-CL203	11	6,50995E+13	0		
		7-CL356	4-CL106	11	2,05386E+14	2,05386E+14	99 %	
		7-CL356	1-CL203	11	-2,22962E+13	0		
		8-CL357	4-CL106	11	2,60447E+14	2,16937E+14	99 %	
		8-CL357	1-CL203	11	4,35102E+13	0		
	Pai 1-CL203	5-CL354	4-CL106	11	4,81568E+14	4,81568E+14	99 %	
		6-CL355	4-CL106	11	7,09861E+14	7,09861E+14	99 %	
		7-CL356	4-CL106	11	4,94175E+14	4,94175E+14	99 %	
		8-CL357	4-CL106	11	5,32416E+14	5,32416E+14	99 %	
	5	Pai não determinado	121-CL458	3-CL53	11	3,83492E+14	3,32334E+14	99 %
			121-CL458	1-CL203	11	5,11581E+13	0	
			123-CL460	1-CL203	11	1,89796E+14	1,20124E+14	80 %
			123-CL460	3-CL53	11	6,96719E+13	0	
124-CL461			3-CL53	11	1,52013E+14	1,52013E+14	80 %	
124-CL461			1-CL203	11	-1,45071E+12	0		
125-CL462		1-CL203	11	1,74239E+14	5,97748E+13	80 %		
125-CL462		3-CL53	11	1,14464E+14	0			
Pai 1-CL203		121-CL458	3-CL53	11	7,50735E+14	7,50735E+14	99 %	
		123-CL460	3-CL53	11	3,12263E+14	3,12263E+14	99 %	
	124-CL461	3-CL53	11	3,93E+14	3,93E+14	99 %		
	125-CL462	3-CL53	11	2,71435E+14	2,71435E+14	99 %		

4.5. Estrutura das populações da bacia do Rio Piracicaba: estatísticas Rho

A estimativa de Rho foi alta na maioria dos *locus* utilizados indicando, como evidenciado em Verdade et al. (2002), que há diferenciação entre estas populações ao nível microgeográfico da amostragem realizada (Tabela 9). Estas diferenças foram significativas a 1 % sob a hipótese da nulidade em todas as comparações par a par entre as populações selvagens da bacia do Rio Piracicaba (Tabela 11) o que é completamente suportado pelas diferenças gênicas e genótípicas encontradas entre pares destas populações (APÊNDICE II). A média de Rho calculada sobre os componentes de variação 0,19106 ($P = 0,00000$), pode ser entendida como moderada se comparada a uma escala geográfica de amostragem, como é o caso dos dados de Glenn et al. (1998), tendo obtido $R_{ST} = 0,387$ para a diferenciação entre as populações da Florida e da

Louisiana de *Alligator mississippiensis*. Considerando a média de Rho (0,19106), o número médio de migrantes por geração Nm de 1,05848 ($P = 0,00000$) e a idade em que o jacaré-de-papo-amarelo atinge sua maturidade sexual, em torno de 10 anos (Verdade & Sarkis, 1998), pode-se concluir que há um certo grau de isolamento entre estas populações, pois de modo geral a cada dez anos um indivíduo migraria entre estas populações.

Tabela 9 - Estatísticas Rho para as populações da Bacia do Rio Piracicaba.

<i>Locus</i>	Média dos alelos	2n	Média da amostra	SA	SW	Rho
<i>Amiμ8</i>	-0,00000	128	30,64583	0,47682	0,74099	0,39154
<i>Amiμ11</i>	-0,00000	128	30,64583	0,13324	0,87612	0,13201
<i>Amiμ13</i>	-0,00000	128	30,64583	0,39149	0,76359	0,33893
<i>Amiμ20</i>	0,00000	122	29,22404	0,16398	0,85608	0,16076
<i>Claiμ2</i>	0,00000	106	24,57862	0,36061	0,74074	0,32742
<i>Claiμ5</i>	-0,00000	126	30,26455	0,02378	1,25472	0,01860
<i>Claiμ6</i>	-0,00000	128	30,64583	0,13089	0,92616	0,12383
<i>Claiμ7</i>	0,00000	128	30,64583	0,17291	0,86752	0,16619
<i>Claiμ8</i>	0,00000	112	25,88095	0,02314	0,84305	0,02671
<i>Claiμ9</i>	-0,00000	128	30,64583	0,25521	0,71451	0,26318
<i>Claiμ10</i>	-0,00000	126	30,26455	0,09751	0,85643	0,10222

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.

A estatística Rho e o Nm tiveram seu intervalo de confiança de 95 % construído com 1000 randomizações e como pode ser observado na Tabela 10, tanto as medidas observadas quanto a média destas estimativas ficaram dentro do intervalo construído.

Tabela 10 - Resultados das estatísticas Rho e Nm calculados sobre os componentes de variação para as populações da Bacia do Rio Piracicaba.

Rho	Rho observado	IC 95 %		Média de Rho	Variância	Erro padrão
		Menor	Maior			
	0,19106	0,1655	0,2711	0,2164	0,00001	0,0034
Nm	Nm observado	IC 95 %		Média de Nm	Variância	Erro padrão
		L	U			
	1,05848	0,6688	1,2604	0,9246	0,00036	0,0189

Obs.: Número de randomizações igual a 1000.

As estatísticas Rho, o número de migrantes por geração e a distância $(\delta\mu)^2$ foram calculados para cada par de populações (Tabela 11). Todas as comparações entre pares destas populações foram significativas ao nível de 1 %, como destacado anteriormente. O fluxo de indivíduos foi inversamente proporcional a Rho, indicando que quanto maior é a diferenciação Rho, menor o número de indivíduos migrantes por geração trocado entre o par de populações testado.

Tabela 11 - Valores de Rho, Nm e $(\delta\mu)^2$ comparando as populações da bacia do Rio Piracicaba par a par.

Pop1	Pop2	Rho (Componentes de variação)	Nm	P	$(\delta\mu)^2$	Distância geográfica
PT	CH	0,12159	1,8061	0,00360**	0,35244	~ 15 Km
CH	DF	0,13854	1,5546	0,00000**	0,31521	~ 150 Km
PA	CH	0,15536	1,3591	0,00050**	0,39641	~ 15 Km
PA	DF	0,15942	1,3182	0,00070**	0,32259	~ 150 Km
PA	PT	0,18888	1,0736	0,00040**	0,49620	~ 15 Km
PT	DF	0,26977	0,6767	0,00000**	0,68523	~ 150 Km

Obs.: Número de permutações igual a 10000.

Os dados da Tabela 12 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 PT e DF, sendo PT e CH o par mais próximo, o que indicaria a variação genética como função da distância geográfica. Entretanto as observações intermediárias mostram que não só a variação genética entre as populações estudadas não segue a distância geográfica entre elas como há variação genética significativa ($p \leq 0,01$) entre as populações mais próximas geograficamente, confirmando a hipótese de variação microgeográfica, como mostra a comparação de (PT e CH), (PA e CH) e (PA e PT), média de Rho igual a 0,15528 e de Nm igual a 1,41293 (Tabela 12). Também há variação significativa em escala geográfica como seria esperado devido a distância entre estas populações, o que pode ser observado pela comparação de (CH e DF), (PA e DF) e (PT e DF) média de Rho igual a 0,18924 e de Nm igual a 1,18317 (Tabela 12). Estes dados indicam que há maior troca de indivíduos entre as populações quando a escala

microgeográfica é considerada, sendo a diferenciação menor comparada a diferenciação entre as populações em escala geográfica.

Tabela 12 – Médias de Rho e Nm considerando a escala de amostragem.

Pop1	Pop2	Rho (Componentes de variação)	Nm	P	$(\delta\mu)^2$	Distância geográfica
Escala microgeográfica						
PT	CH	0,12159	1,80610	0,00360**	0,35244	~ 15 Km
PA	CH	0,15536	1,35910	0,00050**	0,39641	~ 15 Km
PA	PT	0,18888	1,07360	0,00040**	0,49620	~ 15 Km
Média		0,15528	1,41293			
Escala geográfica						
CH	DF	0,13854	1,55460	0,00000**	0,31521	~ 150 Km
PA	DF	0,15942	1,31820	0,00070**	0,32259	~ 150 Km
PT	DF	0,26977	0,67670	0,00000**	0,68523	~ 150 Km
Média		0,18924	1,18317			

Tabela 13 - Resultados das estatísticas Rho e Nm calculados sobre os componentes de variação para as populações da Bacia do Rio Piracicaba.

Pop1	Pop2	Rho observado	IC 95 %		Média de Rho	Variância	Erro padrão
			Menor	Maior			
PA	PT	0,18888	0,1425	0,3119	0,2201	0,00006	0,0080
PA	CH	0,15536	0,1074	0,2896	0,1867	0,00010	0,0102
PA	DF	0,15942	0,1038	0,2878	0,1875	0,00007	0,0082
PT	CH	0,12159	0,0758	0,2298	0,1466	0,00005	0,0071
PT	DF	0,26977	0,2162	0,3644	0,2906	0,00003	0,0058
CH	DF	0,13854	0,0989	0,2361	0,1614	0,00003	0,0059
Pop1	Pop2	Nm observado	IC 95 %		Média de Nm	Variância	Erro padrão
			Menor	Maior			
PA	PT	1,07358	0,5466	1,4933	0,9334	0,00208	0,0456
PA	CH	1,35912	0,6104	2,0695	1,1846	0,00712	0,0844
PA	DF	1,31821	0,6133	2,1533	1,1762	0,00482	0,0695
PT	CH	1,80614	0,8300	3,0395	1,6048	0,01080	0,1039
PT	DF	0,67670	0,4334	0,9010	0,6260	0,00034	0,0184
CH	DF	1,55459	0,8034	2,2326	1,3761	0,00385	0,0620

Obs.: Número de randomizações : 1000

O intervalo de confiança de 95 % para a estimativa das estatísticas Rho e Nm para os pares de populações testadas foi construído com 1000 randomizações e como

pode ser observado na Tabela 13, tanto as medidas observadas quanto a média destas estimativas ficaram dentro do intervalo construído.

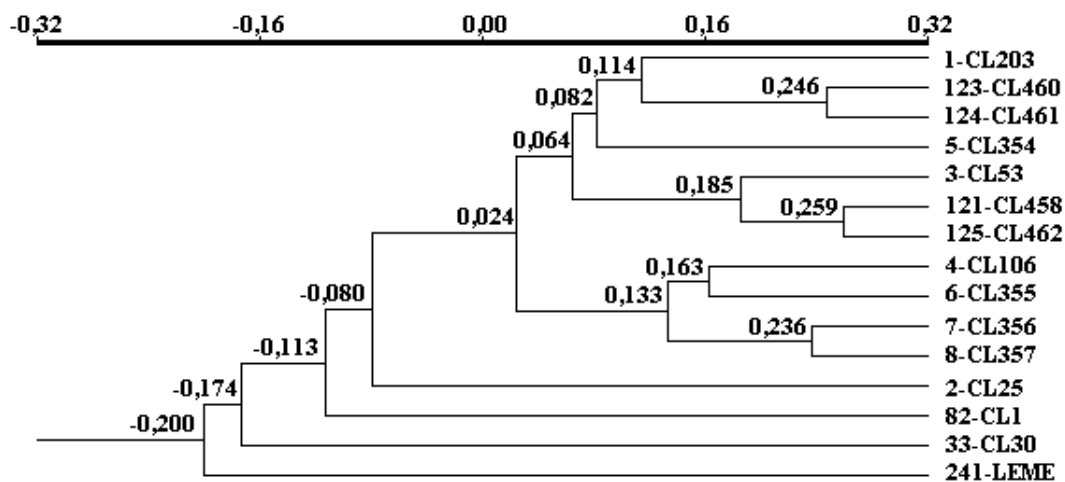
Como previamente discutido em Verdade et al. (2002) o cenário que melhor explica a variação microgeográfica encontrada é o de metapopulações pequenas com pouco fluxo de indivíduos entre elas dificultando o fluxo gênico e fazendo com que as frequências de alelos e de genótipos se diferenciem entre as populações ao longo do tempo, maximizando a divergência. A causa do baixo número de indivíduos migrantes é possivelmente a baixa taxa de natalidade ou alta taxa de mortalidade ou ambas. Para confirmar estas hipóteses, as populações deveriam ser monitoradas ao longo de vários anos para complementar os dados aqui obtidos com observações demográficas.

4.6. Parentesco e agrupamento UPGMA

4.6.1. Cativoiro

O método de agrupamento de indivíduos por UPGMA utilizando o parentesco de Coelho (2001) resultou em fenogramas como o da Figura 8, cujo teste de associação entre a matriz de parentesco e a respectiva matriz cofenética teve índice de determinação $r^2 = 0,91372$, teste de mantel normalizado $t = 4,534$ 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 uni-caudal foi $p(Z \text{ aleatório} \geq Z) = 0,0001$, indicando que a árvore de parentesco construída para os indivíduos do cativoiro: 1-CL203, 2-CL25, 3-CL53, 4-CL106, 33-CL30, 82-CL1, 241-LEME, 5-CL354, 6-CL355, 7-CL356, 8-CL357, 121-CL458, 123-CL460, 124-CL461, 125-CL462 é muito confiável e portanto correspondendo as relações de parentesco entre estes indivíduos estimada pelos genótipos dos microssatélites estudados. Foi possível identificar quatro grupos (a) contendo o 1-CL203, 123-CL460, 124-CL461 e 5-CL354 (0,082), trata-se respectivamente do pai das famílias 1 e 5, dois filhotes da família 5 e um da família 1; (b) 3-CL53, 121-CL458 e 125-CL462 (0,185), respectivamente a mãe

da família 5 e dois de seus filhotes; (c) 4-CL106, 6-CL355, 7-CL356 e 8-CL357 (0,133), respectivamente a mãe da família 1 e três dos seus filhotes e (d) com os indivíduos não aparentados por fora dos outros três grupos. Pode-se destacar ainda que os irmãos completos se agruparam com valor alto de parentesco como o caso do 123-CL460 e 124-CL461 (0,246), 121-CL458 e 125-CL462 (0,259), 7-CL356 e 8-CL357 (0,236). O método aplicado foi mais efetivo em identificar pares de indivíduos irmãos completos, pois em Zucoloto (1998) foi possível apenas diferenciar entre aparentados e não aparentados. Outra vantagem foi a observação direta do nível de parentesco sem a necessidade de calibração do método para a determinação do coeficiente de parentesco a partir de dados de similaridade genética como o empregado em Zucoloto (1998). Isto torna a análise capaz de identificar pares de indivíduos irmãos completos na natureza em uma amostragem de indivíduos com idades muito próximas como a realizada nas populações amostradas na Bacia do Rio Piracicaba, o que impossibilita a dúvida sobre se o parentesco observado é devido a relação de paternidade, maternidade ou outra relação de parentesco originária de diferentes gerações amostradas.



Tests for association:

Matrix correlation: $r = 0,91372$
(= normalized Mantel statistic Z)

Approximate Mantel t-test: $t = 4,566$
Prob. random $Z < \text{obs. } Z$: $p = 1,0000$

Out of 9999 random permutations:
9999 were $< Z$, 0 were $= Z$, and 0 $> Z$
(The observed comparison is not included in these counts.)
The one-tail probability is:
 $p[\text{random } Z \geq \text{observed } Z] = 0,0001$

Figura 8 – Fenograma UPGMA agrupando os indivíduos da colônia em cativeiro da ESALQ amostrados, baseado no parentesco medido pelo método da informação de Coelho (2001).

4.6.2. Selvagens controle

Estabelecendo um modelo consistente de agrupamento de indivíduos através de seu parentesco pelo método como o apresentado acima é possível sugerir que em populações naturais, onde não se tem conhecimento do pedigree, que os indivíduos não aparentados deveriam agrupar-se a níveis baixos de parentesco. Por outro lado irmãos completos e pais com seus filhos teriam nível mais alto de parentesco. Com o modelo construído para jacarés-de-papo-amarelo coletados em locais muito distintos do estado de São Paulo ($r^2 = 0,85461$; $p \leq 0,0001$), com indivíduos originários do Ribeirão Jacu (ANG, 2 indivíduos), Rio Grande (GR, 5 indivíduos), Peruíbe/SP (LTSE, 1 indivíduo), Rio Paraná (PR, 3 indivíduos) e Rio Jacaré-pepira (JP, 4 indivíduos) foi possível identificar agrupamentos de acordo com o local de origem e dentro destes os níveis entre os seus indivíduos. Nota-se que o modelo foi muito semelhante ao descrito acima para indivíduos da colônia em cativeiro, cujo pedigree é conhecido. Os locais de origem foram restabelecidos a partir dos dados, formando os grupos esperados e alguns pares de indivíduos tiveram parentesco alto, comparável ao nível de irmãos completos apresentado na população em cativeiro, como o caso de JP_250-USP725 e JP_251-USP190 (0,235), PR_181-PR1 e PR_182-PR2 (0,357) e de GR_236-USP108 e GR_237-USP109 (0,224), ver Figura 9. Novamente aliado a informações de idade dos indivíduos é possível saber qual é a relação de parentesco entre os indivíduos. A identificação de parentesco entre indivíduos na natureza é muito importante para entender sua estrutura social como destacado por Schwartz & Armitage (1983). Dados como estes poderão aumentar a compreensão da estrutura de populações selvagens do jacaré-de-papo-amarelo, como analisado a seguir para as populações da bacia do Rio Piracicaba.

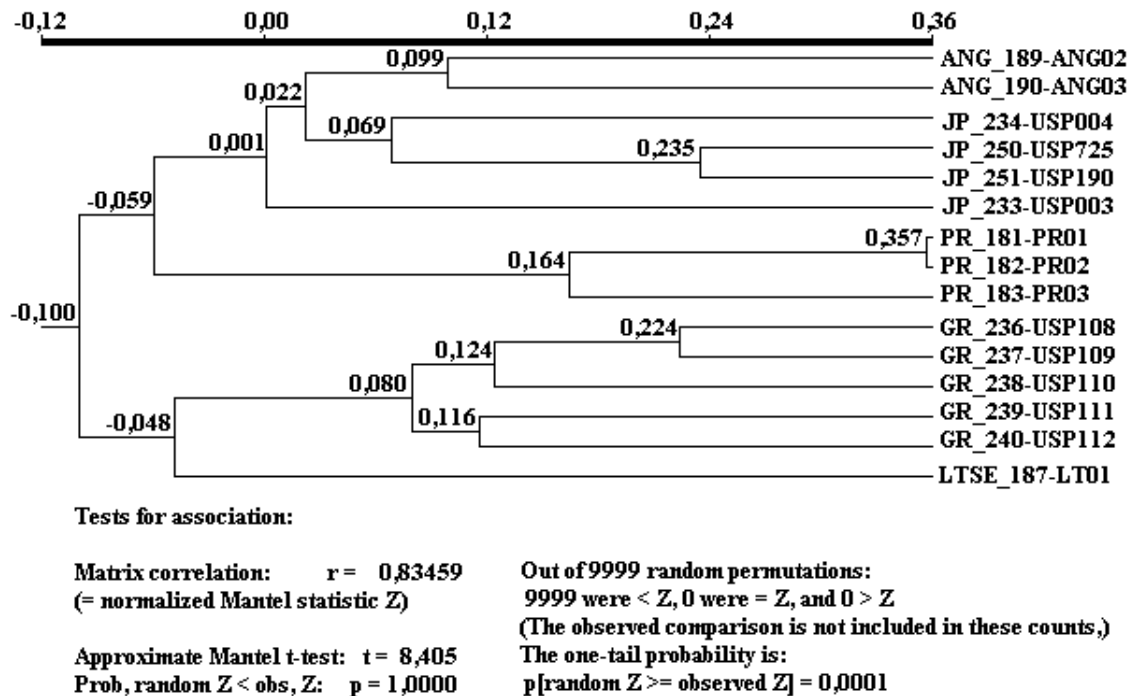


Figura 9 – Fenograma UPGMA agrupando os selvagens controle amostrados, baseado no parentesco medido pelo método da informação de Coelho (2001).

4.6.3. Indivíduos selvagens da bacia do rio Piracicaba

Como consequência das observações anteriores, indivíduos que se apresentam agrupados com elevado nível de parentesco no fenograma devem ser irmãos ou pais e filhos. A população amostrada na bacia do Rio Piracicaba foi constituída de indivíduos com idades muito próximas para que a observação de parentesco alto possa ser interpretado como relações de descendência, portanto os agrupamentos a nível alto de parentesco entre os indivíduos destas populações foi entendido como sendo entre irmãos completos ou meio-irmãos. Quando a ocorrência de parentesco alto aconteceu entre indivíduos de locais de coleta diferentes foi interpretado que houve migração de indivíduos de uma população para a outra. Pode-se observar esta situação no modelo construído para os indivíduos da bacia do rio Piracicaba ($r^2 = 0,81700$; $p \leq 0,0001$), onde VG_160-VG10 agrupou-se com elevado grau de parentesco com PA_151-VG01 e PA_159-VG09 (0,339), PA_154-VG04, PA_156-VG06 e VG_161-VG11 (0,219),

PT_188-VG22 e CH_180-VG18 (0,198), PT_162-VG12, CH_165-VG15, CH_167-VG17 e CH_243-USP702 (0,212) ver Figura 10.

Nota-se ainda na figura que o padrão de agrupamentos por local de origem em geral também ocorreu com as populações da bacia do Rio Piracicaba. Dentro dos grupos de origem formaram-se subgrupos com alto parentesco, indicando que as populações locais são formadas por famílias. A identificação de famílias dentro das populações locais leva a complementação da interpretação da estrutura destas populações pela análise das estatísticas Rho, explicando a variação grande entre as populações pela divergência entre populações com alto nível de parentesco local. A implicação direta para o entendimento da ecologia da espécie é a quantificação do número de indivíduos migrantes e a distância que o jacaré-de-papo-amarelo pode transpor em um movimento de migração. Com os dados apresentados é possível confirmar que o jacaré-de-papo-amarelo pode mover-se por 15 km durante a sua dispersão, entretanto com o aumento do número de marcadores não foram observados indivíduos de *Duraflora* com parentesco alto agrupados com indivíduos de outras populações como observado em Verdade et al. (2002), invalidando a distância anteriormente estimada em 150 km.

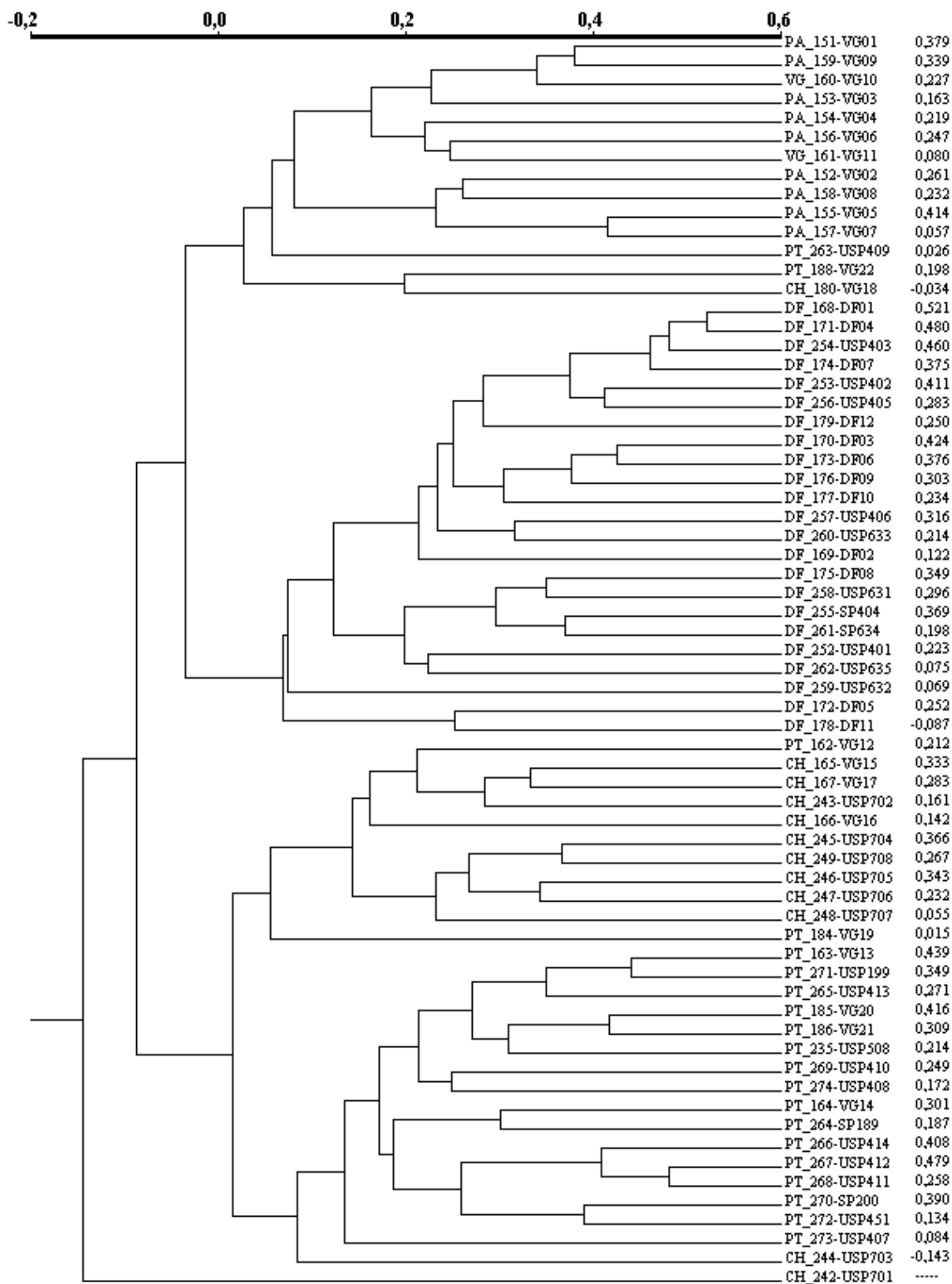


Figura 10 – Fenograma UPGMA agrupando os indivíduos selvagens amostrados da bacia do rio Piracicaba, baseado no parentesco medido pelo método da informação de Coelho (2001).

4.7. Transferência dos marcadores para outras espécies brasileiras de crocodilianos

Os resultados do teste de amplificação dos marcadores desenvolvidos para *Alligator mississippiensis* em Glenn et al. (1998) e dos microssatélites desenvolvidos neste pesquisa, quanto à possibilidade de serem usados para estudos de outras espécies brasileiras de crocodilianos, são apresentados na Tabela 14. Como pode ser observado a maioria dos marcadores testados amplificaram o DNA de *Caiman crocodilus*, *Caiman yacare* e *Paleosuchus palpebrosus*, sendo que as principais exceções foram os marcadores *Clau1*, 4 e 6, que não funcionaram bem com as condições estabelecidas para *Caiman latirostris*. A aplicabilidade destes marcadoras as espécies aqui estudadas, bem como para outras espécies de crocodilianos é promissora, como destacado por Dessauer et al. (2002) e seu uso em estudos de genética de populações e ecologia destas espécies deveria ser estimulado em estudos futuros.

Tabela 14 – Transferência dos marcadores para *Caiman crocodilus*, *Caiman yacare* e *Paleosuchus palpebrosus*.

<i>Locus</i>	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clau1</i>	<i>Clau2</i>	<i>Clau3</i>	<i>Clau4</i>
Cc1	101101	229229	272272	000000	000000	171171	391391	000000
Cc2	101101	229237	252252	000000	000000	171171	331391	000000
Cc3	101101	223229	000000	000000	000000	171171	339339	000000
Cy1	101113	229237	000000	000000	000000	171171	391391	000000
Cy2	101101	229237	000000	000000	000000	173173	333333	000000
Cy3	101113	000000	272276	000000	000000	173173	333333	000000
Pp1	000000	229239	232234	000000	000000	173173	387387	000000
Pp2	000000	223237	232234	000000	000000	173173	387387	000000
Cc	+	+	+	nt	-	+	+	-
Cy	+	+	+/-	nt	-	+	+	-
Pp	-	+	+	nt	-	+	+	-
<i>Locus</i>	<i>Clau5</i>	<i>Clau6</i>	<i>Clau7</i>	<i>Clau8</i>	<i>Clau9</i>	<i>Clau10</i>	<i>Clau12</i>	
Cc1	223235	161171	183183	095095	157163	208212	207207	
Cc2	195199	000000	187187	097109	163165	214216	207207	
Cc3	161201	000000	183213	109109	157163	214216	000000	
Cy1	219243	000000	000000	095095	161165	208212	207207	
Cy2	237243	000000	183183	095095	163165	208212	207207	
Cy3	235249	000000	163163	095095	161165	208212	000000	
Pp1	167167	000000	163163	099099	161161	216222	000000	
Pp2	167167	000000	155160	099099	161161	000000	000000	
Cc	+	+/-	+	+	+	+	+	
Cy	+	-	+	+	+	+	+	
Pp	+	-	+	+	+	+/-	-	

Obs.(+) - Amplificação positiva, (-) – Amplificação negativa, (+/-) – Marcador funcionou para a espécie testada mas falhou em mais de uma amostra, nt – não testado.

5. CONCLUSÕES

- O conjunto de marcadores microssatélites utilizados foi suficiente para validar o método de teste de maternidade, para estudar a diversidade de populações selvagens de jacaré-de-papo-amarelo e para a determinação do coeficiente de parentesco entre indivíduos.
- O teste de maternidade desenvolvido pode ser utilizado para a certificação de matrizes por criadores credenciados pelo programa de conservação e manejo do jacaré-de-papo-amarelo da ESALQ e também para organizar o manejo reprodutivo da colônia em cativeiro da ESALQ.
- A variação microgeográfica encontrada em populações da espécie na bacia do Rio Piracicaba pode ser explicada pela teoria de metapopulações que prevê um cenário de extinções locais e recolonizações justificando a estrutura em famílias encontrada dentro das populações locais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMAVET, P.; MARKARIANI, R.; SIROSKI, P. Caracterización citogenética de *Caiman latirostris* y *Caiman yacare* (Reptilia, Alligatoridae). 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.21-25.
- ARRANZ, J.J.; 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. **Molecular markers**, natural history and evolution. New York: Chapman & Hall, 1994.
- AYRES, K.L. Relatedness testing in subdivided populations. **Forensic Science International**, v.114, p.107-115, 2000.
- BENTZEN, P.; OLSEN, J.B.; MCLEAN, J.E.; SEAMONS, T.R.; QUINN, T.P. Kinship analysis of Pacific Salmon, Insights into mating, homing, and timing of reproduction. **The American Genetic Association**, v.92, p.127-136, 2001.
- BERNARDES, A.T.; MACHADO, A.B.M.; RYLANDS, A.B. **Fauna brasileira ameaçada de extinção**. Brasília: IBAMA, 1990. 65p.
- BINNS, M.M.H.; HOLMES, N.G.; HOLLIMAN, A.; SCOTT, A.M. The identification 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.
- BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.

- BOWLING, A.T.; EGGLESTON-STOTT, M.L.; BYRNS, G.; CLARK, R.S.; DILEANIS, S.; WICTUM, E. Validation of microsatellite markers for routine horse parentage testing. **Animal Genetics**, n.28, p.247-252, 1997.
- BRAZAITIS, P. Identification of crocodilan skins and products. In: WEBB, G.J.; MANOLIS, S.C.; WHITEHEAD, P.J. (Ed.). **Wildlife management, crocodiles and alligators**. Chipping Norton: Surrey Beatty & Sons, 1987. p.373-386.
- BRAZAITIS, P.; MADDEN, R.; AMATO, G.; REBELO, G.; YAMASHITA, C.; WATANABE, M.E. **The South American and Central American caiman (Caiman) complex**. US Fish and Wildlife Service, 1997. 62p. (Special Report).
- BROCKMANN, H.J.; COLSON, T.; POTTS, W. Sperm competition in horseshoe crabs (*Limulus polyphemus*). **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v.35, p.153-160, 1994.
- BRONDANI, R.P.V.; BRONDANI, C.; TARCHINI, R.; GRATTAPAGLIA, D. Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theoretical and Applied Genetics**, v.97, p.816-827, 1998.
- BURGIN, S. Captive breeding. **CBSG Newsletter**, v.12, n.3, p.3-4, 1993.
- BUSTARD, H. Breeding the gharial (*Gavialis gangeticus*), captive breeding, a key conservation strategy for endangered crocodilians. **Symposia of the Zoological Society of London**, v.52, p.385-406, 1984.
- CARLINI-GARCIA, L.A.; VENCOVSKY, R.; COELHO, A.S.G. Método bootstrap aplicados em níveis de reamostragem na estimação de parâmetros genéticos populacionais. **Scientia Agricola**. v.58, n.4, p.785-793, 2001.
- 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.73, n.11, p.3259-3268, 1995.

- COELHO, A.S.G. **Sancho**. Sistema de análise para o cálculo do coeficiente de herdabilidade e outros parâmetros. Goiânia: Departamento de Biologia Geral, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, 2001.
- COELHO, A.S.G. Abordagem bayesiana na análise genética de populações usando dados de marcadores moleculares. Piracicaba, 2002. 76p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- COHEN, M.M.; GANS, C. The chromosomes of the order Crocodylia. **Cytogenetics**, n.9, p.81-105, 1970.
- CONWAY, W.G. An overview of captive propagation. In: SOULÉ, M.E.; WILCOX, B.A. (Ed.) **Conservation biology**, an evolutionary-ecological perspective. Sunderland: Sinauer Assoc., 1980. p.199-208.
- COOPER, S.J.B.; BULL, C.M.; GARDNER, M.G. Characterization of microsatellite *loci* from the socially monogamous lizard *Tiliqua rugosa* using PCR-based isolation technique. **Molecular Ecology**, n.6, p.793-795, 1997.
- COUTINHO, M.E.; CAMPOS, Z. A utilização de populações naturais de jacaré (*Caiman crocodilus yacare*) como mecanismo de conservação do Pantanal. 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.47-59.
- COX, T.S.; KIANG, Y.T.; GORMAN, M.B.; RODGERS, D.M. Relationship between coefficient of parentage and genetic similarity indices in the Soybean. **Crop Science**, v.25, p.529-532, 1985.
- CRAIGHEAD, L.; PAETKAU, D.; REYNOLDS, H.V.; VYSE, E.R.; STROBEK, C. Microsatellite analysis of paternity and reproduction in Arctic Grizzly Bears. **Journal of Heredity**, v.86, p.255-261, 1995.

- DA SILVEIRA, R. Conservação e manejo de jacaré-açu (*Melanosuchus niger*) na Amazonia brasileira. 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.61-78.
- DA SILVEIRA, R.; MAGNUSSON, W.E.; CAMPOS, Z. Monitoring the distribution, abundance and breeding areas of *Caiman crocodilus crocodilus* and *Melanosuchus niger* in the Anavilhanas Archipelago, Central Amazonia, Brazil. **Journal of Herpetology**, v.31, n.4, p.514-520, 1997.
- DAVIS, L.M.; GLENN, T.C.; ELSEY, R.M.; DESSAUERS, H.C.; SAWYER, R.H. Multiple paternity and mating patterns in the american alligator, *Alligator mississippiensis*. **Molecular Ecology**, n.10, p.1011-1024, 2001a.
- DAVIS, L.M.; GLENN, T.C.; ELSEY, R.M.; BRISBIN JUNIOR, 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.) **Crocodylian biology and evolution**. Chipping Norton: Surrey Beatty & Sons, 2001b. p.38-50.
- DAWSON, R.J.G.; GIBBS, H.L.; ROBSON, K.A.; STEPHEN, M. Isolation of microsatellite DNA markers from a passerine bird, *Dendroica petechia* (the yellow warbler), and their use in population studies. **Heredity**, v.79, p.506-514, 1997.
- 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 Crocodylia and Chelonia. **Genome**, v.34, p.472-476, 1991.
- DENSMORE III, L.D. Biochemical and immunological systematics of the order Crocodylia. In: HECHT, M.K.; WALLACE, B.; PRANCE, G.T. (Ed.) **Evolutionary biology**. New York: Plenum, 1983. v.15, p.397-465.
- DENSMORE III, L.D.; OWEN, R.D. Molecular systematics of the order Crocodylia. **American Zoology**, v.29, p.831-841, 1989.

- DESSAUER, H.C.; GLENN, T.C.; DENSMORE, L.D. Studies on the Molecular Evolution of the Crocodylia: Footprints in the Sands of Time. **Journal of Experimental Zoology**, v.294, n.4, p.302–311, 2002.
- DIEFENBACH, C.O.C. Ampullarid gastropod - 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 deferentes. 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.
- DRUMMOND, J.T.; LI, G.; LONGLEY, M.J.; MODRICH, P. Isolation of an hMSH20-p160 heterodimer that restores DNA mismatch repair to tumor cells. **Science**, v.268, p.1909-1912, 1995.
- ENGLAND, P.R.; BRISCOE, D.A.; FRANKHAM, R. Microsatellite polymorphisms in a wild population of *Drosophila melanogaster*. **Genetical Research**, v.67, p.285-290, 1996.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: EMBRAPA, CENARGEN, 1995. 220p.
- FINCATTI, C.R.; VERDADE, L.M. Variação térmica microclimática em estufa plástica e sua aplicação 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 tools for population genetics, mating system studies and forensics. In: GRIGG, G.; SEEBACHER, F.; FRANKLIN, C.E. (Ed.) **Crocodylian biology and evolution**. Chipping Norton: Surrey Beatty and Sons, 2001. p.51-57.

- FORSTNER, M.R.J.; FORSTNER, J.M. La utilidad del AND en la conservación de los Crocodylia. 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.99-117.
- FREDHOLM, M.; WINTERO, A.K. Efficient resolution of parentage in dogs by amplification of microsatellite. **Animal Genetics**, v.27, p.19-23, 1996.
- GALBRAITH, D.A.; BRAD, N.W.; BROOKS, R.J.; BOAG P.T. Multiple paternity in clutches of snapping turtles (*Chelydra serpentina*) detected using DNA fingerprinting. **Canadian Journal of Zoology**, v.71, p.318-324, 1993.
- GARCIA, P.B.; MATUSHIMA, E.R.; RAMOS, M.C.C.; DIAS, J.L.C.; VERDADE, L.M. Variações sazonais do padrão hematológico de jacarés-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), em uma pequena população natural do Estado de São Paulo. In: WORKSHOP SOBRE CONSERVAÇÃO E MANEJO DO JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO, 3., Piracicaba, 1993. **Anais**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. p.51-60.
- 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. Genetic bottlenecks in long-lived vertebrates, Mitochondrial and microsatellite variation in American Alligators and Whooping cranes. College Park, 1997. Thesis (PhD) - University of Mariland.
- GLENN, T.C.; DESSAUER, H.C.; BRAUN, M.J. Characterization of microsatellite DNA loci in american alligators. **Copeia**, p.591-601, 1998.
- GLENN, T.C.; 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 collection of computer programs for calculating unbiased estimates of genetic differentiation and determining their significance for microsatellite data. **Molecular Ecology**, v.6, p.881-885, 1997.
- GRIST, S.A.; FIRGAIRA, F.A.; MORLEY, A.A. Dinucleotide repeat polymorphisms isolated by polymerase chain reaction. **Biotechniques**, v.15, n.2, p.304-310, 1993.
- GROOMBRIDGE, B. The distribution and status of world crocodilians. In: WEBB G.J.; MANOLIS, S.C.; WHITEHEAD P.J. (Ed.). **Wildlife management: crocodiles and alligators**. Chipping Norton: Surrey Beatty & Sons, 1987. p.9-21.
- HANSKI, I.A.; GILPIN, M.E. (Ed.) **Metapopulation biology: ecology, genetics, and evolution**. San Diego: Academic Press, 1998.
- HASS, C.A.; HOFFMAN, M.A.; DENSMORE III, L.D.; MAXSON, L.R. Crocodilian evolution: insights from immunological data. **Molecular Phylogenetic and Evolution**, v.1, n.3, p.193-201, 1992.
- HOEZEL, A.R. **Molecular genetic analysis of populations**. Oxford: IRL Press, 1992.
- HOULDEN, B.A.; ENGLAND, P.; SHERWIN, W.B. 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 management: crocodiles and alligators**. Chipping Norton, Australia: Surrey Beatty & Sons Pty Lim. p.243-247, 1987.
- JEFFREYS, A.J.; BROOKFIELD, J.F.Y.; SEMEONOFF, R. Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. **Nature**, v.317, p.818-819, 1985a.

- JEFFREYS, A.J.; WILSON., V.; THEIN, S.L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. **Nature**, v.316, p.76-79, 1985b.
- KING, F.W.; BRAZAITIS, P. Species identification of commercial crocodilians skins. **Zoológica**, v.56, n.2, p.15-70, 1971.
- KING, F.W.; BURKE, R.L. **Crocodylian, tuatara, and turtle species of the world**. Washington: Association of Systematics Collections, 1989. 216p.
- KING, M.; HONEYCUTT, R.; CONTRERAS, N. Chromosomal repatterning in crocodiles: C, G and N-banding and the in situ hybridization of 18S and 26S rRNA cistrons. **Genetica**, v.70, p.191-201, 1986.
- KODAK 1D DIGITAL SCIENCE. **Scientific Imaging System**. New Haven: Estman Kodak Company, 1999. v.3.0.2
- LANG, J.W.; AGGARWAL, R.K.; MAJUNDAR, K.C.; SINGH, L. Individualization and estimation of relatedness in crocodilians by DNA fingerprinting with a Bkm-derived probe. **Molecular and General Genetics**, v.238, p.49-58, 1993.
- LARRIERA, A. La conservación y el manejo de *Caiman latirostris* en Santa Fé, Argentina. In: WORKSHOP SOBRE CONSERVAÇÃO E MANEJO DO JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO, 3., Piracicaba, 1993. **Anais**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. p.61-69.
- LENCH, N.J.; NORRIS, A.; BAILEY, A.; BOOTH, A.; MARKHAM, A.F. Vectorette PCR isolation of microsatellite repeat sequences using anchored dinucleotide repeat primers. **Nucleic Acids Research**, v.24, n.11, p.2190-2191, 1996.
- LEVINSON, G.; GUTMAN, G.A. Slipped-strand mispairing, a major mechanism for DNA sequence evolution. **Molecular Biology and Evolution**, n.4, p.203-221, 1987.

- LIFJELD, J.T.; SLAGSVOLD, T.; ELLEGREN, H. Experimental mate switching in Pied Flycatchers, male copulatory access and fertilization success. **Animal Behaviour**, v.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 crocodylians. **Wildlife Society Bulletin**, n.12, p.194-197, 1984.
- MARSHALL, T.C.; SLATE, J.; KRUK, L.; PEMBERTON, J.M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**, n.7, p.639-655, 1998.
- MELO, M.T.Q. Dieta do *Caiman latirostris* no sul do Brasil. 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.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**, v.143, p.1713-1725, 1996.
- MOLINA, F.B.; SAJDAK, R.A. Observações sobre a preferência térmica e o comportamento de termorregulação na jacaré-de-papo-amarelo, *Caiman latirostris*, em cativeiro: variações ontogenéticas e algumas comparações com outras espécies de jacarés neotropicais. In: WORKSHOP SOBRE CONSERVAÇÃO E MANEJO DO JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO, 3., Piracicaba, 1993. **Anais**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. 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 heterologous PCR primer pairs in closely related species. **Genomics**, v.10, p.654-660, 1991.
- MULLIS, K.; FALOONA, F. Specific synthesis of DNA *in vitro* via a Polymerase catalysed chain reaction. **Methods of Enzymology**, v.55, p.335-350, 1987.
- ODUM, E.P. **Ecologia**. Rio de Janeiro: Guanabara, 1988. 434p.
- OLSEN, J.B.; BUSACK, C.; BRITT, J.; BENTZEN, P. The aunt and uncle effect: An empirical evaluation of the confounding influence of all sibs of parents on pedigree reconstruction. **The American Genetic Association**, v.92, p.243-247, 2001.
- OLSON, G.A.; HESSLER, J.R.; FAITH, R.E. Technics for blood collection and intravascular infusion of reptiles. **Laboratory Animal Science**, v.25, n.6, p.783-786, 1975.
- OSTRANDER, E.A.; JONG, P.M.; RINE J.; DUYK, G. Construction of small-insert genomic DNA libraries highly enriched for microsatellite repeat sequences. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, v.89, p.3419-3423, 1992.
- PALO, J.; VARVIO, S.; HANSKI, I.; VÄINÖLÄ, R. Developing microsatellite markers for insect population structure, complex variation in Checkerspot Butterfly. **Hereditas**, v.123, p.295-300, 1995.
- PARKER, P.G.; WHITEMAN, H.H. Genetic diversity in fragmented populations of *Clemmys guttata* and *Chrysemys picta marginata* as shown by DNA fingerprinting. **Copeia**, p.841-846, 1993.
- PIHKANEN, S.; VÄINÖLÄ, R.; VARVIO, S. Characterizing dog breed differentiation with microsatellite markers. **Animal Genetics**, v.27, p.343-346, 1996.

- PIÑA, C.; IMHOF, A.; FRUTOS, N.; MEDINA, M.; LARRIERA, A. Tamaño de postura y medidas de huevos de *Caiman latirostris* en las Provincias de Santa Fe y Entre Ríos. 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.127-134.
- PINHEIRO, M.S.; 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.
- QUELLER, D.C.; STRASSMANN, J.E.; HUGHES, C.R. 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. Estimators for pairwise relatedness and inbreeding coefficients. **Genetic Research**, v.67, p.175-186, 1996.
- ROHLF, F.J. **NTSYS-pc 1.70**, numerical taxonomy and multivariate analysis system. Setauket: Applied Biostatistics Inc., 1992.
- RON, M.; BLANC, Y.; BAND, M.; EZRA, E.; WELLER, J.I. 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, K.G. Molecular ecology of social behaviour: analyses of breeding systems and genetic structure. **Molecular Ecology**, n.10, p.365-284, 2001.
- ROZEN, S. PRIMER3. Whitehead Institute/Mit Center For Genome Research. <http://www-genome.wi.mit.edu/cgi-bin/primer/primer3www.cgi>, 2000.
- SAIKI, R.K.; GELFAND, D.H.; STOEFFEL, S.; SHCARF, S.J.; HIGUSHI, G.; HORN, G.T.; MULLIS, K.B.; ERLICH, H.A. Primer directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Science**, v.239, p.487-491, 1988.
- SAINO, N.; PRIMMER, C.R.; ELLEGREN, H.; MOLLER, A.P. An experimental study of paternity and tail ornamentation in the Barn Swallow (*Hirunda rustica*). **Evolution**, v.2, n.51, p.562-570, 1997.
- SAMBROOK, J.E.; FRITSCH, E.F.; MANIATIS, T. **Molecular cloning: a laboratory manual**. 2.ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- SARKIS-GONÇALVES, F.; BÓSCOLO, F.N.; CASTRO, A.M.V.; VERDADE, L.M. Influência da dieta na formação de osteodermos em filhotes de jacarés-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) em cativeiro. 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.157-165.
- SARKIS-GONÇALVES, F.; MIRANDA-VILELA, M.P.; Basetti, L.A.B.; VERDADE, L.M. 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.
- 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.
- SCHWARTZ, O.A.; ARMITAGE, K.B. Problems in the use of genetic similarity to show relatedness. **Evolution**, v.2, n.37, p.417-420, 1983.

- SHOEMAKER, J.S.; PAITER, I.S.; WEIR, B.S. Bayesian statistics in genetics: a guide for the uninitiated. **Trends in Genetics**, v.15, n.9, p.354-357, 1999.
- SLATKIN, M. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. **Genetics**, v.139, p.457-462, 1995.
- 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.
- SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973.
- STRAND, M.T.; PROLLA, A.; LISKAY, R.M.; PETES, T.D. Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. **Nature**, v.365, p.274-276, 1993.
- TARSITANO, A.F.; FREY, E.; RIESS, J. The evolution of the crocodilia: A conflict between morphological and biochemical data. **American Zoologist**, v.29, p.843-856, 1989.
- TAUTZ, D.; SCHLÖTTERER, C. Simple sequences. **Current Opinion in Genetics Development**, v.4, p.832-837, 1994.
- TEGELSTRÖM, H.; HÖGGREN, M. Paternity determination in the adder (*Vipera berrus*), DNA fingerprinting or random amplified polymorphic DNA? **Biochemical Genetics**, v.32, p.249-256, 1994.
- TIRADO, G.; LEWIS, A.R. Use of RAPD-PCR for parentage analysis in the teiid lizard *Ameiva exsul*. **Journal of Herpetology**, v.31, n.3, p.436-440, 1997.
- 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, 11., Gland, 1992. **Proceedings**. Gland: IUCN - The World Conservation Union, 1992, p. 176-183.

- VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the animal sciences**. New York: Freeman and Company, 1987. 391p.
- VANZOLINI, P.E. Répteis e anfíbios ameaçados de extinção no Brasil. In: ACADEMIA BRASILEIRA DE CIÊNCIAS. **Espécies da fauna brasileira ameaçadas de extinção**. Rio de Janeiro, 1972. p.155-157.
- VERDADE, L.M. Manejo reprodutivo do jacaré-de-papo-amarelo, *Caiman latirostris* (Daudin 1802), em cativeiro. Piracicaba, 1992. 63p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- VERDADE, L.M. Morphometric analysis of the Broad-Snouted Caiman (*Caiman latirostris*), an assessment of individuals' clutch, body size, sex, age and area of origin. Gainesville, 1997a. Thesis (PhD) - University of Florida.
- VERDADE, L.M. Manejo e conservação do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) no Estado de São Paulo. In: VALLADARES-PADUA, C.; BODMER, R.E.; CULLEN JUNIOR, L. (Ed.). **Manejo e conservação de vida silvestre no Brasil**. Brasília: CNPq, 1997b. p.222-232.
- VERDADE, L.M. *Caiman latirostris*. In: ROSS, J.P. (Ed.). **Crocodile status survey and conservation action plan**. Gland: IUCN; The World Conservation Union, 1998.
- VERDADE, L.M. *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.; KASSOUF-PERINA, S. (Ed.). **Studbook regional do Jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), 1992/1993.** Sorocaba: Sociedade de Zoológicos do Brasil, 1993.
- VERDADE, L.M.; MOLINA, F.B. (Ed.). **Studbook regional do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*),** Junho 1991 - Junho de 1992. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993.
- VERDADE, L.M.; SANTIAGO, M.E. (Ed.). **Studbook regional do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*).** Piracicaba: CIZBAS/ESALQ/USP, 1991.
- VERDADE, L.M.; SARKIS, F. Age at first reproduction in captive *Caiman latirostris* (Broad-snouted Caiman). **Herpetological Review**, v.29, n.4, p.2, 1998.
- VERDADE, L.M.; LAVORENTI, A.; PACKER, I.U. Manejo reprodutivo do jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) em cativeiro. In: WORKSHOP SOBRE CONSERVAÇÃO E MANEJO DO JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO, 3., Piracicaba, 1993. **Anais.** Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. p.143-151.
- 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.
- VERDADE, L.M.; LAVORENTI, A.; MICHELOTTI, F.; RANGEL, M.C.; CULLEN, L.; ERNANDES, M.M. Preliminary notes on nesting biology of the broad-nosed caiman (*Caiman latirostris*) in Sao Paulo, Brazil. In: WORK. MEET. CROC. SPEC. GROUP/SSC/IUCN, 11., Gland, 1992. **Proceedings.** Gland: IUCN - The World Conservation Union, 1992, p.226-232.
- VERNON, B. Captive breeding of crocodylians. **CSG Newsletter**, v.2, n.12, p.2-3, 1993.
- 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**, v.142, p.1237-1247, 1996.

- VICTOR, M.A.M. **A devastação florestal**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1975.
- 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*. **Journal of Heredity**, v.2, n.87, p.152-155, 1995.
- WAJNTAL, A.; MIYAKI, C.Y.; MENCK, C.F.M.; KAWAL, N. Usando técnicas de DNA para preservar aves em extinção. **Ciência Hoje**, v.111, n.19, p.30-38, 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: Surrey Beatty & Sons Pty Lim, 1987. p.249-252.
- WEBER, J.L. Informativeness of humam (dC-dA)_n-(dG-dT)_n polymorphisms. **Genomics**, v.7, p.524-530, 1990.
- WEIR, B.S. **Genetic data analysis II**. Massachusetts: Sinauer Inc., 1996. 445p.
- WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, v.38, p.1358-1370, 1984.
- WU, K.; JONES, R.; DANNENBERGER, L.; SCOLNIK, P.A. Detection of microsatellite polymorphisms without cloning. **Nucleic Acids Research**, v.22, n.15, p.3257-3258, 1994.
- YAMASHITA, C.; BRAZAITIS, P.; REBELO, G. The crocodilians of Brazil and the identification of the species. In: WORKSHOP SOBRE CONSERVAÇÃO E MANEJO DO JACARÉ-DE-PAPO-AMARELO, 3., Piracicaba, 1993. **Anais**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. p.207-220.

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. 78p. Dissertação (Mestrado) – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, 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.

APÊNDICE 1 – Genótipos de todos os indivíduos amostrados em formato de três dígitos para cada alelo.

ID	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clau2</i>	<i>Clau5</i>	<i>Clau6</i>	<i>Clau7</i>	<i>Clau8</i>	<i>Clau9</i>	<i>Clau10</i>
1-CL203	115115	229237	264270	126152	203205	165211	227227	181215	111117	161165	218222
2-CL25	115117	229237	264270	126154	195231	165223	155167	181215	115117	165165	222222
3-CL53	115117	229237	268268	126126	203203	171179	159159	215249	101117	165177	222222
4-CL106	115117	229237	240268	126126	203203	167169	223227	215215	109133	161177	226232
33-CL30	115117	229237	260260	144162	000000	157169	223223	181203	111125	161165	224224
82-CL1	115115	229237	254258	124132	195205	171187	155227	215215	119139	177177	216222
241-LEME	115115	235235	266272	144158	211245	169219	159159	239243	119135	161165	222222
5-CL354	115115	229237	268270	126126	203205	169211	223227	181215	109117	161165	222226
6-CL355	115117	229237	240264	126152	203203	165169	223227	181215	111133	161177	222232
7-CL356	115117	229237	264268	126126	203205	169211	227227	181215	111133	161177	222232
8-CL357	115117	229237	264268	126126	203205	169211	227227	215215	111133	161177	218226
121-CL458	115115	229237	264268	126126	203203	179211	159227	181249	101117	161177	218222
123-CL460	115117	229237	270270	126152	203205	171211	159227	215215	101111	161165	222222
124-CL461	115117	229237	270270	126126	203205	171211	159227	215249	111117	161177	222222
125-CL462	115115	229237	264264	126126	203203	179211	159227	215249	111117	161165	218222
151-VG01	115115	229235	272272	126130	203203	167199	159223	181243	123125	161165	224228
152-VG02	115115	229235	264272	124158	203203	167187	223227	223227	109125	161165	222246
153-VG03	115115	227235	272272	126144	203203	167169	223227	243245	000000	161165	222228
154-VG04	115115	227235	264272	126144	195195	167169	159159	215243	123125	161165	228246
155-VG05	115115	229235	272272	124124	195201	167187	227227	203215	109125	161165	216222
156-VG06	117117	227235	264272	124144	203203	167169	159159	215245	123125	161165	228246
157-VG07	115115	227235	272272	124124	201201	167169	223227	215215	109125	161165	222246
158-VG08	117117	229235	264272	124124	203203	169187	223227	215243	109125	161165	222222
159-VG09	115115	229235	272272	116130	203203	167199	223223	203243	123125	161165	222228
160-VG10	115115	229229	272272	116126	203203	175199	159159	181243	123125	161165	226228
161-VG11	115115	227235	254272	116124	203203	167169	159159	203239	123125	161165	226228
162-VG12	115115	235235	260264	156156	205241	175175	223223	203243	125235	161165	222246
163-VG13	117117	229229	254254	144156	203203	167175	223223	203243	101125	161177	244246
164-VG14	117117	229229	260260	126144	203203	167175	159225	203243	101101	161165	222246
184-VG19	117117	229237	254260	124124	205205	165165	223223	181181	115125	161177	222246
185-VG20	117117	229235	254254	156156	203203	175175	159225	203243	101101	161165	244246
186-VG21	115117	237237	254254	126156	203203	175175	223223	203243	101101	161177	244246
188-VG22	115115	229237	262262	144146	203203	167199	159227	243247	119125	161177	216250
235-USP508	117117	223229	228254	156156	241241	175175	225225	203243	101135	161177	244246
263-USP409	115117	229229	254272	158158	195195	167167	159225	243247	123125	165165	222246
264-USP189	115117	229235	254260	126144	203203	167173	225225	203203	101125	161163	222256
265-USP413	115117	229229	254272	126144	205241	167175	223223	203243	101125	161165	244246
266-USP414	117117	229229	254272	144156	203203	167175	223223	203243	133133	161165	242246
267-USP412	117117	229235	254272	106108	203203	167175	225225	203203	133133	161161	242246

APÊNDICE 1 – Continuação.

ID	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clajμ2</i>	<i>Clajμ5</i>	<i>Clajμ6</i>	<i>Clajμ7</i>	<i>Clajμ8</i>	<i>Clajμ9</i>	<i>Clajμ10</i>
268-USP411	117117	223235	254272	156156	203203	175175	225225	203243	133133	161165	242244
269-USP410	115117	229235	254260	126126	205241	167175	225225	203243	101125	161161	244246
270-USP200	117117	235235	254260	126156	203203	161175	225225	203243	125135	161163	242246
271-USP199	117117	229229	254254	000000	205241	167175	223223	203203	101125	161163	244246
272-USP451	115117	235235	260264	156156	203203	175175	225225	203203	125135	161161	244248
273-USP407	115117	229235	260272	126144	203205	167175	223223	203243	133135	161161	246250
274-USP408	115117	229235	254272	144144	205241	167175	159225	203243	101125	161165	244246
165-VG15	115117	235235	264270	126126	205205	175175	223223	181215	115125	161165	222250
166-VG16	115117	227235	272272	126158	195205	175175	159225	203215	115135	161161	222250
167-VG17	115117	235235	264272	128156	205205	175175	159223	181215	101125	161161	222250
180-VG18	115115	227237	264264	128144	203203	167199	159223	181215	119125	161177	222250
242-USP701	117117	235243	264264	130152	199199	163167	155161	181239	111121	165165	224252
243-USP702	115117	235235	266268	126156	205205	175175	159225	203215	101125	161177	222250
244-USP703	117117	227235	262262	156158	203203	169175	223223	181243	101135	161165	222246
245-USP704	117117	237237	228266	156156	195205	175175	159159	181181	101135	161177	222222
246-USP705	115115	237237	250272	126126	205205	175175	159225	181215	125135	161165	224250
247-USP706	115115	237237	250272	126140	195205	175175	159223	181181	101125	161177	222250
248-USP707	117117	237237	250272	000000	195195	175175	223223	203215	101135	161177	222250
249-USP708	115115	237237	266270	126156	205205	175175	159225	181203	101135	161177	222250
168-DF01	115115	227235	268268	126126	195195	171171	159223	215215	109125	177179	228256
169-DF02	115115	227235	262268	128154	195195	167171	223223	215215	109119	161165	254258
170-DF03	115115	227235	268268	124124	195195	167167	159223	181215	109125	161165	254256
171-DF04	115115	227235	268268	126126	195195	171171	223223	215215	109109	161165	228256
172-DF05	115115	229235	264264	152164	199205	171179	155223	215243	117119	161165	216256
173-DF06	115115	227235	268268	124124	195195	167167	159223	181215	123125	177179	222256
174-DF07	115115	229237	268268	126126	195195	171171	223223	215215	109125	161165	224228
175-DF08	115115	229237	266266	126126	195195	167171	159159	181215	109109	177177	220222
176-DF09	115115	229237	268268	124124	195195	167171	159223	215215	123125	165179	222256
177-DF10	115115	229237	268268	126152	195195	167167	159159	215215	109125	161165	254256
178-DF11	115115	231237	268268	128164	195205	171179	155155	215215	109119	161165	216256
179-DF12	115115	229237	268268	126128	195195	167171	223223	213213	109125	161165	222256
252-USP401	115115	229237	268272	126126	195201	171171	155223	181181	119125	177179	216222
253-USP402	115115	229237	268268	000000	195195	167171	223223	215215	119125	177179	228256
254-USP403	115115	229237	268268	126126	195195	171171	219219	215215	109109	177179	228256
255-USP404	115115	229237	268272	126126	195201	171179	159223	181245	109109	177179	216222
256-USP405	115115	229237	268268	124126	195195	167171	223223	215215	109119	161165	254256
257-USP406	115115	229237	262268	124152	195195	167167	223223	181215	109125	177179	228256
258-USP631	115115	229237	266270	126126	195205	171179	159159	215215	109109	161165	216256
259-USP632	115117	235235	268270	126152	195201	000000	159159	215243	109119	161165	216222

APÊNDICE 1 – Continuação.

ID	<i>Amiμ8</i>	<i>Amiμ11</i>	<i>Amiμ13</i>	<i>Amiμ20</i>	<i>Clajμ2</i>	<i>Clajμ5</i>	<i>Clajμ6</i>	<i>Clajμ7</i>	<i>Clajμ8</i>	<i>Clajμ9</i>	<i>Clajμ10</i>
260-USP633	115115	229237	266268	152152	195195	167171	155223	215239	109109	177179	216256
261-USP634	115115	229237	264270	126126	195201	171179	159159	181243	109109	177179	216256
262-USP635	115115	237237	266268	120130	195201	167179	159159	181181	119125	177179	216256
189-ANG02	115115	229235	270270	000000	195207	193195	165223	215215	109135	177177	220222
190-ANG03	115115	229237	268270	000000	199203	167171	159227	215215	109125	165177	222228
181-PR01	115115	229237	266270	152152	199239	161171	155159	203203	111133	165165	216218
182-PR02	115115	229237	264264	152152	199239	171171	155159	203203	111111	161165	222224
183-PR03	115115	229237	264264	152152	195195	161171	157157	205205	131133	165165	220222
236-USP108	115115	227235	262262	110156	195201	193195	159159	181203	113125	161177	222222
237-USP109	115115	227235	262262	130156	201205	195247	159227	181181	101119	161177	222250
238-USP110	115117	227235	260262	130146	201201	169169	159223	181181	119135	163177	222250
239-USP111	115115	227235	228250	130130	201201	215217	159159	181215	101125	175177	214216
240-USP112	115115	239249	228250	130156	201205	187247	159227	181181	113125	161177	224250
233-USP003	115115	227235	262264	124150	201217	171241	227227	215243	109109	161165	222224
234-USP004	115115	227235	254272	126126	205205	165169	223223	215215	119125	161165	222222
250-USP725	115115	229237	264272	124158	195195	167167	219219	203215	119125	161161	222248
251-USP190	115115	229237	254272	124124	195205	167167	155227	215215	109125	161165	222250
187-LTSE	115115	231237	242254	120126	243243	151167	159159	181181	107125	161165	226272

APÊNDICE 2 - Diferenciação gênica e genotípica entre as populações estudadas.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Ami</i> μ 8	ANG	CH	0,11140	0,00176	<i>Ami</i> μ 8	ANG	CH	0,23283	0,00280
<i>Ami</i> μ 11	ANG	CH	0,04672*	0,00216	<i>Ami</i> μ 11	ANG	CH	0,05517	0,00237
<i>Ami</i> μ 13	ANG	CH	0,04819*	0,00263	<i>Ami</i> μ 13	ANG	CH	0,17209	0,00478
<i>Ami</i> μ 20	ANG	CH	Missing	data	<i>Ami</i> μ 20	ANG	CH	Missing	data
<i>Cl</i> μ 2	ANG	CH	0,04038*	0,00224	<i>Cl</i> μ 2	ANG	CH	0,13531	0,00412
<i>Cl</i> μ 5	ANG	CH	0,00696**	0,00158	<i>Cl</i> μ 5	ANG	CH	0,07091	0,00393
<i>Cl</i> μ 6	ANG	CH	0,11266	0,00421	<i>Cl</i> μ 6	ANG	CH	0,19766	0,00460
<i>Cl</i> μ 7	ANG	CH	0,17200	0,00372	<i>Cl</i> μ 7	ANG	CH	0,08202	0,00297
<i>Cl</i> μ 8	ANG	CH	0,14548	0,00475	<i>Cl</i> μ 8	ANG	CH	0,17344	0,00431
<i>Cl</i> μ 9	ANG	CH	0,04995*	0,00162	<i>Cl</i> μ 9	ANG	CH	0,06511	0,00236
<i>Cl</i> μ 10	ANG	CH	0,07585	0,00344	<i>Cl</i> μ 10	ANG	CH	0,07320	0,00361
<i>Ami</i> μ 8	ANG	DF	1,00000	0,00000	<i>Ami</i> μ 8	ANG	DF	1,00000	0,00000
<i>Ami</i> μ 11	ANG	DF	0,89902	0,00269	<i>Ami</i> μ 11	ANG	DF	0,74458	0,00580
<i>Ami</i> μ 13	ANG	DF	0,04122*	0,00262	<i>Ami</i> μ 13	ANG	DF	0,07029	0,00378
<i>Ami</i> μ 20	ANG	DF	Missing	data	<i>Ami</i> μ 20	ANG	DF	Missing	data
<i>Cl</i> μ 2	ANG	DF	0,00374**	0,00087	<i>Cl</i> μ 2	ANG	DF	0,00607**	0,00073
<i>Cl</i> μ 5	ANG	DF	0,01249*	0,00118	<i>Cl</i> μ 5	ANG	DF	0,08101	0,00291
<i>Cl</i> μ 6	ANG	DF	0,02409*	0,00206	<i>Cl</i> μ 6	ANG	DF	0,10236	0,00403
<i>Cl</i> μ 7	ANG	DF	0,76019	0,00611	<i>Cl</i> μ 7	ANG	DF	0,64524	0,00714
<i>Cl</i> μ 8	ANG	DF	0,21981	0,00550	<i>Cl</i> μ 8	ANG	DF	0,15760	0,00455
<i>Cl</i> μ 9	ANG	DF	0,27794	0,00346	<i>Cl</i> μ 9	ANG	DF	0,25275	0,00558
<i>Cl</i> μ 10	ANG	DF	0,09737	0,00430	<i>Cl</i> μ 10	ANG	DF	0,11060	0,00387
<i>Ami</i> μ 8	ANG	Fm1	0,49032	0,00161	<i>Ami</i> μ 8	ANG	Fm1	0,20013	0,00209
<i>Ami</i> μ 11	ANG	Fm1	0,49352	0,00332	<i>Ami</i> μ 11	ANG	Fm1	0,33694	0,00199
<i>Ami</i> μ 13	ANG	Fm1	0,19927	0,00318	<i>Ami</i> μ 13	ANG	Fm1	0,27056	0,00255
<i>Ami</i> μ 20	ANG	Fm1	Missing	data	<i>Ami</i> μ 20	ANG	Fm1	Missing	data
<i>Cl</i> μ 2	ANG	Fm1	0,05532	0,00276	<i>Cl</i> μ 2	ANG	Fm1	0,06758	0,00178
<i>Cl</i> μ 5	ANG	Fm1	0,02255*	0,00170	<i>Cl</i> μ 5	ANG	Fm1	0,06910	0,00196
<i>Cl</i> μ 6	ANG	Fm1	0,19245	0,00400	<i>Cl</i> μ 6	ANG	Fm1	0,39945	0,00353
<i>Cl</i> μ 7	ANG	Fm1	0,49354	0,00168	<i>Cl</i> μ 7	ANG	Fm1	0,19629	0,00214
<i>Cl</i> μ 8	ANG	Fm1	0,12843	0,00355	<i>Cl</i> μ 8	ANG	Fm1	0,20974	0,00423
<i>Cl</i> μ 9	ANG	Fm1	0,26893	0,00280	<i>Cl</i> μ 9	ANG	Fm1	0,13443	0,00254
<i>Cl</i> μ 10	ANG	Fm1	0,47333	0,00540	<i>Cl</i> μ 10	ANG	Fm1	0,20040	0,00292
<i>Ami</i> μ 8	ANG	Fm5	0,51536	0,00139	<i>Ami</i> μ 8	ANG	Fm5	0,46371	0,00159
<i>Ami</i> μ 11	ANG	Fm5	0,49564	0,00361	<i>Ami</i> μ 11	ANG	Fm5	0,33287	0,00174
<i>Ami</i> μ 13	ANG	Fm5	0,53263	0,00295	<i>Ami</i> μ 13	ANG	Fm5	0,80101	0,00267
<i>Ami</i> μ 20	ANG	Fm5	Missing	data	<i>Ami</i> μ 20	ANG	Fm5	Missing	data
<i>Cl</i> μ 2	ANG	Fm5	0,06278	0,00288	<i>Cl</i> μ 2	ANG	Fm5	0,06793	0,00175
<i>Cl</i> μ 5	ANG	Fm5	0,07071	0,00231	<i>Cl</i> μ 5	ANG	Fm5	0,06463	0,00162
<i>Cl</i> μ 6	ANG	Fm5	0,19850	0,00382	<i>Cl</i> μ 6	ANG	Fm5	0,33325	0,00178
<i>Cl</i> μ 7	ANG	Fm5	0,32364	0,00334	<i>Cl</i> μ 7	ANG	Fm5	0,33450	0,00253
<i>Cl</i> μ 8	ANG	Fm5	0,01426*	0,00107	<i>Cl</i> μ 8	ANG	Fm5	0,06602	0,00209
<i>Cl</i> μ 9	ANG	Fm5	0,25202	0,00275	<i>Cl</i> μ 9	ANG	Fm5	0,12956	0,00248

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau</i> 10	ANG	Fm5	0,17642	0,00359	<i>Clau</i> 10	ANG	Fm5	0,12991	0,00242
<i>Ami</i> μ8	ANG	FNA	0,52537	0,00156	<i>Ami</i> μ8	ANG	FNA	0,27721	0,00202
<i>Ami</i> μ11	ANG	FNA	1,00000	0,00000	<i>Ami</i> μ11	ANG	FNA	1,00000	0,00000
<i>Ami</i> μ13	ANG	FNA	0,85827	0,00465	<i>Ami</i> μ13	ANG	FNA	0,80871	0,00424
<i>Ami</i> μ20	ANG	FNA	Missing	data	<i>Ami</i> μ20	ANG	FNA	Missing	data
<i>Clau</i> 2	ANG	FNA	0,49288	0,00758	<i>Clau</i> 2	ANG	FNA	0,56991	0,00463
<i>Clau</i> 5	ANG	FNA	0,65767	0,00896	<i>Clau</i> 5	ANG	FNA	No	information
<i>Clau</i> 6	ANG	FNA	0,74663	0,00467	<i>Clau</i> 6	ANG	FNA	0,88975	0,00317
<i>Clau</i> 7	ANG	FNA	0,83967	0,00375	<i>Clau</i> 7	ANG	FNA	0,77891	0,00441
<i>Clau</i> 8	ANG	FNA	0,71999	0,00547	<i>Clau</i> 8	ANG	FNA	No	information
<i>Clau</i> 9	ANG	FNA	0,37337	0,00279	<i>Clau</i> 9	ANG	FNA	0,42265	0,00377
<i>Clau</i> 10	ANG	FNA	0,43022	0,00848	<i>Clau</i> 10	ANG	FNA	0,59484	0,00596
<i>Ami</i> μ8	ANG	PA	0,55349	0,00134	<i>Ami</i> μ8	ANG	PA	1,00000	0,00000
<i>Ami</i> μ11	ANG	PA	0,17631	0,00342	<i>Ami</i> μ11	ANG	PA	0,11036	0,00170
<i>Ami</i> μ13	ANG	PA	0,00015**	0,00005	<i>Ami</i> μ13	ANG	PA	0,01819*	0,00095
<i>Ami</i> μ20	ANG	PA	Missing	data	<i>Ami</i> μ20	ANG	PA	Missing	data
<i>Clau</i> 2	ANG	PA	0,04611*	0,00251	<i>Clau</i> 2	ANG	PA	0,14504	0,00467
<i>Clau</i> 5	ANG	PA	0,02030*	0,00173	<i>Clau</i> 5	ANG	PA	0,01737*	0,00103
<i>Clau</i> 6	ANG	PA	0,39153	0,00411	<i>Clau</i> 6	ANG	PA	0,52077	0,00660
<i>Clau</i> 7	ANG	PA	0,56815	0,00780	<i>Clau</i> 7	ANG	PA	0,36991	0,00440
<i>Clau</i> 8	ANG	PA	0,15849	0,00312	<i>Clau</i> 8	ANG	PA	0,11090	0,00173
<i>Clau</i> 9	ANG	PA	0,00249**	0,00041	<i>Clau</i> 9	ANG	PA	0,01690*	0,00098
<i>Clau</i> 10	ANG	PA	0,57510	0,00599	<i>Clau</i> 10	ANG	PA	0,40018	0,00473
<i>Ami</i> μ8	ANG	PT	0,01370*	0,00066	<i>Ami</i> μ8	ANG	PT	0,02496*	0,00120
<i>Ami</i> μ11	ANG	PT	0,65554	0,00405	<i>Ami</i> μ11	ANG	PT	1,00000	0,00000
<i>Ami</i> μ13	ANG	PT	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i> μ13	ANG	PT	0,00476**	0,00075
<i>Ami</i> μ20	ANG	PT	Missing	data	<i>Ami</i> μ20	ANG	PT	Missing	data
<i>Clau</i> 2	ANG	PT	0,00683**	0,00081	<i>Clau</i> 2	ANG	PT	0,01101*	0,00123
<i>Clau</i> 5	ANG	PT	0,00311**	0,00094	<i>Clau</i> 5	ANG	PT	0,02778*	0,00221
<i>Clau</i> 6	ANG	PT	0,00662**	0,00080	<i>Clau</i> 6	ANG	PT	0,01304*	0,00103
<i>Clau</i> 7	ANG	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 7	ANG	PT	0,00370**	0,00054
<i>Clau</i> 8	ANG	PT	0,01954*	0,00175	<i>Clau</i> 8	ANG	PT	0,04116*	0,00327
<i>Clau</i> 9	ANG	PT	0,01631*	0,00095	<i>Clau</i> 9	ANG	PT	0,00414**	0,00047
<i>Clau</i> 10	ANG	PT	0,00990**	0,00128	<i>Clau</i> 10	ANG	PT	0,01686*	0,00137
<i>Ami</i> μ8	ANG	VG	No	information	<i>Ami</i> μ8	ANG	VG	Only	one
<i>Ami</i> μ11	ANG	VG	1,00000	0,00000	<i>Ami</i> μ11	ANG	VG	No	information
<i>Ami</i> μ13	ANG	VG	0,05906	0,00190	<i>Ami</i> μ13	ANG	VG	No	information
<i>Ami</i> μ20	ANG	VG	Missing	data	<i>Ami</i> μ20	ANG	VG	Missing	data
<i>Clau</i> 2	ANG	VG	0,14266	0,00270	<i>Clau</i> 2	ANG	VG	0,33504	0,00260
<i>Clau</i> 5	ANG	VG	1,00000	0,00000	<i>Clau</i> 5	ANG	VG	No	information
<i>Clau</i> 6	ANG	VG	0,14669	0,00284	<i>Clau</i> 6	ANG	VG	0,33389	0,00261
<i>Clau</i> 7	ANG	VG	0,02784	0,00159	<i>Clau</i> 7	ANG	VG	0,33468	0,00274
<i>Clau</i> 8	ANG	VG	0,31393	0,00336	<i>Clau</i> 8	ANG	VG	0,33216	0,00259

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau9</i>	ANG	VG	0,22706	0,00262	<i>Clau9</i>	ANG	VG	0,33404	0,00254
<i>Clau10</i>	ANG	VG	0,31461	0,00363	<i>Clau10</i>	ANG	VG	0,33026	0,00241
<i>Amiμ8</i>	CH	Fm1	0,69182	0,00193	<i>Amiμ8</i>	CH	Fm1	0,71557	0,00209
<i>Amiμ11</i>	CH	Fm1	0,00277**	0,00043	<i>Amiμ11</i>	CH	Fm1	0,00826**	0,00073
<i>Amiμ13</i>	CH	Fm1	0,08516	0,00418	<i>Amiμ13</i>	CH	Fm1	0,13109	0,00409
<i>Amiμ20</i>	CH	Fm1	0,30703	0,00751	<i>Amiμ20</i>	CH	Fm1	0,28154	0,00577
<i>Clau2</i>	CH	Fm1	0,08543	0,00261	<i>Clau2</i>	CH	Fm1	0,26282	0,00375
<i>Clau5</i>	CH	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	CH	Fm1	0,00059**	0,00020
<i>Clau6</i>	CH	Fm1	0,00001**	0,00001	<i>Clau6</i>	CH	Fm1	0,00100**	0,00034
<i>Clau7</i>	CH	Fm1	0,57675	0,00539	<i>Clau7</i>	CH	Fm1	0,31057	0,00517
<i>Clau8</i>	CH	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	CH	Fm1	0,00146**	0,00042
<i>Clau9</i>	CH	Fm1	0,74879	0,00256	<i>Clau9</i>	CH	Fm1	0,68810	0,00356
<i>Clau10</i>	CH	Fm1	0,00587**	0,00109	<i>Clau10</i>	CH	Fm1	0,00151**	0,00033
<i>Amiμ8</i>	CH	Fm5	0,41660	0,00296	<i>Amiμ8</i>	CH	Fm5	0,32041	0,00297
<i>Amiμ11</i>	CH	Fm5	0,00202**	0,00044	<i>Amiμ11</i>	CH	Fm5	0,01097*	0,00104
<i>Amiμ13</i>	CH	Fm5	0,12978	0,00453	<i>Amiμ13</i>	CH	Fm5	0,25637	0,00577
<i>Amiμ20</i>	CH	Fm5	0,30117	0,00761	<i>Amiμ20</i>	CH	Fm5	0,25860	0,00582
<i>Clau2</i>	CH	Fm5	0,02342*	0,00129	<i>Clau2</i>	CH	Fm5	0,12288	0,00285
<i>Clau5</i>	CH	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	CH	Fm5	0,00054**	0,00025
<i>Clau6</i>	CH	Fm5	0,00275**	0,00050	<i>Clau6</i>	CH	Fm5	0,00132**	0,00031
<i>Clau7</i>	CH	Fm5	0,02200*	0,00144	<i>Clau7</i>	CH	Fm5	0,00734**	0,00080
<i>Clau8</i>	CH	Fm5	0,00363**	0,00064	<i>Clau8</i>	CH	Fm5	0,00259**	0,00044
<i>Clau9</i>	CH	Fm5	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	CH	Fm5	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	CH	Fm5	0,04190*	0,00228	<i>Clau10</i>	CH	Fm5	0,01094*	0,00100
<i>Amiμ8</i>	CH	FNA	0,30923	0,00340	<i>Amiμ8</i>	CH	FNA	0,35309	0,00271
<i>Amiμ11</i>	CH	FNA	0,00286**	0,00050	<i>Amiμ11</i>	CH	FNA	0,01310*	0,00097
<i>Amiμ13</i>	CH	FNA	0,07934	0,00369	<i>Amiμ13</i>	CH	FNA	0,23738	0,00676
<i>Amiμ20</i>	CH	FNA	0,12231	0,00563	<i>Amiμ20</i>	CH	FNA	0,15879	0,00456
<i>Clau2</i>	CH	FNA	0,03559*	0,00222	<i>Clau2</i>	CH	FNA	0,19514	0,00507
<i>Clau5</i>	CH	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	CH	FNA	0,00048**	0,00026
<i>Clau6</i>	CH	FNA	0,01718*	0,00168	<i>Clau6</i>	CH	FNA	0,04563*	0,00223
<i>Clau7</i>	CH	FNA	0,36748	0,00635	<i>Clau7</i>	CH	FNA	0,57577	0,00475
<i>Clau8</i>	CH	FNA	0,01684*	0,00183	<i>Clau8</i>	CH	FNA	0,01876*	0,00115
<i>Clau9</i>	CH	FNA	0,24224	0,00360	<i>Clau9</i>	CH	FNA	0,20471	0,00392
<i>Clau10</i>	CH	FNA	0,01389*	0,00157	<i>Clau10</i>	CH	FNA	0,01526*	0,00157
<i>Amiμ8</i>	CH	PA	0,10504	0,00245	<i>Amiμ8</i>	CH	PA	0,21543	0,00289
<i>Amiμ11</i>	CH	PA	0,00049**	0,00020	<i>Amiμ11</i>	CH	PA	0,00270**	0,00040
<i>Amiμ13</i>	CH	PA	0,01647*	0,00177	<i>Amiμ13</i>	CH	PA	0,01886*	0,00143
<i>Amiμ20</i>	CH	PA	0,00033**	0,00025	<i>Amiμ20</i>	CH	PA	0,00158**	0,00036
<i>Clau2</i>	CH	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	CH	PA	0,00354**	0,00078
<i>Clau5</i>	CH	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	CH	PA	0,00004**	0,00004
<i>Clau6</i>	CH	PA	0,00892**	0,00112	<i>Clau6</i>	CH	PA	0,01259**	0,00107

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau7</i>	CH	PA	0,00621**	0,00091	<i>Clau7</i>	CH	PA	0,00227**	0,00048
<i>Clau8</i>	CH	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	CH	PA	0,00000**	0,00000
<i>Clau9</i>	CH	PA	0,03026*	0,00147	<i>Clau9</i>	CH	PA	0,01073*	0,00087
<i>Clau10</i>	CH	PA	0,00024**	0,00012	<i>Clau10</i>	CH	PA	0,00022**	0,00011
<i>Amiμ8</i>	CH	PT	0,12340	0,00291	<i>Amiμ8</i>	CH	PT	0,22923	0,00335
<i>Amiμ11</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ11</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ13</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ20</i>	CH	PT	0,06415	0,00507	<i>Amiμ20</i>	CH	PT	0,16152	0,00564
<i>Clau2</i>	CH	PT	0,00001**	0,00001	<i>Clau2</i>	CH	PT	0,00340**	0,00058
<i>Clau5</i>	CH	PT	0,05996	0,00477	<i>Clau5</i>	CH	PT	0,08393	0,00389
<i>Clau6</i>	CH	PT	0,01282*	0,00175	<i>Clau6</i>	CH	PT	0,05538	0,00346
<i>Clau7</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau7</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000
<i>Clau8</i>	CH	PT	0,10136	0,00690	<i>Clau8</i>	CH	PT	0,15960	0,00493
<i>Clau9</i>	CH	PT	0,41797	0,00573	<i>Clau9</i>	CH	PT	0,26798	0,00458
<i>Clau10</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau10</i>	CH	PT	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ8</i>	CH	VG	0,11480	0,00171	<i>Amiμ8</i>	CH	VG	0,22567	0,00255
<i>Amiμ11</i>	CH	VG	0,00651**	0,00076	<i>Amiμ11</i>	CH	VG	0,13123	0,00367
<i>Amiμ13</i>	CH	VG	0,30533	0,00775	<i>Amiμ13</i>	CH	VG	0,30420	0,00599
<i>Amiμ20</i>	CH	VG	0,05083	0,00317	<i>Amiμ20</i>	CH	VG	0,07273	0,00329
<i>Clau2</i>	CH	VG	0,01221*	0,00097	<i>Clau2</i>	CH	VG	0,12252	0,00336
<i>Clau5</i>	CH	VG	0,07832	0,00350	<i>Clau5</i>	CH	VG	0,19376	0,00539
<i>Clau6</i>	CH	VG	0,39943	0,00540	<i>Clau6</i>	CH	VG	0,21357	0,00372
<i>Clau7</i>	CH	VG	0,14468	0,00410	<i>Clau7</i>	CH	VG	0,21931	0,00442
<i>Clau8</i>	CH	VG	0,05340	0,00314	<i>Clau8</i>	CH	VG	0,06135	0,00268
<i>Clau9</i>	CH	VG	0,49258	0,00310	<i>Clau9</i>	CH	VG	0,36281	0,00370
<i>Clau10</i>	CH	VG	0,00030**	0,00015	<i>Clau10</i>	CH	VG	0,01098*	0,00130
<i>Amiμ8</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ8</i>	DF	CH	0,00015**	0,00009
<i>Amiμ11</i>	DF	CH	0,00410**	0,00084	<i>Amiμ11</i>	DF	CH	0,00690**	0,00111
<i>Amiμ13</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	DF	CH	0,00027**	0,00021
<i>Amiμ20</i>	DF	CH	0,00015**	0,00011	<i>Amiμ20</i>	DF	CH	0,00175**	0,00054
<i>Clau2</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000
<i>Clau5</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000
<i>Clau6</i>	DF	CH	0,02887*	0,00242	<i>Clau6</i>	DF	CH	0,06053*	0,00254
<i>Clau7</i>	DF	CH	0,00513**	0,00132	<i>Clau7</i>	DF	CH	0,01250*	0,00127
<i>Clau8</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000
<i>Clau9</i>	DF	CH	0,01259*	0,00109	<i>Clau9</i>	DF	CH	0,00801**	0,00136
<i>Clau10</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000	<i>Clau10</i>	DF	CH	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ8</i>	DF	Fm1	0,00789**	0,00054	<i>Amiμ8</i>	DF	Fm1	0,00506**	0,00039
<i>Amiμ11</i>	DF	Fm1	0,59061	0,00516	<i>Amiμ11</i>	DF	Fm1	0,36375	0,00625
<i>Amiμ13</i>	DF	Fm1	0,04633*	0,00365	<i>Amiμ13</i>	DF	Fm1	0,06013	0,00346
<i>Amiμ20</i>	DF	Fm1	0,77444	0,00610	<i>Amiμ20</i>	DF	Fm1	0,53537	0,00693
<i>Clau2</i>	DF	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	Fm1	0,00001**	0,00001

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau5</i>	DF	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	DF	Fm1	0,00006**	0,00004
<i>Clau6</i>	DF	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau6</i>	DF	Fm1	0,00005**	0,00003
<i>Clau7</i>	DF	Fm1	0,90026	0,00383	<i>Clau7</i>	DF	Fm1	0,71241	0,00605
<i>Clau8</i>	DF	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	DF	Fm1	0,00012**	0,00006
<i>Clau9</i>	DF	Fm1	0,29688	0,00424	<i>Clau9</i>	DF	Fm1	0,14013	0,00417
<i>Clau10</i>	DF	Fm1	0,00002**	0,00002	<i>Clau10</i>	DF	Fm1	0,00029**	0,00021
<i>Amiμ8</i>	DF	Fm5	0,05464	0,00125	<i>Amiμ8</i>	DF	Fm5	0,04808*	0,00130
<i>Amiμ11</i>	DF	Fm5	0,60489	0,00506	<i>Amiμ11</i>	DF	Fm5	0,36524	0,00594
<i>Amiμ13</i>	DF	Fm5	0,00100*	0,00030	<i>Amiμ13</i>	DF	Fm5	0,00530**	0,00080
<i>Amiμ20</i>	DF	Fm5	0,75077	0,00665	<i>Amiμ20</i>	DF	Fm5	0,54558	0,00806
<i>Clau2</i>	DF	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	Fm5	0,00004**	0,00004
<i>Clau5</i>	DF	Fm5	0,00006**	0,00004	<i>Clau5</i>	DF	Fm5	0,00005**	0,00004
<i>Clau6</i>	DF	Fm5	0,00005**	0,00005	<i>Clau6</i>	DF	Fm5	0,00026**	0,00011
<i>Clau7</i>	DF	Fm5	0,03330*	0,00304	<i>Clau7</i>	DF	Fm5	0,05701	0,00308
<i>Clau8</i>	DF	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	DF	Fm5	0,00009**	0,00009
<i>Clau9</i>	DF	Fm5	0,32390	0,00412	<i>Clau9</i>	DF	Fm5	0,14547	0,00389
<i>Clau10</i>	DF	Fm5	0,00029**	0,00022	<i>Clau10</i>	DF	Fm5	0,00023**	0,00011
<i>Amiμ8</i>	DF	FNA	0,00993**	0,00062	<i>Amiμ8</i>	DF	FNA	0,00614**	0,00047
<i>Amiμ11</i>	DF	FNA	0,80610	0,00362	<i>Amiμ11</i>	DF	FNA	0,47598	0,00580
<i>Amiμ13</i>	DF	FNA	0,00251**	0,00094	<i>Amiμ13</i>	DF	FNA	0,02757*	0,00211
<i>Amiμ20</i>	DF	FNA	0,04770*	0,00426	<i>Amiμ20</i>	DF	FNA	0,09393	0,00451
<i>Clau2</i>	DF	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	FNA	0,00006**	0,00004
<i>Clau5</i>	DF	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	DF	FNA	0,00004**	0,00002
<i>Clau6</i>	DF	FNA	0,00390**	0,00084	<i>Clau6</i>	DF	FNA	0,02672*	0,00228
<i>Clau7</i>	DF	FNA	0,27295	0,00700	<i>Clau7</i>	DF	FNA	0,55579	0,00700
<i>Clau8</i>	DF	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	DF	FNA	0,00008**	0,00006
<i>Clau9</i>	DF	FNA	0,17307	0,00399	<i>Clau9</i>	DF	FNA	0,07674	0,00447
<i>Clau10</i>	DF	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau10</i>	DF	FNA	0,00008**	0,00004
<i>Amiμ8</i>	DF	PA	0,01894*	0,00078	<i>Amiμ8</i>	DF	PA	0,07717	0,00219
<i>Amiμ11</i>	DF	PA	0,00223**	0,00048	<i>Amiμ11</i>	DF	PA	0,00354**	0,00056
<i>Amiμ13</i>	DF	PA	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	DF	PA	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ20</i>	DF	PA	0,00109**	0,00039	<i>Amiμ20</i>	DF	PA	0,00219**	0,00054
<i>Clau2</i>	DF	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	PA	0,00005**	0,00004
<i>Clau5</i>	DF	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	DF	PA	0,00000**	0,00000
<i>Clau6</i>	DF	PA	0,00134**	0,00042	<i>Clau6</i>	DF	PA	0,00631**	0,00082
<i>Clau7</i>	DF	PA	0,00193**	0,00076	<i>Clau7</i>	DF	PA	0,00510**	0,00086
<i>Clau8</i>	DF	PA	0,00709**	0,00115	<i>Clau8</i>	DF	PA	0,00579**	0,00059
<i>Clau9</i>	DF	PA	0,00098**	0,00027	<i>Clau9</i>	DF	PA	0,00650**	0,00087
<i>Clau10</i>	DF	PA	0,00004**	0,00003	<i>Clau10</i>	DF	PA	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ8</i>	DF	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ8</i>	DF	PT	0,00000**	0,00000
<i>Amiμ11</i>	DF	PT	0,00034**	0,00013	<i>Amiμ11</i>	DF	PT	0,00106**	0,00024
<i>Amiμ13</i>	DF	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	DF	PT	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Amiμ20</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Amiμ20</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Clau2</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Clau5</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Clau5</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Clau6</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Clau6</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Clau7</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Clau7</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Clau8</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Clau8</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Clau9</i>	DF	PT	0,00007**	0,00005	<i>Clau9</i>	DF	PT	0,00003**	0,00002
<i>Clau10</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000	<i>Clau10</i>	DF	PT	0,0000**	0,00000
<i>Amiμ8</i>	DF	VG	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	DF	VG	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	DF	VG	0,40061	0,00539	<i>Amiμ11</i>	DF	VG	0,32331	0,00825
<i>Amiμ13</i>	DF	VG	0,00055**	0,00023	<i>Amiμ13</i>	DF	VG	0,00499**	0,00080
<i>Amiμ20</i>	DF	VG	0,06007	0,00440	<i>Amiμ20</i>	DF	VG	0,14957	0,00695
<i>Clau2</i>	DF	VG	0,0000**	0,00000	<i>Clau2</i>	DF	VG	0,00482**	0,00068
<i>Clau5</i>	DF	VG	0,00061**	0,00022	<i>Clau5</i>	DF	VG	0,00394**	0,00063
<i>Clau6</i>	DF	VG	0,14325	0,00336	<i>Clau6</i>	DF	VG	0,24130	0,00517
<i>Clau7</i>	DF	VG	0,00744**	0,00095	<i>Clau7</i>	DF	VG	0,05682	0,00321
<i>Clau8</i>	DF	VG	0,01177*	0,00097	<i>Clau8</i>	DF	VG	0,03321*	0,00179
<i>Clau9</i>	DF	VG	0,31080	0,00377	<i>Clau9</i>	DF	VG	0,43996	0,00457
<i>Clau10</i>	DF	VG	0,00355**	0,00059	<i>Clau10</i>	DF	VG	0,00311**	0,00077
<i>Amiμ8</i>	Fm1	FNA	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	Fm1	FNA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	Fm1	FNA	0,68465	0,00300	<i>Amiμ11</i>	Fm1	FNA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ13</i>	Fm1	FNA	0,95423	0,00200	<i>Amiμ13</i>	Fm1	FNA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ20</i>	Fm1	FNA	0,89654	0,00330	<i>Amiμ20</i>	Fm1	FNA	0,81875	0,00347
<i>Clau2</i>	Fm1	FNA	0,82914	0,00286	<i>Clau2</i>	Fm1	FNA	0,62212	0,00317
<i>Clau5</i>	Fm1	FNA	0,72584	0,00584	<i>Clau5</i>	Fm1	FNA	0,59675	0,00448
<i>Clau6</i>	Fm1	FNA	0,19251	0,00380	<i>Clau6</i>	Fm1	FNA	0,29775	0,00369
<i>Clau7</i>	Fm1	FNA	1,00000	0,00000	<i>Clau7</i>	Fm1	FNA	1,00000	0,00000
<i>Clau8</i>	Fm1	FNA	0,71231	0,00603	<i>Clau8</i>	Fm1	FNA	0,60497	0,00476
<i>Clau9</i>	Fm1	FNA	0,41136	0,00351	<i>Clau9</i>	Fm1	FNA	0,35781	0,00345
<i>Clau10</i>	Fm1	FNA	0,61462	0,00486	<i>Clau10</i>	Fm1	FNA	0,85492	0,00316
<i>Amiμ8</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Amiμ11</i>	Fm5	Fm1	Only	one
<i>Amiμ13</i>	Fm5	Fm1	0,28813	0,00362	<i>Amiμ13</i>	Fm5	Fm1	0,34483	0,00421
<i>Amiμ20</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Amiμ20</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000
<i>Clau2</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Clau2</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000
<i>Clau5</i>	Fm5	Fm1	0,03487*	0,00173	<i>Clau5</i>	Fm5	Fm1	0,02895*	0,00124
<i>Clau6</i>	Fm5	Fm1	0,03961*	0,00119	<i>Clau6</i>	Fm5	Fm1	0,02813*	0,00124
<i>Clau7</i>	Fm5	Fm1	0,25637	0,00249	<i>Clau7</i>	Fm5	Fm1	0,08750	0,00196
<i>Clau8</i>	Fm5	Fm1	0,15586	0,00326	<i>Clau8</i>	Fm5	Fm1	0,11155	0,00305
<i>Clau9</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	Fm5	Fm1	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	Fm5	Fm1	0,20175	0,00283	<i>Clau10</i>	Fm5	Fm1	0,11435	0,00242
<i>Amiμ8</i>	Fm5	FNA	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	Fm5	FNA	1,00000	0,00000

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Amiμ11</i>	Fm5	FNA	0,68521	0,00276	<i>Amiμ11</i>	Fm5	FNA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ13</i>	Fm5	FNA	0,64098	0,00610	<i>Amiμ13</i>	Fm5	FNA	0,86765	0,00289
<i>Amiμ20</i>	Fm5	FNA	0,89887	0,00319	<i>Amiμ20</i>	Fm5	FNA	0,81826	0,00324
<i>Claiμ2</i>	Fm5	FNA	0,74075	0,00469	<i>Claiμ2</i>	Fm5	FNA	0,61108	0,00342
<i>Claiμ5</i>	Fm5	FNA	0,27645	0,00714	<i>Claiμ5</i>	Fm5	FNA	0,15165	0,00341
<i>Claiμ6</i>	Fm5	FNA	0,48065	0,00469	<i>Claiμ6</i>	Fm5	FNA	0,34235	0,00449
<i>Claiμ7</i>	Fm5	FNA	0,59702	0,00590	<i>Claiμ7</i>	Fm5	FNA	0,59575	0,00459
<i>Claiμ8</i>	Fm5	FNA	0,89247	0,00362	<i>Claiμ8</i>	Fm5	FNA	0,73649	0,00440
<i>Claiμ9</i>	Fm5	FNA	0,65120	0,00312	<i>Claiμ9</i>	Fm5	FNA	0,61008	0,00336
<i>Claiμ10</i>	Fm5	FNA	0,75397	0,00476	<i>Claiμ10</i>	Fm5	FNA	0,90807	0,00256
<i>Amiμ8</i>	GR	ANG	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	GR	ANG	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	GR	ANG	0,05899	0,00269	<i>Amiμ11</i>	GR	ANG	0,09431	0,00249
<i>Amiμ13</i>	GR	ANG	0,00399**	0,00050	<i>Amiμ13</i>	GR	ANG	0,10174	0,00220
<i>Amiμ20</i>	GR	ANG	Missing	data	<i>Amiμ20</i>	GR	ANG	Missing	data
<i>Claiμ2</i>	GR	ANG	0,02500*	0,00186	<i>Claiμ2</i>	GR	ANG	0,04354*	0,00151
<i>Claiμ5</i>	GR	ANG	0,71520	0,00585	<i>Claiμ5</i>	GR	ANG	0,80835	0,00371
<i>Claiμ6</i>	GR	ANG	0,19931	0,00418	<i>Claiμ6</i>	GR	ANG	0,33454	0,00373
<i>Claiμ7</i>	GR	ANG	0,00529**	0,00054	<i>Claiμ7</i>	GR	ANG	0,04460*	0,00161
<i>Claiμ8</i>	GR	ANG	0,36388	0,00502	<i>Claiμ8</i>	GR	ANG	0,23524	0,00303
<i>Claiμ9</i>	GR	ANG	0,42869	0,00533	<i>Claiμ9</i>	GR	ANG	0,28903	0,00547
<i>Claiμ10</i>	GR	ANG	0,29999	0,00567	<i>Claiμ10</i>	GR	ANG	0,23654	0,00448
<i>Amiμ8</i>	GR	CH	0,05089	0,00150	<i>Amiμ8</i>	GR	CH	0,11209	0,00198
<i>Amiμ11</i>	GR	CH	0,00722**	0,00124	<i>Amiμ11</i>	GR	CH	0,01993*	0,00136
<i>Amiμ13</i>	GR	CH	0,00754**	0,00096	<i>Amiμ13</i>	GR	CH	0,02410*	0,00148
<i>Amiμ20</i>	GR	CH	0,00554**	0,00083	<i>Amiμ20</i>	GR	CH	0,00455**	0,00062
<i>Claiμ2</i>	GR	CH	0,00020**	0,00010	<i>Claiμ2</i>	GR	CH	0,00318**	0,00049
<i>Claiμ5</i>	GR	CH	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ5</i>	GR	CH	0,00079**	0,00024
<i>Claiμ6</i>	GR	CH	0,05192	0,00283	<i>Claiμ6</i>	GR	CH	0,04707*	0,00179
<i>Claiμ7</i>	GR	CH	0,54081	0,00553	<i>Claiμ7</i>	GR	CH	0,44079	0,00559
<i>Claiμ8</i>	GR	CH	0,27198	0,00699	<i>Claiμ8</i>	GR	CH	0,17928	0,00429
<i>Claiμ9</i>	GR	CH	0,03983*	0,00201	<i>Claiμ9</i>	GR	CH	0,01865*	0,00106
<i>Claiμ10</i>	GR	CH	0,49817	0,00698	<i>Claiμ10</i>	GR	CH	0,54436	0,00540
<i>Amiμ8</i>	GR	DF	0,32844	0,00189	<i>Amiμ8</i>	GR	DF	0,33149	0,00254
<i>Amiμ11</i>	GR	DF	0,00001**	0,00001	<i>Amiμ11</i>	GR	DF	0,00119**	0,00031
<i>Amiμ13</i>	GR	DF	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	GR	DF	0,00009**	0,00009
<i>Amiμ20</i>	GR	DF	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ20</i>	GR	DF	0,00009**	0,00009
<i>Claiμ2</i>	GR	DF	0,00004**	0,00003	<i>Claiμ2</i>	GR	DF	0,00029**	0,00009
<i>Claiμ5</i>	GR	DF	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ5</i>	GR	DF	0,00000**	0,00000
<i>Claiμ6</i>	GR	DF	0,00929**	0,00108	<i>Claiμ6</i>	GR	DF	0,02920*	0,00156
<i>Claiμ7</i>	GR	DF	0,00191**	0,00051	<i>Claiμ7</i>	GR	DF	0,00841**	0,00103
<i>Claiμ8</i>	GR	DF	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ8</i>	GR	DF	0,00024**	0,00017
<i>Claiμ9</i>	GR	DF	0,00504**	0,00069	<i>Claiμ9</i>	GR	DF	0,01201*	0,00129

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau</i> 10	GR	DF	0,00035**	0,00020	<i>Clau</i> 10	GR	DF	0,00007**	0,00005
<i>Ami</i> μ8	GR	Fm1	0,27478	0,00220	<i>Ami</i> μ8	GR	Fm1	0,20385	0,00220
<i>Ami</i> μ11	GR	Fm1	0,00015**	0,00011	<i>Ami</i> μ11	GR	Fm1	0,01535*	0,00081
<i>Ami</i> μ13	GR	Fm1	0,00034**	0,00012	<i>Ami</i> μ13	GR	Fm1	0,00917**	0,00082
<i>Ami</i> μ20	GR	Fm1	0,00001**	0,00001	<i>Ami</i> μ20	GR	Fm1	0,00793**	0,00073
<i>Clau</i> 2	GR	Fm1	0,00164**	0,00029	<i>Clau</i> 2	GR	Fm1	0,00858**	0,00077
<i>Clau</i> 5	GR	Fm1	0,06668	0,00319	<i>Clau</i> 5	GR	Fm1	0,04065*	0,00182
<i>Clau</i> 6	GR	Fm1	0,00648**	0,00071	<i>Clau</i> 6	GR	Fm1	0,00728**	0,00059
<i>Clau</i> 7	GR	Fm1	0,04132*	0,00170	<i>Clau</i> 7	GR	Fm1	0,03926*	0,00149
<i>Clau</i> 8	GR	Fm1	0,00103**	0,00025	<i>Clau</i> 8	GR	Fm1	0,00763**	0,00065
<i>Clau</i> 9	GR	Fm1	0,77513	0,00341	<i>Clau</i> 9	GR	Fm1	0,55881	0,00408
<i>Clau</i> 10	GR	Fm1	0,07803	0,00297	<i>Clau</i> 10	GR	Fm1	0,04863*	0,00169
<i>Ami</i> μ8	GR	Fm5	0,55854	0,00178	<i>Ami</i> μ8	GR	Fm5	0,52395	0,00160
<i>Ami</i> μ11	GR	Fm5	0,00010**	0,00007	<i>Ami</i> μ11	GR	Fm5	0,01513*	0,00078
<i>Ami</i> μ13	GR	Fm5	0,00032**	0,00013	<i>Ami</i> μ13	GR	Fm5	0,02309*	0,00117
<i>Ami</i> μ20	GR	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i> μ20	GR	Fm5	0,00704**	0,00065
<i>Clau</i> 2	GR	Fm5	0,00022**	0,00008	<i>Clau</i> 2	GR	Fm5	0,00761**	0,00065
<i>Clau</i> 5	GR	Fm5	0,00232**	0,00041	<i>Clau</i> 5	GR	Fm5	0,02451*	0,00145
<i>Clau</i> 6	GR	Fm5	0,31441	0,00355	<i>Clau</i> 6	GR	Fm5	0,16579	0,00248
<i>Clau</i> 7	GR	Fm5	0,00439**	0,00052	<i>Clau</i> 7	GR	Fm5	0,02236*	0,00125
<i>Clau</i> 8	GR	Fm5	0,01208*	0,00102	<i>Clau</i> 8	GR	Fm5	0,00740**	0,00070
<i>Clau</i> 9	GR	Fm5	0,33550	0,00479	<i>Clau</i> 9	GR	Fm5	0,24879	0,00370
<i>Clau</i> 10	GR	Fm5	0,09761	0,00303	<i>Clau</i> 10	GR	Fm5	0,09021	0,00171
<i>Ami</i> μ8	GR	FNA	0,35306	0,00213	<i>Ami</i> μ8	GR	FNA	0,29194	0,00207
<i>Ami</i> μ11	GR	FNA	0,00032**	0,00022	<i>Ami</i> μ11	GR	FNA	0,00227**	0,00038
<i>Ami</i> μ13	GR	FNA	0,00230**	0,00059	<i>Ami</i> μ13	GR	FNA	0,03284*	0,00171
<i>Ami</i> μ20	GR	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i> μ20	GR	FNA	0,00219**	0,00037
<i>Clau</i> 2	GR	FNA	0,00079**	0,00021	<i>Clau</i> 2	GR	FNA	0,00806**	0,00073
<i>Clau</i> 5	GR	FNA	0,31776	0,00744	<i>Clau</i> 5	GR	FNA	No	information
<i>Clau</i> 6	GR	FNA	0,38070	0,00538	<i>Clau</i> 6	GR	FNA	0,47091	0,00496
<i>Clau</i> 7	GR	FNA	0,02106*	0,00188	<i>Clau</i> 7	GR	FNA	0,08481	0,00242
<i>Clau</i> 8	GR	FNA	0,35945	0,00622	<i>Clau</i> 8	GR	FNA	0,26521	0,00479
<i>Clau</i> 9	GR	FNA	0,06048	0,00296	<i>Clau</i> 9	GR	FNA	0,03804*	0,00185
<i>Clau</i> 10	GR	FNA	0,31968	0,00583	<i>Clau</i> 10	GR	FNA	0,46413	0,00444
<i>Ami</i> μ8	GR	PA	0,62438	0,00163	<i>Ami</i> μ8	GR	PA	0,67615	0,00234
<i>Ami</i> μ11	GR	PA	0,09492	0,00316	<i>Ami</i> μ11	GR	PA	0,03880*	0,00128
<i>Ami</i> μ13	GR	PA	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i> μ13	GR	PA	0,00032**	0,00013
<i>Ami</i> μ20	GR	PA	0,00054**	0,00027	<i>Ami</i> μ20	GR	PA	0,00151**	0,00039
<i>Clau</i> 2	GR	PA	0,00026**	0,00011	<i>Clau</i> 2	GR	PA	0,01369*	0,00097
<i>Clau</i> 5	GR	PA	0,00212**	0,00051	<i>Clau</i> 5	GR	PA	0,00162**	0,00032
<i>Clau</i> 6	GR	PA	0,08534	0,00219	<i>Clau</i> 6	GR	PA	0,12476	0,00331
<i>Clau</i> 7	GR	PA	0,00123**	0,00046	<i>Clau</i> 7	GR	PA	0,00224**	0,00052

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau8</i>	GR	PA	0,00317**	0,00072	<i>Clau8</i>	GR	PA	0,00066**	0,00019
<i>Clau9</i>	GR	PA	0,00009**	0,00007	<i>Clau9</i>	GR	PA	0,00072**	0,00021
<i>Clau10</i>	GR	PA	0,02318*	0,00180	<i>Clau10</i>	GR	PA	0,01256*	0,00109
<i>Amiμ8</i>	GR	PR	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	GR	PR	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	GR	PR	0,00047**	0,00019	<i>Amiμ11</i>	GR	PR	0,01777**	0,00101
<i>Amiμ13</i>	GR	PR	0,00113**	0,00026	<i>Amiμ13</i>	GR	PR	0,05399	0,00177
<i>Amiμ20</i>	GR	PR	0,00009**	0,00006	<i>Amiμ20</i>	GR	PR	0,01698*	0,00128
<i>Clau2</i>	GR	PR	0,00277**	0,00040	<i>Clau2</i>	GR	PR	0,01821*	0,00109
<i>Clau5</i>	GR	PR	0,00819**	0,00087	<i>Clau5</i>	GR	PR	0,03711*	0,00140
<i>Clau6</i>	GR	PR	0,04130*	0,00205	<i>Clau6</i>	GR	PR	0,03618*	0,00147
<i>Clau7</i>	GR	PR	0,00090**	0,00026	<i>Clau7</i>	GR	PR	0,01719*	0,00091
<i>Clau8</i>	GR	PR	0,00341**	0,00051	<i>Clau8</i>	GR	PR	0,01809*	0,00108
<i>Clau9</i>	GR	PR	0,00190**	0,00036	<i>Clau9</i>	GR	PR	0,01671*	0,00124
<i>Clau10</i>	GR	PR	0,49788	0,00470	<i>Clau10</i>	GR	PR	0,38898	0,00424
<i>Amiμ8</i>	GR	PT	0,00079**	0,00019	<i>Amiμ8</i>	GR	PT	0,00760**	0,00059
<i>Amiμ11</i>	GR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ11</i>	GR	PT	0,00009**	0,00009
<i>Amiμ13</i>	GR	PT	0,00053**	0,00053	<i>Amiμ13</i>	GR	PT	0,00013**	0,00007
<i>Amiμ20</i>	GR	PT	0,00005**	0,00003	<i>Amiμ20</i>	GR	PT	0,00136**	0,00030
<i>Clau2</i>	GR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau2</i>	GR	PT	0,00008**	0,00006
<i>Clau5</i>	GR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	GR	PT	0,00003**	0,00002
<i>Clau6</i>	GR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau6</i>	GR	PT	0,00137**	0,00030
<i>Clau7</i>	GR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Clau7</i>	GR	PT	0,00025**	0,00014
<i>Clau8</i>	GR	PT	0,08229**	0,00383	<i>Clau8</i>	GR	PT	0,09373	0,00442
<i>Clau9</i>	GR	PT	0,00827**	0,00097	<i>Clau9</i>	GR	PT	0,00494**	0,00060
<i>Clau10</i>	GR	PT	0,00010**	0,00007	<i>Clau10</i>	GR	PT	0,00051**	0,00019
<i>Amiμ8</i>	GR	VG	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	GR	VG	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	GR	VG	0,29715	0,00471	<i>Amiμ11</i>	GR	VG	0,52181	0,00336
<i>Amiμ13</i>	GR	VG	0,00499**	0,00066	<i>Amiμ13</i>	GR	VG	0,09485	0,00264
<i>Amiμ20</i>	GR	VG	0,00970**	0,00097	<i>Amiμ20</i>	GR	VG	0,04734*	0,00196
<i>Clau2</i>	GR	VG	0,00105**	0,00026	<i>Clau2</i>	GR	VG	0,04742*	0,00171
<i>Clau5</i>	GR	VG	0,46658	0,00723	<i>Clau5</i>	GR	VG	No	information
<i>Clau6</i>	GR	VG	1,00000	0,00000	<i>Clau6</i>	GR	VG	0,62144	0,00291
<i>Clau7</i>	GR	VG	0,09431	0,00352	<i>Clau7</i>	GR	VG	0,14692	0,00349
<i>Clau8</i>	GR	VG	0,29195	0,00488	<i>Clau8</i>	GR	VG	0,14749	0,00298
<i>Clau9</i>	GR	VG	0,13112	0,00323	<i>Clau9</i>	GR	VG	0,09186	0,00234
<i>Clau10</i>	GR	VG	0,01124*	0,00106	<i>Clau10</i>	GR	VG	0,04639*	0,00189
<i>Amiμ8</i>	JP	ANG	No	information	<i>Amiμ8</i>	JP	ANG	Only	one
<i>Amiμ11</i>	JP	ANG	0,85632	0,00193	<i>Amiμ11</i>	JP	ANG	0,59925	0,00323
<i>Amiμ13</i>	JP	ANG	0,01362*	0,00095	<i>Amiμ13</i>	JP	ANG	0,06621	0,00184
<i>Amiμ20</i>	JP	ANG	Missing	data	<i>Amiμ20</i>	JP	ANG	Missing	data
<i>Clau2</i>	JP	ANG	0,27373	0,00500	<i>Clau2</i>	JP	ANG	No	information
<i>Clau5</i>	JP	ANG	0,76419	0,00457	<i>Clau5</i>	JP	ANG	0,73620	0,00332

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau6</i>	JP	ANG	0,59943	0,00427	<i>Clau6</i>	JP	ANG	No	information
<i>Clau7</i>	JP	ANG	1,00000	0,00000	<i>Clau7</i>	JP	ANG	1,00000	0,00000
<i>Clau8</i>	JP	ANG	0,59381	0,00361	<i>Clau8</i>	JP	ANG	0,39668	0,00338
<i>Clau9</i>	JP	ANG	0,01039*	0,00064	<i>Clau9</i>	JP	ANG	0,06682	0,00190
<i>Clau10</i>	JP	ANG	0,56026	0,00746	<i>Clau10</i>	JP	ANG	No	information
<i>Amiμ8</i>	JP	CH	0,01381*	0,00065	<i>Amiμ8</i>	JP	CH	0,04704*	0,00136
<i>Amiμ11</i>	JP	CH	0,12488	0,00416	<i>Amiμ11</i>	JP	CH	0,15533	0,00388
<i>Amiμ13</i>	JP	CH	0,41186	0,00666	<i>Amiμ13</i>	JP	CH	0,31056	0,00545
<i>Amiμ20</i>	JP	CH	0,01266*	0,00165	<i>Amiμ20</i>	JP	CH	0,02360*	0,00171
<i>Clau2</i>	JP	CH	0,12178	0,00372	<i>Clau2</i>	JP	CH	0,35075	0,00436
<i>Clau5</i>	JP	CH	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	JP	CH	0,00694**	0,00098
<i>Clau6</i>	JP	CH	0,00097**	0,00028	<i>Clau6</i>	JP	CH	0,01032*	0,00091
<i>Clau7</i>	JP	CH	0,04701*	0,00269	<i>Clau7</i>	JP	CH	0,03536*	0,00163
<i>Clau8</i>	JP	CH	0,00611**	0,00074	<i>Clau8</i>	JP	CH	0,00862**	0,00087
<i>Clau9</i>	JP	CH	0,29502	0,00317	<i>Clau9</i>	JP	CH	0,16120	0,00343
<i>Clau10</i>	JP	CH	0,40552	0,00718	<i>Clau10</i>	JP	CH	0,33965	0,00621
<i>Amiμ8</i>	JP	DF	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	JP	DF	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	JP	DF	0,66993	0,00518	<i>Amiμ11</i>	JP	DF	0,65899	0,00536
<i>Amiμ13</i>	JP	DF	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	JP	DF	0,00068**	0,00028
<i>Amiμ20</i>	JP	DF	0,09388	0,00603	<i>Amiμ20</i>	JP	DF	0,12410	0,00526
<i>Clau2</i>	JP	DF	0,01019*	0,00136	<i>Clau2</i>	JP	DF	0,05640	0,00280
<i>Clau5</i>	JP	DF	0,00305**	0,00052	<i>Clau5</i>	JP	DF	0,00783**	0,00073
<i>Clau6</i>	JP	DF	0,00021**	0,00009	<i>Clau6</i>	JP	DF	0,01436*	0,00112
<i>Clau7</i>	JP	DF	0,26920	0,00904	<i>Clau7</i>	JP	DF	0,29600	0,00641
<i>Clau8</i>	JP	DF	0,75512	0,00433	<i>Clau8</i>	JP	DF	0,71311	0,00409
<i>Clau9</i>	JP	DF	0,04032*	0,00189	<i>Clau9</i>	JP	DF	0,03742*	0,00202
<i>Clau10</i>	JP	DF	0,00075**	0,00035	<i>Clau10</i>	JP	DF	0,00042**	0,00023
<i>Amiμ8</i>	JP	Fm1	0,20137	0,00202	<i>Amiμ8</i>	JP	Fm1	0,13991	0,00173
<i>Amiμ11</i>	JP	Fm1	0,30011	0,00389	<i>Amiμ11</i>	JP	Fm1	0,42839	0,00178
<i>Amiμ13</i>	JP	Fm1	0,05043	0,00241	<i>Amiμ13</i>	JP	Fm1	0,05639	0,00185
<i>Amiμ20</i>	JP	Fm1	0,01777*	0,00137	<i>Amiμ20</i>	JP	Fm1	0,14594	0,00279
<i>Clau2</i>	JP	Fm1	0,02464*	0,00163	<i>Clau2</i>	JP	Fm1	0,02759*	0,00146
<i>Clau5</i>	JP	Fm1	0,02219*	0,00166	<i>Clau5</i>	JP	Fm1	0,08620	0,00221
<i>Clau6</i>	JP	Fm1	0,39261	0,00345	<i>Clau6</i>	JP	Fm1	0,82300	0,00227
<i>Clau7</i>	JP	Fm1	0,19212	0,00375	<i>Clau7</i>	JP	Fm1	0,14268	0,00287
<i>Clau8</i>	JP	Fm1	0,00735**	0,00066	<i>Clau8</i>	JP	Fm1	0,02963*	0,00134
<i>Clau9</i>	JP	Fm1	0,25682	0,00263	<i>Clau9</i>	JP	Fm1	0,14544	0,00222
<i>Clau10</i>	JP	Fm1	0,21397	0,00444	<i>Clau10</i>	JP	Fm1	0,11418	0,00251
<i>Amiμ8</i>	JP	Fm5	0,46862	0,00147	<i>Amiμ8</i>	JP	Fm5	0,42840	0,00193
<i>Amiμ11</i>	JP	Fm5	0,29752	0,00411	<i>Amiμ11</i>	JP	Fm5	0,42758	0,00165
<i>Amiμ13</i>	JP	Fm5	0,02304*	0,00150	<i>Amiμ13</i>	JP	Fm5	0,11537	0,00259
<i>Amiμ20</i>	JP	Fm5	0,01577*	0,00153	<i>Amiμ20</i>	JP	Fm5	0,14379	0,00271

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau2</i>	JP	Fm5	0,00525**	0,00071	<i>Clau2</i>	JP	Fm5	0,02940*	0,00153
<i>Clau5</i>	JP	Fm5	0,00577**	0,00075	<i>Clau5</i>	JP	Fm5	0,03034*	0,00122
<i>Clau6</i>	JP	Fm5	0,03193*	0,00175	<i>Clau6</i>	JP	Fm5	0,02639*	0,00174
<i>Clau7</i>	JP	Fm5	0,15854	0,00398	<i>Clau7</i>	JP	Fm5	0,14330	0,00259
<i>Clau8</i>	JP	Fm5	0,00097**	0,00024	<i>Clau8</i>	JP	Fm5	0,02924*	0,00123
<i>Clau9</i>	JP	Fm5	0,61238	0,00311	<i>Clau9</i>	JP	Fm5	0,43233	0,00229
<i>Clau10</i>	JP	Fm5	0,47277	0,00429	<i>Clau10</i>	JP	Fm5	0,42977	0,00437
<i>Amiu8</i>	JP	FNA	0,25491	0,00212	<i>Amiu8</i>	JP	FNA	0,11196	0,00136
<i>Amiu11</i>	JP	FNA	0,22724	0,00332	<i>Amiu11</i>	JP	FNA	0,32101	0,00270
<i>Amiu13</i>	JP	FNA	0,31564	0,00607	<i>Amiu13</i>	JP	FNA	0,40579	0,00548
<i>Amiu20</i>	JP	FNA	0,27730	0,00633	<i>Amiu20</i>	JP	FNA	0,37346	0,00518
<i>Clau2</i>	JP	FNA	0,16140	0,00584	<i>Clau2</i>	JP	FNA	0,32680	0,00518
<i>Clau5</i>	JP	FNA	0,70210	0,00689	<i>Clau5</i>	JP	FNA	0,71693	0,00505
<i>Clau6</i>	JP	FNA	0,30890	0,00472	<i>Clau6</i>	JP	FNA	0,70636	0,00404
<i>Clau7</i>	JP	FNA	0,65880	0,00435	<i>Clau7</i>	JP	FNA	0,61988	0,00446
<i>Clau8</i>	JP	FNA	0,32509	0,00659	<i>Clau8</i>	JP	FNA	0,26378	0,00417
<i>Clau9</i>	JP	FNA	0,19348	0,00309	<i>Clau9</i>	JP	FNA	0,18058	0,00307
<i>Clau10</i>	JP	FNA	0,87378	0,00461	<i>Clau10</i>	JP	FNA	0,90530	0,00291
<i>Amiu8</i>	JP	GR	1,00000	0,00000	<i>Amiu8</i>	JP	GR	1,00000	0,00000
<i>Amiu11</i>	JP	GR	0,21834	0,00435	<i>Amiu11</i>	JP	GR	0,28337	0,00336
<i>Amiu13</i>	JP	GR	0,00846**	0,00098	<i>Amiu13</i>	JP	GR	0,02233*	0,00106
<i>Amiu20</i>	JP	GR	0,00074**	0,00034	<i>Amiu20</i>	JP	GR	0,00828**	0,00070
<i>Clau2</i>	JP	GR	0,07550	0,00235	<i>Clau2</i>	JP	GR	0,16679	0,00303
<i>Clau5</i>	JP	GR	0,03116*	0,00250	<i>Clau5</i>	JP	GR	0,19884	0,00381
<i>Clau6</i>	JP	GR	0,00692**	0,00069	<i>Clau6</i>	JP	GR	0,04008*	0,00140
<i>Clau7</i>	JP	GR	0,00090**	0,00030	<i>Clau7</i>	JP	GR	0,00746**	0,00056
<i>Clau8</i>	JP	GR	0,20161	0,00424	<i>Clau8</i>	JP	GR	0,12370	0,00262
<i>Clau9</i>	JP	GR	0,01170*	0,00106	<i>Clau9</i>	JP	GR	0,00962**	0,00079
<i>Clau10</i>	JP	GR	0,86520	0,00260	<i>Clau10</i>	JP	GR	0,78380	0,00313
<i>Amiu8</i>	JP	PA	0,27734	0,00174	<i>Amiu8</i>	JP	PA	0,53741	0,00137
<i>Amiu11</i>	JP	PA	0,22902	0,00399	<i>Amiu11</i>	JP	PA	0,13351	0,00240
<i>Amiu13</i>	JP	PA	0,02840*	0,00168	<i>Amiu13</i>	JP	PA	0,03547*	0,00129
<i>Amiu20</i>	JP	PA	0,62072	0,00611	<i>Amiu20</i>	JP	PA	0,52242	0,00508
<i>Clau2</i>	JP	PA	0,00075**	0,00022	<i>Clau2</i>	JP	PA	0,02136*	0,00143
<i>Clau5</i>	JP	PA	0,17550	0,00570	<i>Clau5</i>	JP	PA	0,06099	0,00244
<i>Clau6</i>	JP	PA	0,05142	0,00233	<i>Clau6</i>	JP	PA	0,13864	0,00307
<i>Clau7</i>	JP	PA	0,72075	0,00527	<i>Clau7</i>	JP	PA	0,66792	0,00477
<i>Clau8</i>	JP	PA	0,10003	0,00282	<i>Clau8</i>	JP	PA	0,05833	0,00184
<i>Clau9</i>	JP	PA	0,68681	0,00178	<i>Clau9</i>	JP	PA	0,30489	0,00190
<i>Clau10</i>	JP	PA	0,07279	0,00314	<i>Clau10</i>	JP	PA	0,02160*	0,00138
<i>Amiu8</i>	JP	PR	No	information	<i>Amiu8</i>	JP	PR	Only	one
<i>Amiu11</i>	JP	PR	0,47113	0,00388	<i>Amiu11</i>	JP	PR	0,42943	0,00181

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Amiμ13</i>	JP	PR	0,09067	0,00314	<i>Amiμ13</i>	JP	PR	0,11419	0,00257
<i>Amiμ20</i>	JP	PR	0,00147**	0,00036	<i>Amiμ20</i>	JP	PR	0,05605	0,00189
<i>Claiμ2</i>	JP	PR	0,10547	0,00298	<i>Claiμ2</i>	JP	PR	0,25582	0,00348
<i>Claiμ5</i>	JP	PR	0,02563*	0,00161	<i>Claiμ5</i>	JP	PR	0,08633	0,00219
<i>Claiμ6</i>	JP	PR	0,03823*	0,00149	<i>Claiμ6</i>	JP	PR	0,31507	0,00401
<i>Claiμ7</i>	JP	PR	0,00337**	0,00046	<i>Claiμ7</i>	JP	PR	0,02720*	0,00120
<i>Claiμ8</i>	JP	PR	0,00253**	0,00038	<i>Claiμ8</i>	JP	PR	0,02897*	0,00132
<i>Claiμ9</i>	JP	PR	0,13719	0,00189	<i>Claiμ9</i>	JP	PR	0,11498	0,00207
<i>Claiμ10</i>	JP	PR	0,64708	0,00507	<i>Claiμ10</i>	JP	PR	0,59447	0,00447
<i>Amiμ8</i>	JP	PT	0,00036**	0,00009	<i>Amiμ8</i>	JP	PT	0,00112**	0,00023
<i>Amiμ11</i>	JP	PT	0,03763*	0,00231	<i>Amiμ11</i>	JP	PT	0,06455	0,00276
<i>Amiμ13</i>	JP	PT	0,08837	0,00386	<i>Amiμ13</i>	JP	PT	0,17832	0,00588
<i>Amiμ20</i>	JP	PT	0,00302**	0,00072	<i>Amiμ20</i>	JP	PT	0,02959*	0,00167
<i>Claiμ2</i>	JP	PT	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ2</i>	JP	PT	0,00216**	0,00043
<i>Claiμ5</i>	JP	PT	0,00242**	0,00063	<i>Claiμ5</i>	JP	PT	0,01305*	0,00125
<i>Claiμ6</i>	JP	PT	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ6</i>	JP	PT	0,00208**	0,00034
<i>Claiμ7</i>	JP	PT	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ7</i>	JP	PT	0,00021**	0,00010
<i>Claiμ8</i>	JP	PT	0,00151**	0,00048	<i>Claiμ8</i>	JP	PT	0,00526**	0,00079
<i>Claiμ9</i>	JP	PT	0,72711	0,00376	<i>Claiμ9</i>	JP	PT	0,29375	0,00391
<i>Claiμ10</i>	JP	PT	0,00149**	0,00041	<i>Claiμ10</i>	JP	PT	0,00232**	0,00052
<i>Amiμ8</i>	JP	VG	No	information	<i>Amiμ8</i>	JP	VG	Only	one
<i>Amiμ11</i>	JP	VG	0,85193	0,00233	<i>Amiμ11</i>	JP	VG	0,60019	0,00278
<i>Amiμ13</i>	JP	VG	0,82283	0,00265	<i>Amiμ13</i>	JP	VG	0,80303	0,00265
<i>Amiμ20</i>	JP	VG	0,33917	0,00457	<i>Amiμ20</i>	JP	VG	No	information
<i>Claiμ2</i>	JP	VG	0,01068*	0,00089	<i>Claiμ2</i>	JP	VG	0,06782	0,00252
<i>Claiμ5</i>	JP	VG	0,76687	0,00476	<i>Claiμ5</i>	JP	VG	0,73496	0,00382
<i>Claiμ6</i>	JP	VG	0,00549**	0,00069	<i>Claiμ6</i>	JP	VG	0,20089	0,00296
<i>Claiμ7</i>	JP	VG	0,03377*	0,00235	<i>Claiμ7</i>	JP	VG	0,20246	0,00387
<i>Claiμ8</i>	JP	VG	0,14829	0,00272	<i>Claiμ8</i>	JP	VG	0,20321	0,00296
<i>Claiμ9</i>	JP	VG	1,00000	0,00000	<i>Claiμ9</i>	JP	VG	1,00000	0,00000
<i>Claiμ10</i>	JP	VG	0,01459*	0,00112	<i>Claiμ10</i>	JP	VG	0,06434	0,00233
<i>Amiμ8</i>	LTSE	ANG	No	information	<i>Amiμ8</i>	LTSE	ANG	Only	one
<i>Amiμ11</i>	LTSE	ANG	0,73296	0,00389	<i>Amiμ11</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Amiμ13</i>	LTSE	ANG	0,20269	0,00315	<i>Amiμ13</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Amiμ20</i>	LTSE	ANG	Only	one	<i>Amiμ20</i>	LTSE	ANG	Only	one
<i>Claiμ2</i>	LTSE	ANG	0,47112	0,00469	<i>Claiμ2</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Claiμ5</i>	LTSE	ANG	1,00000	0,00000	<i>Claiμ5</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Claiμ6</i>	LTSE	ANG	1,00000	0,00000	<i>Claiμ6</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Claiμ7</i>	LTSE	ANG	0,06541	0,00123	<i>Claiμ7</i>	LTSE	ANG	0,33240	0,00173
<i>Claiμ8</i>	LTSE	ANG	0,73877	0,00362	<i>Claiμ8</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Claiμ9</i>	LTSE	ANG	0,20074	0,00312	<i>Claiμ9</i>	LTSE	ANG	No	information
<i>Claiμ10</i>	LTSE	ANG	0,47256	0,00506	<i>Claiμ10</i>	LTSE	ANG	No	information

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica				Genotípica					
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	ProbabilidadeEP		
<i>Ami</i> μ8	LTSE	CH	0,48284	0,00162	<i>Ami</i> μ8	LTSE	CH	0,69214	0,00261
<i>Ami</i> μ11	LTSE	CH	0,14851	0,00348	<i>Ami</i> μ11	LTSE	CH	0,15314	0,00340
<i>Ami</i> μ13	LTSE	CH	0,02427*	0,00197	<i>Ami</i> μ13	LTSE	CH	0,15986	0,00555
<i>Ami</i> μ20	LTSE	CH	0,38837	0,00754	<i>Ami</i> μ20	LTSE	CH	0,33376	0,00719
<i>Clai</i> μ2	LTSE	CH	0,00684**	0,00082	<i>Clai</i> μ2	LTSE	CH	0,15080	0,00429
<i>Clai</i> μ5	LTSE	CH	0,07533	0,00422	<i>Clai</i> μ5	LTSE	CH	0,23246	0,00633
<i>Clai</i> μ6	LTSE	CH	0,68650	0,00532	<i>Clai</i> μ6	LTSE	CH	0,45987	0,00487
<i>Clai</i> μ7	LTSE	CH	0,72326	0,00518	<i>Clai</i> μ7	LTSE	CH	0,62643	0,00618
<i>Clai</i> μ8	LTSE	CH	0,28815	0,00745	<i>Clai</i> μ8	LTSE	CH	0,22396	0,00644
<i>Clai</i> μ9	LTSE	CH	0,71827	0,00280	<i>Clai</i> μ9	LTSE	CH	1,00000	0,00000
<i>Clai</i> μ10	LTSE	CH	0,02058*	0,00174	<i>Clai</i> μ10	LTSE	CH	0,08024	0,00282
<i>Ami</i> μ8	LTSE	DF	1,00000	0,00000	<i>Ami</i> μ8	LTSE	DF	1,00000	0,00000
<i>Ami</i> μ11	LTSE	DF	0,11769	0,00302	<i>Ami</i> μ11	LTSE	DF	0,13429	0,00481
<i>Ami</i> μ13	LTSE	DF	0,00143**	0,00030	<i>Ami</i> μ13	LTSE	DF	0,03530*	0,00237
<i>Ami</i> μ20	LTSE	DF	0,32497	0,00884	<i>Ami</i> μ20	LTSE	DF	0,37467	0,01156
<i>Clai</i> μ2	LTSE	DF	0,00075**	0,00024	<i>Clai</i> μ2	LTSE	DF	0,04267*	0,00209
<i>Clai</i> μ5	LTSE	DF	0,03570*	0,00151	<i>Clai</i> μ5	LTSE	DF	0,03873*	0,00200
<i>Clai</i> μ6	LTSE	DF	0,43825	0,00467	<i>Clai</i> μ6	LTSE	DF	0,37165	0,00595
<i>Clai</i> μ7	LTSE	DF	0,25502	0,00731	<i>Clai</i> μ7	LTSE	DF	0,28414	0,00766
<i>Clai</i> μ8	LTSE	DF	0,04160*	0,00181	<i>Clai</i> μ8	LTSE	DF	0,08004	0,00339
<i>Clai</i> μ9	LTSE	DF	1,00000	0,00000	<i>Clai</i> μ9	LTSE	DF	1,00000	0,00000
<i>Clai</i> μ10	LTSE	DF	0,00820**	0,00125	<i>Clai</i> μ10	LTSE	DF	0,04213*	0,00286
<i>Ami</i> μ8	LTSE	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Ami</i> μ8	LTSE	Fm1	0,40352	0,00201
<i>Ami</i> μ11	LTSE	Fm1	0,19956	0,00217	<i>Ami</i> μ11	LTSE	Fm1	0,19637	0,00178
<i>Ami</i> μ13	LTSE	Fm1	0,13663	0,00456	<i>Ami</i> μ13	LTSE	Fm1	0,20489	0,00249
<i>Ami</i> μ20	LTSE	Fm1	0,37344	0,00366	<i>Ami</i> μ20	LTSE	Fm1	0,39511	0,00423
<i>Clai</i> μ2	LTSE	Fm1	0,02201*	0,00095	<i>Clai</i> μ2	LTSE	Fm1	0,20358	0,00259
<i>Clai</i> μ5	LTSE	Fm1	0,06259	0,00228	<i>Clai</i> μ5	LTSE	Fm1	0,19987	0,00263
<i>Clai</i> μ6	LTSE	Fm1	0,04571*	0,00180	<i>Clai</i> μ6	LTSE	Fm1	0,19883	0,00208
<i>Clai</i> μ7	LTSE	Fm1	0,44727	0,00181	<i>Clai</i> μ7	LTSE	Fm1	0,39792	0,00374
<i>Clai</i> μ8	LTSE	Fm1	0,13237	0,00402	<i>Clai</i> μ8	LTSE	Fm1	0,40279	0,00318
<i>Clai</i> μ9	LTSE	Fm1	0,66538	0,00267	<i>Clai</i> μ9	LTSE	Fm1	0,39901	0,00173
<i>Clai</i> μ10	LTSE	Fm1	0,53763	0,00472	<i>Clai</i> μ10	LTSE	Fm1	0,39694	0,00427
<i>Ami</i> μ8	LTSE	Fm5	1,00000	0,00000	<i>Ami</i> μ8	LTSE	Fm5	1,00000	0,00000
<i>Ami</i> μ11	LTSE	Fm5	0,20561	0,00248	<i>Ami</i> μ11	LTSE	Fm5	0,20287	0,00193
<i>Ami</i> μ13	LTSE	Fm5	0,06844	0,00263	<i>Ami</i> μ13	LTSE	Fm5	0,19797	0,00283
<i>Ami</i> μ20	LTSE	Fm5	0,37579	0,00372	<i>Ami</i> μ20	LTSE	Fm5	0,39444	0,00337
<i>Clai</i> μ2	LTSE	Fm5	0,04457*	0,00131	<i>Clai</i> μ2	LTSE	Fm5	0,20351	0,00233
<i>Clai</i> μ5	LTSE	Fm5	0,06748	0,00245	<i>Clai</i> μ5	LTSE	Fm5	0,19967	0,00245
<i>Clai</i> μ6	LTSE	Fm5	0,46676	0,00182	<i>Clai</i> μ6	LTSE	Fm5	0,19922	0,00196
<i>Clai</i> μ7	LTSE	Fm5	0,13609	0,00222	<i>Clai</i> μ7	LTSE	Fm5	0,20622	0,00313
<i>Clai</i> μ8	LTSE	Fm5	0,04643*	0,00178	<i>Clai</i> μ8	LTSE	Fm5	0,20453	0,00298

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica				Genotípica					
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	ProbabilidadeEP		
<i>Clau9</i>	LTSE	Fm5	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	LTSE	Fm5	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	LTSE	Fm5	0,04223*	0,00161	<i>Clau10</i>	LTSE	Fm5	0,19735	0,00227
<i>Amiμ8</i>	LTSE	FNA	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	LTSE	FNA	0,50209	0,00140
<i>Amiμ11</i>	LTSE	FNA	0,13443	0,00291	<i>Amiμ11</i>	LTSE	FNA	0,25959	0,00378
<i>Amiμ13</i>	LTSE	FNA	0,44913	0,00784	<i>Amiμ13</i>	LTSE	FNA	0,49603	0,00604
<i>Amiμ20</i>	LTSE	FNA	0,71291	0,00856	<i>Amiμ20</i>	LTSE	FNA	0,75406	0,00583
<i>Clau2</i>	LTSE	FNA	0,06448	0,00271	<i>Clau2</i>	LTSE	FNA	0,29237	0,00464
<i>Clau5</i>	LTSE	FNA	0,55003	0,00868	<i>Clau5</i>	LTSE	FNA	No	information
<i>Clau6</i>	LTSE	FNA	0,64912	0,00435	<i>Clau6</i>	LTSE	FNA	0,87452	0,00343
<i>Clau7</i>	LTSE	FNA	0,53720	0,00799	<i>Clau7</i>	LTSE	FNA	0,49980	0,00544
<i>Clau8</i>	LTSE	FNA	0,54308	0,01030	<i>Clau8</i>	LTSE	FNA	No	information
<i>Clau9</i>	LTSE	FNA	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	LTSE	FNA	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	LTSE	FNA	0,19551	0,00701	<i>Clau10</i>	LTSE	FNA	0,38228	0,00518
<i>Amiμ8</i>	LTSE	GR	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	LTSE	GR	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	LTSE	GR	0,09409	0,00360	<i>Amiμ11</i>	LTSE	GR	0,33466	0,00331
<i>Amiμ13</i>	LTSE	GR	0,08159	0,00265	<i>Amiμ13</i>	LTSE	GR	0,17125	0,00289
<i>Amiμ20</i>	LTSE	GR	0,09345	0,00360	<i>Amiμ20</i>	LTSE	GR	0,17293	0,00394
<i>Clau2</i>	LTSE	GR	0,03041*	0,00151	<i>Clau2</i>	LTSE	GR	0,16744	0,00252
<i>Clau5</i>	LTSE	GR	0,27562	0,00604	<i>Clau5</i>	LTSE	GR	No	information
<i>Clau6</i>	LTSE	GR	1,00000	0,00000	<i>Clau6</i>	LTSE	GR	1,00000	0,00000
<i>Clau7</i>	LTSE	GR	1,00000	0,00000	<i>Clau7</i>	LTSE	GR	1,00000	0,00000
<i>Clau8</i>	LTSE	GR	0,54419	0,00652	<i>Clau8</i>	LTSE	GR	0,33294	0,00424
<i>Clau9</i>	LTSE	GR	0,22607	0,00432	<i>Clau9</i>	LTSE	GR	0,16440	0,00274
<i>Clau10</i>	LTSE	GR	0,15953	0,00436	<i>Clau10</i>	LTSE	GR	0,32928	0,00370
<i>Amiμ8</i>	LTSE	JP	No	information	<i>Amiμ8</i>	LTSE	JP	Only	one
<i>Amiμ11</i>	LTSE	JP	0,33080	0,00460	<i>Amiμ11</i>	LTSE	JP	0,20089	0,00259
<i>Amiμ13</i>	LTSE	JP	0,52735	0,00511	<i>Amiμ13</i>	LTSE	JP	0,40151	0,00408
<i>Amiμ20</i>	LTSE	JP	0,32368	0,00501	<i>Amiμ20</i>	LTSE	JP	No	information
<i>Clau2</i>	LTSE	JP	0,04522*	0,00201	<i>Clau2</i>	LTSE	JP	No	information
<i>Clau5</i>	LTSE	JP	0,77420	0,00544	<i>Clau5</i>	LTSE	JP	0,60157	0,00418
<i>Clau6</i>	LTSE	JP	0,06578	0,00202	<i>Clau6</i>	LTSE	JP	No	information
<i>Clau7</i>	LTSE	JP	0,04268*	0,00151	<i>Clau7</i>	LTSE	JP	0,20181	0,00336
<i>Clau8</i>	LTSE	JP	0,28666	0,00419	<i>Clau8</i>	LTSE	JP	0,40491	0,00375
<i>Clau9</i>	LTSE	JP	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	LTSE	JP	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	LTSE	JP	0,22220	0,00600	<i>Clau10</i>	LTSE	JP	No	information
<i>Amiμ8</i>	LTSE	PA	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	LTSE	PA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	LTSE	PA	0,00579**	0,00064	<i>Amiμ11</i>	LTSE	PA	0,09965	0,00200
<i>Amiμ13</i>	LTSE	PA	0,00478**	0,00047	<i>Amiμ13</i>	LTSE	PA	0,10057	0,00203
<i>Amiμ20</i>	LTSE	PA	0,18264	0,00476	<i>Amiμ20</i>	LTSE	PA	0,18777	0,00390
<i>Clau2</i>	LTSE	PA	0,00529**	0,00057	<i>Clau2</i>	LTSE	PA	0,09772	0,00284
<i>Clau5</i>	LTSE	PA	0,14981	0,00364	<i>Clau5</i>	LTSE	PA	0,10211	0,00275
<i>Clau6</i>	LTSE	PA	0,29863	0,00221	<i>Clau6</i>	LTSE	PA	0,50220	0,00491

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica				Genotípica					
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	ProbabilidadeEP		
<i>Clau7</i>	LTSE	PA	0,10382	0,00397	<i>Clau7</i>	LTSE	PA	0,20166	0,00469
<i>Clau8</i>	LTSE	PA	0,19507	0,00367	<i>Clau8</i>	LTSE	PA	0,11378	0,00217
<i>Clau9</i>	LTSE	PA	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	LTSE	PA	Only	one
<i>Clau10</i>	LTSE	PA	0,03281*	0,00243	<i>Clau10</i>	LTSE	PA	0,09913	0,00348
<i>Amiμ8</i>	LTSE	PR	No	information	<i>Amiμ8</i>	LTSE	PR	Only	one
<i>Amiμ11</i>	LTSE	PR	0,35509	0,00313	<i>Amiμ11</i>	LTSE	PR	0,25079	0,00186
<i>Amiμ13</i>	LTSE	PR	0,21279	0,00512	<i>Amiμ13</i>	LTSE	PR	0,50786	0,00356
<i>Amiμ20</i>	LTSE	PR	0,03877*	0,00136	<i>Amiμ20</i>	LTSE	PR	0,24762	0,00183
<i>Clau2</i>	LTSE	PR	0,14193	0,00272	<i>Clau2</i>	LTSE	PR	0,49760	0,00355
<i>Clau5</i>	LTSE	PR	0,07427	0,00215	<i>Clau5</i>	LTSE	PR	0,24696	0,00266
<i>Clau6</i>	LTSE	PR	0,42904	0,00253	<i>Clau6</i>	LTSE	PR	0,50198	0,00375
<i>Clau7</i>	LTSE	PR	0,07009	0,00171	<i>Clau7</i>	LTSE	PR	0,49686	0,00404
<i>Clau8</i>	LTSE	PR	0,14394	0,00314	<i>Clau8</i>	LTSE	PR	No	information
<i>Clau9</i>	LTSE	PR	0,46605	0,00213	<i>Clau9</i>	LTSE	PR	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	LTSE	PR	0,56696	0,00546	<i>Clau10</i>	LTSE	PR	No	information
<i>Amiμ8</i>	LTSE	PT	0,10637	0,00161	<i>Amiμ8</i>	LTSE	PT	0,14693	0,00232
<i>Amiμ11</i>	LTSE	PT	0,00946**	0,00083	<i>Amiμ11</i>	LTSE	PT	0,04705*	0,00254
<i>Amiμ13</i>	LTSE	PT	0,17258	0,00578	<i>Amiμ13</i>	LTSE	PT	0,15660	0,00483
<i>Amiμ20</i>	LTSE	PT	0,12730	0,00522	<i>Amiμ20</i>	LTSE	PT	0,25676	0,00706
<i>Clau2</i>	LTSE	PT	0,00314**	0,00053	<i>Clau2</i>	LTSE	PT	0,09386	0,00370
<i>Clau5</i>	LTSE	PT	0,08434	0,00439	<i>Clau5</i>	LTSE	PT	0,18987	0,00655
<i>Clau6</i>	LTSE	PT	0,07155	0,00229	<i>Clau6</i>	LTSE	PT	0,09961	0,00291
<i>Clau7</i>	LTSE	PT	0,00688**	0,00071	<i>Clau7</i>	LTSE	PT	0,09698	0,00239
<i>Clau8</i>	LTSE	PT	0,23327	0,00676	<i>Clau8</i>	LTSE	PT	0,24685	0,00812
<i>Clau9</i>	LTSE	PT	0,68405	0,00510	<i>Clau9</i>	LTSE	PT	1,00000	0,00000
<i>Clau10</i>	LTSE	PT	0,01324*	0,00153	<i>Clau10</i>	LTSE	PT	0,04125*	0,00254
<i>Amiμ8</i>	LTSE	VG	No	information	<i>Amiμ8</i>	LTSE	VG	Only	one
<i>Amiμ11</i>	LTSE	VG	0,46872	0,00442	<i>Amiμ11</i>	LTSE	VG	No	information
<i>Amiμ13</i>	LTSE	VG	0,20641	0,00281	<i>Amiμ13</i>	LTSE	VG	No	information
<i>Amiμ20</i>	LTSE	VG	0,73283	0,00356	<i>Amiμ20</i>	LTSE	VG	No	information
<i>Clau2</i>	LTSE	VG	0,06744	0,00138	<i>Clau2</i>	LTSE	VG	0,33413	0,00191
<i>Clau5</i>	LTSE	VG	1,00000	0,00000	<i>Clau5</i>	LTSE	VG	No	information
<i>Clau6</i>	LTSE	VG	No	information	<i>Clau6</i>	LTSE	VG	Only	one
<i>Clau7</i>	LTSE	VG	1,00000	0,00000	<i>Clau7</i>	LTSE	VG	No	information
<i>Clau8</i>	LTSE	VG	0,59724	0,00292	<i>Clau8</i>	LTSE	VG	0,33009	0,00191
<i>Clau9</i>	LTSE	VG	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	LTSE	VG	Only	one
<i>Clau10</i>	LTSE	VG	0,60427	0,00280	<i>Clau10</i>	LTSE	VG	0,33463	0,00188
<i>Amiμ8</i>	PA	Fm1	0,63451	0,00179	<i>Amiμ8</i>	PA	Fm1	0,72612	0,00248
<i>Amiμ11</i>	PA	Fm1	0,00032**	0,00013	<i>Amiμ11</i>	PA	Fm1	0,00303**	0,00041
<i>Amiμ13</i>	PA	Fm1	0,00025**	0,00014	<i>Amiμ13</i>	PA	Fm1	0,00115**	0,00022
<i>Amiμ20</i>	PA	Fm1	0,00267**	0,00044	<i>Amiμ20</i>	PA	Fm1	0,00496**	0,00069
<i>Clau2</i>	PA	Fm1	0,03924*	0,00188	<i>Clau2</i>	PA	Fm1	0,03749	0,00216

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau5</i>	PA	Fm1	0,00236**	0,00040	<i>Clau5</i>	PA	Fm1	0,00163**	0,00033
<i>Clau6</i>	PA	Fm1	0,10622	0,00219	<i>Clau6</i>	PA	Fm1	0,19745	0,00292
<i>Clau7</i>	PA	Fm1	0,14127	0,00364	<i>Clau7</i>	PA	Fm1	0,03742*	0,00184
<i>Clau8</i>	PA	Fm1	0,00020**	0,00015	<i>Clau8</i>	PA	Fm1	0,00259**	0,00040
<i>Clau9</i>	PA	Fm1	0,01651*	0,00090	<i>Clau9</i>	PA	Fm1	0,01461*	0,00062
<i>Clau10</i>	PA	Fm1	0,01335*	0,00172	<i>Clau10</i>	PA	Fm1	0,00186**	0,00039
<i>Amiμ8</i>	PA	Fm5	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	PA	Fm5	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	PA	Fm5	0,00061**	0,00017	<i>Amiμ11</i>	PA	Fm5	0,00236**	0,00037
<i>Amiμ13</i>	PA	Fm5	0,00002**	0,00002	<i>Amiμ13</i>	PA	Fm5	0,00129**	0,00027
<i>Amiμ20</i>	PA	Fm5	0,00313**	0,00063	<i>Amiμ20</i>	PA	Fm5	0,00529**	0,00074
<i>Clau2</i>	PA	Fm5	0,08705	0,00284	<i>Clau2</i>	PA	Fm5	0,20294	0,00438
<i>Clau5</i>	PA	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau5</i>	PA	Fm5	0,00157**	0,00038
<i>Clau6</i>	PA	Fm5	0,10986	0,00276	<i>Clau6</i>	PA	Fm5	0,09006	0,00256
<i>Clau7</i>	PA	Fm5	0,06213	0,00347	<i>Clau7</i>	PA	Fm5	0,02010*	0,00142
<i>Clau8</i>	PA	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau8</i>	PA	Fm5	0,00212**	0,00037
<i>Clau9</i>	PA	Fm5	0,13062	0,00279	<i>Clau9</i>	PA	Fm5	0,07654	0,00133
<i>Clau10</i>	PA	Fm5	0,04118*	0,00233	<i>Clau10</i>	PA	Fm5	0,01350*	0,00101
<i>Amiμ8</i>	PA	FNA	0,70330	0,00177	<i>Amiμ8</i>	PA	FNA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	PA	FNA	0,00165**	0,00034	<i>Amiμ11</i>	PA	FNA	0,00140**	0,00023
<i>Amiμ13</i>	PA	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	PA	FNA	0,00001**	0,00001
<i>Amiμ20</i>	PA	FNA	0,06359	0,00384	<i>Amiμ20</i>	PA	FNA	0,12235	0,00491
<i>Clau2</i>	PA	FNA	0,06991	0,00366	<i>Clau2</i>	PA	FNA	0,16860	0,00386
<i>Clau5</i>	PA	FNA	0,01576*	0,00220	<i>Clau5</i>	PA	FNA	0,00337**	0,00056
<i>Clau6</i>	PA	FNA	0,39080	0,00564	<i>Clau6</i>	PA	FNA	0,45973	0,00487
<i>Clau7</i>	PA	FNA	0,28944	0,00684	<i>Clau7</i>	PA	FNA	0,23856	0,00428
<i>Clau8</i>	PA	FNA	0,00058**	0,00028	<i>Clau8</i>	PA	FNA	0,00014**	0,00009
<i>Clau9</i>	PA	FNA	0,05657	0,00197	<i>Clau9</i>	PA	FNA	0,01817*	0,00147
<i>Clau10</i>	PA	FNA	0,03423*	0,00227	<i>Clau10</i>	PA	FNA	0,04150*	0,00196
<i>Amiμ8</i>	PR	ANG	No	information	<i>Amiμ8</i>	PR	ANG	Only	one
<i>Amiμ11</i>	PR	ANG	0,70801	0,00229	<i>Amiμ11</i>	PR	ANG	0,39861	0,00181
<i>Amiμ13</i>	PR	ANG	0,08781	0,00263	<i>Amiμ13</i>	PR	ANG	0,30250	0,00333
<i>Amiμ20</i>	PR	ANG	Only	one	<i>Amiμ20</i>	PR	ANG	Only	one
<i>Clau2</i>	PR	ANG	0,65704	0,00362	<i>Clau2</i>	PR	ANG	0,60601	0,00368
<i>Clau5</i>	PR	ANG	0,14025	0,00354	<i>Clau5</i>	PR	ANG	0,10041	0,00169
<i>Clau6</i>	PR	ANG	0,31439	0,00457	<i>Clau6</i>	PR	ANG	0,40324	0,00389
<i>Clau7</i>	PR	ANG	0,00989**	0,00073	<i>Clau7</i>	PR	ANG	0,19462	0,00240
<i>Clau8</i>	PR	ANG	0,04760*	0,00180	<i>Clau8</i>	PR	ANG	No	information
<i>Clau9</i>	PR	ANG	0,03219*	0,00147	<i>Clau9</i>	PR	ANG	0,09853	0,00213
<i>Clau10</i>	PR	ANG	1,00000	0,00000	<i>Clau10</i>	PR	ANG	1,00000	0,00000
<i>Amiμ8</i>	PR	CH	0,05652	0,00138	<i>Amiμ8</i>	PR	CH	0,08732	0,00193
<i>Amiμ11</i>	PR	CH	0,00762**	0,00079	<i>Amiμ11</i>	PR	CH	0,01059*	0,00106
<i>Amiμ13</i>	PR	CH	0,59996	0,00640	<i>Amiμ13</i>	PR	CH	0,59036	0,00539

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Amiμ20</i>	PR	CH	0,00013**	0,00007	<i>Amiμ20</i>	PR	CH	0,00281**	0,00067
<i>Claiμ2</i>	PR	CH	0,00200**	0,00034	<i>Claiμ2</i>	PR	CH	0,04196*	0,00238
<i>Claiμ5</i>	PR	CH	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ5</i>	PR	CH	0,00139**	0,00031
<i>Claiμ6</i>	PR	CH	0,00768**	0,00087	<i>Claiμ6</i>	PR	CH	0,02686*	0,00154
<i>Claiμ7</i>	PR	CH	0,00143**	0,00030	<i>Claiμ7</i>	PR	CH	0,00436**	0,00046
<i>Claiμ8</i>	PR	CH	0,00025**	0,00015	<i>Claiμ8</i>	PR	CH	0,00420**	0,00054
<i>Claiμ9</i>	PR	CH	0,03087*	0,00157	<i>Claiμ9</i>	PR	CH	0,02979*	0,00126
<i>Claiμ10</i>	PR	CH	0,01955*	0,00184	<i>Claiμ10</i>	PR	CH	0,03126*	0,00236
<i>Amiμ8</i>	PR	DF	1,00000	0,00000	<i>Amiμ8</i>	PR	DF	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	PR	DF	0,81433	0,00339	<i>Amiμ11</i>	PR	DF	0,55379	0,00578
<i>Amiμ13</i>	PR	DF	0,00132**	0,00036	<i>Amiμ13</i>	PR	DF	0,00832**	0,00123
<i>Amiμ20</i>	PR	DF	0,00511**	0,00098	<i>Amiμ20</i>	PR	DF	0,01955*	0,00180
<i>Claiμ2</i>	PR	DF	0,00091**	0,00022	<i>Claiμ2</i>	PR	DF	0,00930**	0,00090
<i>Claiμ5</i>	PR	DF	0,00773**	0,00067	<i>Claiμ5</i>	PR	DF	0,00359**	0,00046
<i>Claiμ6</i>	PR	DF	0,00343**	0,00057	<i>Claiμ6</i>	PR	DF	0,05108	0,00220
<i>Claiμ7</i>	PR	DF	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ7</i>	PR	DF	0,00058**	0,00023
<i>Claiμ8</i>	PR	DF	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ8</i>	PR	DF	0,00014**	0,00010
<i>Claiμ9</i>	PR	DF	0,05319	0,00211	<i>Claiμ9</i>	PR	DF	0,06562	0,00326
<i>Claiμ10</i>	PR	DF	0,02105*	0,00184	<i>Claiμ10</i>	PR	DF	0,01749*	0,00146
<i>Amiμ8</i>	PR	Fm1	0,20884	0,00185	<i>Amiμ8</i>	PR	Fm1	0,14259	0,00169
<i>Amiμ11</i>	PR	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Amiμ11</i>	PR	Fm1	Only	one
<i>Amiμ13</i>	PR	Fm1	0,35058	0,00467	<i>Amiμ13</i>	PR	Fm1	0,33814	0,00379
<i>Amiμ20</i>	PR	Fm1	0,00453**	0,00039	<i>Amiμ20</i>	PR	Fm1	0,05872	0,00174
<i>Claiμ2</i>	PR	Fm1	0,00053**	0,00017	<i>Claiμ2</i>	PR	Fm1	0,02674*	0,00128
<i>Claiμ5</i>	PR	Fm1	0,00087**	0,00022	<i>Claiμ5</i>	PR	Fm1	0,02987*	0,00133
<i>Claiμ6</i>	PR	Fm1	0,00172**	0,00032	<i>Claiμ6</i>	PR	Fm1	0,02573*	0,00116
<i>Claiμ7</i>	PR	Fm1	0,00054**	0,00022	<i>Claiμ7</i>	PR	Fm1	0,02792*	0,00128
<i>Claiμ8</i>	PR	Fm1	1,00000	0,00000	<i>Claiμ8</i>	PR	Fm1	1,00000	0,00000
<i>Claiμ9</i>	PR	Fm1	0,03575*	0,00127	<i>Claiμ9</i>	PR	Fm1	0,08620	0,00165
<i>Claiμ10</i>	PR	Fm1	0,57677	0,00478	<i>Claiμ10</i>	PR	Fm1	0,37381	0,00423
<i>Amiμ8</i>	PR	Fm5	0,47141	0,00171	<i>Amiμ8</i>	PR	Fm5	0,42712	0,00191
<i>Amiμ11</i>	PR	Fm5	1,00000	0,00000	<i>Amiμ11</i>	PR	Fm5	Only	one
<i>Amiμ13</i>	PR	Fm5	0,32482	0,00467	<i>Amiμ13</i>	PR	Fm5	0,49031	0,00407
<i>Amiμ20</i>	PR	Fm5	0,00449**	0,00040	<i>Amiμ20</i>	PR	Fm5	0,05448	0,00151
<i>Claiμ2</i>	PR	Fm5	0,00143**	0,00028	<i>Claiμ2</i>	PR	Fm5	0,02934*	0,00131
<i>Claiμ5</i>	PR	Fm5	0,04690*	0,00183	<i>Claiμ5</i>	PR	Fm5	0,02885*	0,00120
<i>Claiμ6</i>	PR	Fm5	0,04635*	0,00187	<i>Claiμ6</i>	PR	Fm5	0,02951*	0,00115
<i>Claiμ7</i>	PR	Fm5	0,00066**	0,00017	<i>Claiμ7</i>	PR	Fm5	0,02548*	0,00129
<i>Claiμ8</i>	PR	Fm5	0,09859	0,00252	<i>Claiμ8</i>	PR	Fm5	0,03059*	0,00120
<i>Claiμ9</i>	PR	Fm5	0,14952	0,00275	<i>Claiμ9</i>	PR	Fm5	0,16652	0,00223
<i>Claiμ10</i>	PR	Fm5	0,33018	0,00446	<i>Claiμ10</i>	PR	Fm5	0,29030	0,00358
<i>Amiμ8</i>	PR	FNA	0,26744	0,00164	<i>Amiμ8</i>	PR	FNA	0,19809	0,00166

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Amiμ11</i>	PR	FNA	1,00000	0,00000	<i>Amiμ11</i>	PR	FNA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ13</i>	PR	FNA	0,54382	0,00672	<i>Amiμ13</i>	PR	FNA	0,75099	0,00453
<i>Amiμ20</i>	PR	FNA	0,00492**	0,00075	<i>Amiμ20</i>	PR	FNA	0,03320*	0,00177
<i>Claiμ2</i>	PR	FNA	0,02148*	0,00141	<i>Claiμ2</i>	PR	FNA	0,08072	0,00246
<i>Claiμ5</i>	PR	FNA	0,16151	0,00651	<i>Claiμ5</i>	PR	FNA	0,12803	0,00324
<i>Claiμ6</i>	PR	FNA	0,11939	0,00339	<i>Claiμ6</i>	PR	FNA	0,32885	0,00470
<i>Claiμ7</i>	PR	FNA	0,00182**	0,00038	<i>Claiμ7</i>	PR	FNA	0,02800*	0,00171
<i>Claiμ8</i>	PR	FNA	0,54104	0,00777	<i>Claiμ8</i>	PR	FNA	No	information
<i>Claiμ9</i>	PR	FNA	0,35522	0,00296	<i>Claiμ9</i>	PR	FNA	0,32212	0,00362
<i>Claiμ10</i>	PR	FNA	0,64464	0,00621	<i>Claiμ10</i>	PR	FNA	0,91105	0,00265
<i>Amiμ8</i>	PR	PA	0,54174	0,00163	<i>Amiμ8</i>	PR	PA	0,59138	0,00162
<i>Amiμ11</i>	PR	PA	0,00208**	0,00030	<i>Amiμ11</i>	PR	PA	0,00467**	0,00044
<i>Amiμ13</i>	PR	PA	0,00129**	0,00035	<i>Amiμ13</i>	PR	PA	0,00383**	0,00045
<i>Amiμ20</i>	PR	PA	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ20</i>	PR	PA	0,00497**	0,00083
<i>Claiμ2</i>	PR	PA	0,00022**	0,00008	<i>Claiμ2</i>	PR	PA	0,02700*	0,00154
<i>Claiμ5</i>	PR	PA	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ5</i>	PR	PA	0,00480**	0,00056
<i>Claiμ6</i>	PR	PA	0,00067**	0,00015	<i>Claiμ6</i>	PR	PA	0,00529**	0,00061
<i>Claiμ7</i>	PR	PA	0,00680**	0,00072	<i>Claiμ7</i>	PR	PA	0,03277*	0,00200
<i>Claiμ8</i>	PR	PA	0,00009**	0,00009	<i>Claiμ8</i>	PR	PA	0,00569**	0,00052
<i>Claiμ9</i>	PR	PA	0,33784	0,00240	<i>Claiμ9</i>	PR	PA	0,04551*	0,00109
<i>Claiμ10</i>	PR	PA	0,07483	0,00336	<i>Claiμ10</i>	PR	PA	0,06137	0,00238
<i>Amiμ8</i>	PR	PT	0,00187**	0,00029	<i>Amiμ8</i>	PR	PT	0,00603**	0,00056
<i>Amiμ11</i>	PR	PT	0,05599	0,00216	<i>Amiμ11</i>	PR	PT	0,08840	0,00313
<i>Amiμ13</i>	PR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ13</i>	PR	PT	0,00208**	0,00039
<i>Amiμ20</i>	PR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Amiμ20</i>	PR	PT	0,00120**	0,00043
<i>Claiμ2</i>	PR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ2</i>	PR	PT	0,00275**	0,00052
<i>Claiμ5</i>	PR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ5</i>	PR	PT	0,00032**	0,00017
<i>Claiμ6</i>	PR	PT	0,00000**	0,00000	<i>Claiμ6</i>	PR	PT	0,00109**	0,00037
<i>Claiμ7</i>	PR	PT	0,02836*	0,00202	<i>Claiμ7</i>	PR	PT	0,02696*	0,00136
<i>Claiμ8</i>	PR	PT	0,00016**	0,00009	<i>Claiμ8</i>	PR	PT	0,00038**	0,00022
<i>Claiμ9</i>	PR	PT	0,04312*	0,00205	<i>Claiμ9</i>	PR	PT	0,02484*	0,00113
<i>Claiμ10</i>	PR	PT	0,00096**	0,00035	<i>Claiμ10</i>	PR	PT	0,00519**	0,00078
<i>Amiμ8</i>	PR	VG	No	information	<i>Amiμ8</i>	PR	VG	Only	one
<i>Amiμ11</i>	PR	VG	0,20999	0,00340	<i>Amiμ11</i>	PR	VG	0,09941	0,00200
<i>Amiμ13</i>	PR	VG	0,01840*	0,00132	<i>Amiμ13</i>	PR	VG	0,20252	0,00291
<i>Amiμ20</i>	PR	VG	0,00368**	0,00055	<i>Amiμ20</i>	PR	VG	0,10211	0,00195
<i>Claiμ2</i>	PR	VG	0,01933*	0,00109	<i>Claiμ2</i>	PR	VG	0,20221	0,00250
<i>Claiμ5</i>	PR	VG	0,03933*	0,00220	<i>Claiμ5</i>	PR	VG	0,09539	0,00217
<i>Claiμ6</i>	PR	VG	0,32994	0,00300	<i>Claiμ6</i>	PR	VG	0,40536	0,00295
<i>Claiμ7</i>	PR	VG	0,14824	0,00378	<i>Claiμ7</i>	PR	VG	0,40297	0,00408
<i>Claiμ8</i>	PR	VG	0,01659*	0,00103	<i>Claiμ8</i>	PR	VG	0,09954	0,00235
<i>Claiμ9</i>	PR	VG	0,50223	0,00163	<i>Claiμ9</i>	PR	VG	0,39740	0,00183

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau</i> 10	PR	VG	0,10486	0,00306	<i>Clau</i> 10	PR	VG	0,20111	0,00276
<i>Ami</i> μ 8	PT	Fm1	0,10991	0,00206	<i>Ami</i> μ 8	PT	Fm1	0,11894	0,00218
<i>Ami</i> μ 11	PT	Fm1	0,03142*	0,00170	<i>Ami</i> μ 11	PT	Fm1	0,02998*	0,00171
<i>Ami</i> μ 13	PT	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i> μ 13	PT	Fm1	0,00004**	0,00002
<i>Ami</i> μ 20	PT	Fm1	0,00695**	0,00106	<i>Ami</i> μ 20	PT	Fm1	0,03161*	0,00233
<i>Clau</i> 2	PT	Fm1	0,58793	0,00385	<i>Clau</i> 2	PT	Fm1	0,44745	0,00516
<i>Clau</i> 5	PT	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 5	PT	Fm1	0,00005**	0,00004
<i>Clau</i> 6	PT	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 6	PT	Fm1	0,00001**	0,00001
<i>Clau</i> 7	PT	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 7	PT	Fm1	0,00041**	0,00031
<i>Clau</i> 8	PT	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 8	PT	Fm1	0,00000**	0,00000
<i>Clau</i> 9	PT	Fm1	0,46454	0,00454	<i>Clau</i> 9	PT	Fm1	0,38177	0,00461
<i>Clau</i> 10	PT	Fm1	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 10	PT	Fm1	0,00000**	0,00000
<i>Ami</i> μ 8	PT	Fm5	0,03967*	0,00111	<i>Ami</i> μ 8	PT	Fm5	0,05291	0,00150
<i>Ami</i> μ 11	PT	Fm5	0,03474*	0,00177	<i>Ami</i> μ 11	PT	Fm5	0,03319*	0,00168
<i>Ami</i> μ 13	PT	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i> μ 13	PT	Fm5	0,00034**	0,00016
<i>Ami</i> μ 20	PT	Fm5	0,00719**	0,00101	<i>Ami</i> μ 20	PT	Fm5	0,02722*	0,00193
<i>Clau</i> 2	PT	Fm5	0,68611	0,00439	<i>Clau</i> 2	PT	Fm5	0,56491	0,00574
<i>Clau</i> 5	PT	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 5	PT	Fm5	0,00007**	0,00007
<i>Clau</i> 6	PT	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 6	PT	Fm5	0,00053**	0,00018
<i>Clau</i> 7	PT	Fm5	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 7	PT	Fm5	0,00006**	0,00003
<i>Clau</i> 8	PT	Fm5	0,00008**	0,00005	<i>Clau</i> 8	PT	Fm5	0,00008**	0,00006
<i>Clau</i> 9	PT	Fm5	0,86301	0,00270	<i>Clau</i> 9	PT	Fm5	0,68580	0,00376
<i>Clau</i> 10	PT	Fm5	0,00034**	0,00022	<i>Clau</i> 10	PT	Fm5	0,00026**	0,00020
<i>Ami</i> μ 8	PT	FNA	0,01008*	0,00072	<i>Ami</i> μ 8	PT	FNA	0,01382*	0,00084
<i>Ami</i> μ 11	PT	FNA	0,06382	0,00230	<i>Ami</i> μ 11	PT	FNA	0,08115	0,00293
<i>Ami</i> μ 13	PT	FNA	0,00001**	0,00001	<i>Ami</i> μ 13	PT	FNA	0,00143**	0,00040
<i>Ami</i> μ 20	PT	FNA	0,00789**	0,00153	<i>Ami</i> μ 20	PT	FNA	0,06214	0,00351
<i>Clau</i> 2	PT	FNA	0,01847*	0,00186	<i>Clau</i> 2	PT	FNA	0,08124	0,00368
<i>Clau</i> 5	PT	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 5	PT	FNA	0,00004**	0,00004
<i>Clau</i> 6	PT	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 6	PT	FNA	0,00266**	0,00066
<i>Clau</i> 7	PT	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 7	PT	FNA	0,00000**	0,00000
<i>Clau</i> 8	PT	FNA	0,00007**	0,00007	<i>Clau</i> 8	PT	FNA	0,00202**	0,00047
<i>Clau</i> 9	PT	FNA	0,10093	0,00319	<i>Clau</i> 9	PT	FNA	0,10183	0,00351
<i>Clau</i> 10	PT	FNA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i> 10	PT	FNA	0,00004**	0,00004
<i>Ami</i>μ8	PT	PA	0,00123**	0,00022	<i>Ami</i>μ8	PT	PA	0,00778**	0,00066
<i>Ami</i>μ11	PT	PA	0,00639**	0,00091	<i>Ami</i>μ11	PT	PA	0,00398**	0,00060
<i>Ami</i>μ13	PT	PA	0,00000**	0,00000	<i>Ami</i>μ13	PT	PA	0,00000**	0,00000
<i>Ami</i>μ20	PT	PA	0,00042**	0,00036	<i>Ami</i>μ20	PT	PA	0,00357**	0,00063
<i>Clau</i>2	PT	PA	0,00245**	0,00054	<i>Clau</i>2	PT	PA	0,01865*	0,00170
<i>Clau</i>5	PT	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i>5	PT	PA	0,00000**	0,00000
<i>Clau</i>6	PT	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i>6	PT	PA	0,00233**	0,00046
<i>Clau</i>7	PT	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau</i>7	PT	PA	0,00000**	0,00000

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau8</i>	PT	PA	0,00004**	0,00004	<i>Clau8</i>	PT	PA	0,00015**	0,00008
<i>Clau9</i>	PT	PA	0,11259	0,00389	<i>Clau9</i>	PT	PA	0,02638*	0,00152
<i>Clau10</i>	PT	PA	0,00000**	0,00000	<i>Clau10</i>	PT	PA	0,00002**	0,00002
<i>Amiμ8</i>	PT	VG	0,01315*	0,00059	<i>Amiμ8</i>	PT	VG	0,02448*	0,00118
<i>Amiμ11</i>	PT	VG	0,22032	0,00449	<i>Amiμ11</i>	PT	VG	0,20928	0,00528
<i>Amiμ13</i>	PT	VG	0,30780	0,00665	<i>Amiμ13</i>	PT	VG	0,28297	0,00739
<i>Amiμ20</i>	PT	VG	0,00936**	0,00096	<i>Amiμ20</i>	PT	VG	0,07782	0,00413
<i>Clau2</i>	PT	VG	0,53167	0,00402	<i>Clau2</i>	PT	VG	0,58925	0,00600
<i>Clau5</i>	PT	VG	0,10363	0,00477	<i>Clau5</i>	PT	VG	0,17453	0,00568
<i>Clau6</i>	PT	VG	0,00142**	0,00042	<i>Clau6</i>	PT	VG	0,01315*	0,00091
<i>Clau7</i>	PT	VG	0,06271	0,00276	<i>Clau7</i>	PT	VG	0,13583	0,00445
<i>Clau8</i>	PT	VG	0,08418	0,00371	<i>Clau8</i>	PT	VG	0,09074	0,00390
<i>Clau9</i>	PT	VG	0,81083	0,00305	<i>Clau9</i>	PT	VG	0,54004	0,00488
<i>Clau10</i>	PT	VG	0,00023**	0,00017	<i>Clau10</i>	PT	VG	0,00403**	0,00073
<i>Amiμ8</i>	VG	Fm1	0,49147	0,00188	<i>Amiμ8</i>	VG	Fm1	0,19950	0,00194
<i>Amiμ11</i>	VG	Fm1	0,09032	0,00217	<i>Amiμ11</i>	VG	Fm1	0,06653	0,00170
<i>Amiμ13</i>	VG	Fm1	0,01946*	0,00137	<i>Amiμ13</i>	VG	Fm1	0,06673	0,00189
<i>Amiμ20</i>	VG	Fm1	0,03223*	0,00137	<i>Amiμ20</i>	VG	Fm1	0,06566	0,00188
<i>Clau2</i>	VG	Fm1	0,49179	0,00190	<i>Clau2</i>	VG	Fm1	0,19964	0,00192
<i>Clau5</i>	VG	Fm1	0,12834	0,00447	<i>Clau5</i>	VG	Fm1	0,13711	0,00292
<i>Clau6</i>	VG	Fm1	0,00154**	0,00027	<i>Clau6</i>	VG	Fm1	0,06622	0,00167
<i>Clau7</i>	VG	Fm1	0,03631*	0,00196	<i>Clau7</i>	VG	Fm1	0,06524	0,00202
<i>Clau8</i>	VG	Fm1	0,01400*	0,00100	<i>Clau8</i>	VG	Fm1	0,06887	0,00173
<i>Clau9</i>	VG	Fm1	0,26427	0,00228	<i>Clau9</i>	VG	Fm1	0,39907	0,00190
<i>Clau10</i>	VG	Fm1	0,15071	0,00319	<i>Clau10</i>	VG	Fm1	0,13090	0,00246
<i>Amiμ8</i>	VG	Fm5	0,51227	0,00158	<i>Amiμ8</i>	VG	Fm5	0,46736	0,00178
<i>Amiμ11</i>	VG	Fm5	0,08692	0,00236	<i>Amiμ11</i>	VG	Fm5	0,06566	0,00165
<i>Amiμ13</i>	VG	Fm5	0,00975**	0,00081	<i>Amiμ13</i>	VG	Fm5	0,19873	0,00296
<i>Amiμ20</i>	VG	Fm5	0,03245*	0,00158	<i>Amiμ20</i>	VG	Fm5	0,06512	0,00187
<i>Clau2</i>	VG	Fm5	0,51648	0,00150	<i>Clau2</i>	VG	Fm5	0,46464	0,00163
<i>Clau5</i>	VG	Fm5	0,02917*	0,00197	<i>Clau5</i>	VG	Fm5	0,06753	0,00167
<i>Clau6</i>	VG	Fm5	0,20895	0,00208	<i>Clau6</i>	VG	Fm5	0,06709	0,00120
<i>Clau7</i>	VG	Fm5	0,02328*	0,00139	<i>Clau7</i>	VG	Fm5	0,06618	0,00206
<i>Clau8</i>	VG	Fm5	0,00580**	0,00057	<i>Clau8</i>	VG	Fm5	0,06648	0,00214
<i>Clau9</i>	VG	Fm5	0,75779	0,00211	<i>Clau9</i>	VG	Fm5	0,46431	0,00175
<i>Clau10</i>	VG	Fm5	0,00639**	0,00058	<i>Clau10</i>	VG	Fm5	0,06638	0,00180
<i>Amiμ8</i>	VG	FNA	0,52464	0,00170	<i>Amiμ8</i>	VG	FNA	0,28186	0,00220
<i>Amiμ11</i>	VG	FNA	0,17722	0,00329	<i>Amiμ11</i>	VG	FNA	0,08063	0,00284
<i>Amiμ13</i>	VG	FNA	0,30426	0,00641	<i>Amiμ13</i>	VG	FNA	0,44691	0,00518
<i>Amiμ20</i>	VG	FNA	0,32799	0,00742	<i>Amiμ20</i>	VG	FNA	0,38429	0,00644
<i>Clau2</i>	VG	FNA	0,73289	0,00523	<i>Clau2</i>	VG	FNA	0,72177	0,00403
<i>Clau5</i>	VG	FNA	0,75449	0,00627	<i>Clau5</i>	VG	FNA	0,68005	0,00583

APÊNDICE 2 - Continuação.

Gênica					Genotípica				
<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP	<i>Locus</i>	Pop1	Pop2	Probabilidade	EP
<i>Clau6</i>	VG	FNA	0,24196	0,00429	<i>Clau6</i>	VG	FNA	0,40831	0,00565
<i>Clau7</i>	VG	FNA	0,22453	0,00569	<i>Clau7</i>	VG	FNA	0,31481	0,00417
<i>Clau8</i>	VG	FNA	0,20542	0,00505	<i>Clau8</i>	VG	FNA	0,19978	0,00404
<i>Clau9</i>	VG	FNA	0,62058	0,00254	<i>Clau9</i>	VG	FNA	0,52745	0,00404
<i>Clau10</i>	VG	FNA	0,01874*	0,00155	<i>Clau10</i>	VG	FNA	0,06087	0,00209
<i>Amiμ8</i>	VG	PA	0,55440	0,00139	<i>Amiμ8</i>	VG	PA	1,00000	0,00000
<i>Amiμ11</i>	VG	PA	0,78260	0,00195	<i>Amiμ11</i>	VG	PA	0,54373	0,00308
<i>Amiμ13</i>	VG	PA	0,18751	0,00306	<i>Amiμ13</i>	VG	PA	0,11007	0,00183
<i>Amiμ20</i>	VG	PA	0,35283	0,00599	<i>Amiμ20</i>	VG	PA	0,45551	0,00591
<i>Clau2</i>	VG	PA	1,00000	0,00000	<i>Clau2</i>	VG	PA	0,85471	0,00291
<i>Clau5</i>	VG	PA	0,34186	0,00586	<i>Clau5</i>	VG	PA	0,25284	0,00452
<i>Clau6</i>	VG	PA	0,02466*	0,00120	<i>Clau6</i>	VG	PA	0,11153	0,00345
<i>Clau7</i>	VG	PA	0,32858	0,00622	<i>Clau7</i>	VG	PA	0,36651	0,00568
<i>Clau8</i>	VG	PA	0,63116	0,00263	<i>Clau8</i>	VG	PA	0,46646	0,00166
<i>Clau9</i>	VG	PA	1,00000	0,00000	<i>Clau9</i>	VG	PA	Only	one
<i>Clau10</i>	VG	PA	0,02837*	0,00152	<i>Clau10</i>	VG	PA	0,01899*	0,00174

Obs.: Pop1 – População 1, Pop2 – População 2, EP – Erro padrão, * ($p \leq 0,05$), ** ($p \leq 0,01$).