

Variabilidade genética de populações naturais de caroá por meio de marcadores RAPD

Daniela Garcia Silveira⁽¹⁾, Edson Perito Amorim⁽²⁾, Onildo Nunes de Jesus⁽³⁾, Fernanda Vidigal Duarte Souza⁽²⁾, Kátia Nogueira Pestana⁽⁴⁾, Vânia Jesus dos Santos⁽⁴⁾ e José Raniere Ferreira de Santana⁽¹⁾

⁽¹⁾Universidade Estadual de Feira de Santana, Departamento de Ciências Biológicas, Avenida Universitária, s/nº, CEP 44031-460 Feira de Santana, BA. E-mail: danielags@ig.com.br, raniere@uefs.br ⁽²⁾Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Caixa Postal 007, CEP 44380-000 Cruz das Almas, BA. E-mail: edson@cnpmf.embrapa.br, fernanda@cnpmf.embrapa.br ⁽³⁾Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Departamento de Genética, Caixa Postal 83, CEP 13400-970 Piracicaba, SP. E-mail: onildonunes@yahoo.com.br ⁽⁴⁾Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Departamento de Ciências Agrárias, Caixa Postal 082, CEP 44380-000 Cruz das Almas, BA. E-mail: katypestana@yahoo.com.br, vania79br@hotmail.com

Resumo – O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre e dentro de populações de caroá (*Neoglaziovia variegata*), por meio de marcadores “random amplified polymorphic DNA” (RAPD). Foram analisados 180 genótipos de caroá, provenientes dos municípios de Guanambi, Juazeiro e Valente, no Estado da Bahia. Foi observado elevado polimorfismo entre as populações de caroá. As dissimilaridades genéticas entre os genótipos variaram de 0,08 a 0,95, com média de 0,44. A variância molecular mostrou que 56% da variação total foi explicada pelas diferenças entre indivíduos dentro de locais. As diferenças entre municípios explicaram 17% da variação total, enquanto as diferenças entre locais dentro dos municípios explicaram 26% da variação.

Termos para indexação: *Neoglaziovia variegata*, Bromeliaceae, divergência genética, marcadores moleculares.

Genetic variability estimated among caroá populations through RAPD markers

Abstract – The objective of this work was to quantify the genetic variability within and among populations of caroá (*Neoglaziovia variegata*) using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. One hundred eighty caroá genotypes from Guanambi, Juazeiro and Valente counties in the state of Bahia, Brazil, were analyzed. A high polymorphism was observed among the caroá populations. The genetic dissimilarities among all genotypes ranged from 0.08 to 0.95 with an average of 0.44. The molecular variance showed that 56% of the total variation was explained by the differences among individuals within locations. The differences among counties explained 17% of the total variation, while the differences among places within counties explained 26% of the variation.

Index terms: *Neoglaziovia variegata*, Bromeliaceae, genetic divergence, molecular markers.

Introdução

Neoglaziovia variegata (Arr. Cam.) Mez, conhecida vulgarmente como caroá, é uma bromeliácea endêmica da Caatinga, distribuída por todo o Semiárido do Nordeste brasileiro (Ribeiro, 2007). Essa espécie já teve papel importante na economia nordestina, na primeira metade do século passado, pela produção de fibra por indústrias têxteis, porém sua exploração foi abandonada com o surgimento das fibras sintéticas (Ribeiro, 2007). Atualmente, as fibras do caroá voltaram a ser uma das principais fontes de emprego e renda para diversas famílias nordestinas, com a fabricação artesanal de chapéus, bolsas, entre outros produtos.

O uso dessa planta em larga escala, de forma extrativista, desde o século passado, e a devastação

da Caatinga para desenvolvimento de atividades agropecuárias reduziram de forma drástica a população de plantas de caroá. Há, portanto, necessidade urgente de estudos para elaborar estratégias de conservação genética desta espécie. Atualmente, o conhecimento da estrutura genética de populações naturais de plantas é uma etapa fundamental para a realização de programas conservacionistas, nos quais os dados gerados podem ser utilizados para definir unidades de conservação e prioridades para o manejo de recursos genéticos (Mamuris et al., 2001), além de ser fundamental para o estabelecimento de formas de exploração econômica e racional (Lacerda et al., 2001). Os rápidos avanços na área da biologia molecular têm fornecido uma série de novos métodos para estudos genéticos de populações

naturais. Contudo, até o momento, nenhuma pesquisa foi publicada sobre o uso de marcadores moleculares para estimar a diversidade genética em caroá. Assim, a caracterização da variabilidade entre e dentro das populações naturais dessa espécie podem trazer subsídios para a implantação de estratégias de conservação e de programas de melhoramento genético.

Entre os marcadores moleculares, a técnica de RAPD (“random amplified polymorphic DNA”), desenvolvida por Williams et al. (1990), mostrou-se como uma ferramenta útil para a análise da diversidade genética molecular em populações naturais de plantas.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade intra e interpopulacional de caroá, por meio de marcadores RAPD, para subsidiar futuras atividades de coleta, caracterização, conservação e uso dessa espécie.

Material e Métodos

Foram coletadas três populações de caroá, nos municípios de Guanambi, Juazeiro e Valente, no Estado da Bahia. Cada população foi representada por 60 indivíduos. Em cada município, foi realizada a coleta dos genótipos em três locais distintos, com 20 amostras cada (Tabela 1). A distância entre esses locais variou entre 1 e 20 km, e a distância entre as plantas coletadas, entre 1 e 5 m. Não foram coletadas plantas da mesma touceira.

O DNA genômico dos 180 genótipos foi extraído de folhas jovens, pelo método CTAB (“cetyltrimethyl ammonium bromide”) (Doyle & Doyle, 1990). A avaliação da quantidade e qualidade do DNA foi realizada mediante análise comparativa das amostras em géis de agarose 0,8%, corados com brometo de etídio, que foram diluídas em TE (10 mM Tris-HCL e 1 mM EDTA pH 8) e padronizadas em 10 ng μL^{-1} .

Uma pré-seleção de 48 iniciadores foi realizada em seis genótipos, e os mais polimórficos foram aplicados na população. As reações de amplificação foram completadas para o volume final de 16 μL , com KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), MgCl_2 3 mM, 100 μM de cada um dos dNTPs (dATP, dTTP, dGTP, dCTP), 0,4 μM de cada iniciador, 15 ng de DNA e uma unidade de Taq DNA polimerase.

As reações foram realizadas em termociclador Perkin Elmer modelo 9700, de acordo com a seguinte programação: 3 min a 94°C, 40 ciclos a 94°C por 30 s, 35°C por 30 s e 72°C por 1 min, inclusive uma extensão final de 3 min a 72°C.

Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese horizontal a 100 V, por 2 horas, com gel de agarose a 1,5%, e corados com brometo de etídio. Os fragmentos amplificados foram avaliados como ausência (0) e presença (1). A dissimilaridade genética entre os 180 genótipos foi calculada a partir do coeficiente de Jaccard (1908).

As dissimilaridades genéticas foram utilizadas para a análise de agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA (“unweighted pair group method with arithmetic averages”), por meio do programa NTSYS-pc (Rohlf, 2000). O dendrograma foi gerado com base na matriz de distâncias no programa MEGA4 (Tamura et al., 2007). O método de reamostragens (“bootstrap”) foi realizado para verificar se o número de marcadores foi suficiente para determinar com precisão as estimativas de dissimilaridade genética entre os genótipos, pelo programa GQMol (Cruz & Shuster, 2004).

A segunda análise foi realizada no programa Structure 2.2 (Pritchard et al., 2000), que se fundamenta no modelo bayesiano e gera uma distribuição posterior com base na cadeia de Markov que identifica a presença de estrutura na população, bem como a proporção do genoma de cada acesso advindo de outros grupos. Para essa análise, foi considerado o modelo de informação a priori da população, para a definição dos grupos e frequências alélicas independentes. Considerou-se, em todas as análises efetuadas, um número fixo de 100 mil iterações MCMC (“Monte Carlo Markov Chain”) com descarte (“burn-in”) das 10 mil primeiras iterações.

Tabela 1. Coordenadas geográficas e altitude dos locais de coleta das três populações de caroá (*Neoglaziovia variegata*), no Estado da Bahia.

Município	Local	Coordenada geográfica	Altitude (m)
Guanambi	1	14°27'06,1"S e 43°02'38,1"W	552
	2	14°26'38,2"S e 43°02'16,9"W	559
	3	14°17'39,1"S e 42°41'19,9"W	586
Juazeiro	1	09°05'52,5"S e 40°28'33,9"W	395
	2	09°04'34,2"S e 40°19'03,5"W	376
	3	09°32'10,6"S e 40°27'03,2"W	401
Valente	1	11°20'27,5"S e 39°27'33,2"W	376
	2	11°20'20,9"S e 39°27'39,1"W	356
	3	11°20'28,8"S e 39°27'27,8"W	340

Os componentes de variância, atribuídos às diferenças entre as três populações (municípios), entre locais dentro de municípios e entre indivíduos dentro de locais, foram estimados pelo programa Arlequin v.3.0 (Excoffier et al., 1992). As significâncias dos componentes de variâncias foram obtidas por meio de 10 mil permutações.

Resultados e Discussão

Os 36 iniciadores selecionados (Tabela 2) geraram 501 produtos de amplificação, dos quais 93%

polimórficos, com média de 13 bandas por iniciador. O iniciador OPD-09 amplificou o maior número de bandas (19), enquanto o menor número ocorreu no iniciador OPD-10 (5 bandas).

Na análise de reamostragens, 315 bandas foram suficientes, para uma estimativa precisa da variabilidade genética entre os 180 genótipos de caroá. A correlação entre a matriz com todas as 467 bandas e a matriz com 315 bandas foi de 0,95, com valor de estresse (E) de 0,047 (Figura 1). De acordo com Kruskal (1964), um valor de $E \leq 0,05$ é indicativo de excelente precisão nas estimativas.

Tabela 2. Produtos da amplificação de 36 iniciadores RAPD, em três populações de caroá (*Neoglaziovia variegata*), coletadas em três municípios do Estado da Bahia.

Iniciador	Sequência (5' → 3')	Total de bandas amplificadas	Número de bandas polimórficas	Polimorfismo (%)
OPA-10	GTGATCGCAG	12	11	92
OPAF-03	GAAGAAGGCA	17	16	94
OPAF-04	TTGCGGCTGA	14	13	93
OPAF-11	ACTGGGCCTC	10	10	100
OPAF-13	CCGAGGTGAC	10	9	90
OPAG-11	TTACGGTGGG	15	15	100
OPAG-14	CTCTCGGCGA	13	12	92
OPAL-03	CCCACCCTTG	14	13	93
OPAL-05	GACTGCGCCA	15	14	93
OPAL-06	AAGCGTCCTC	16	14	87
OPAN-01	ACTCCACGTC	16	16	100
OPAN-03	AGCCAGGCTG	14	13	93
OPAN-06	GGGAACCCGT	12	12	100
OPAO-05	TGGAAGCACC	15	15	100
OPAO-07	GATGCGACGG	16	16	100
OPB-13	TTCCCCCGCT	8	8	100
OPB-17	AGGGAACGAG	11	10	91
OPD-09	CTCTGGAGAC	19	17	89
OPD-10	GGTCTACACC	5	5	100
OPD-18	GAGAGCCAAC	14	12	86
OPF-04	GGTGATCAGG	12	11	92
OPF-06	GGGAATTCGG	11	10	91
OPG-05	CTGAGACGGA	18	16	89
OPG-06	GTGCCTAACC	16	15	94
OPG-13	CTCTCCGCCA	14	13	93
OPG-15	ACTGGGACTC	17	16	94
OPH-18	GAATCGGCCA	17	15	88
OPI-02	GGAGGAGAGG	11	10	91
OPI-03	CAGAAGCCCA	16	14	87
OPI-18	TGCCCAGCCT	18	17	94
OPL-14	GTGACAGGCT	14	14	100
OPR-04	CCCGTAGCAC	11	10	91
OPR-05	GACCTAGTGG	18	17	94
OPR-06	GTGTACGGCA	17	16	94
OPR-16	CTCTGCGCGT	15	14	93
OPR-19	CCTCCTCATC	8	2	80
Total	-	501	467	-
Média	-	14	13	93

Em trabalhos realizados com outras espécies da família do caroá (Bromeliaceae), verificou-se, também, que existe grande variação em relação ao número de bandas polimórficas geradas pela amplificação de iniciadores RAPD, que resulta em altas taxas de polimorfismo. Costa et al. (2002) caracterizaram geneticamente o curauá (*Ananas erectifolius*) – bromeliácea produtora de fibra utilizada na indústria automobilística – por meio de sete iniciadores RAPD,

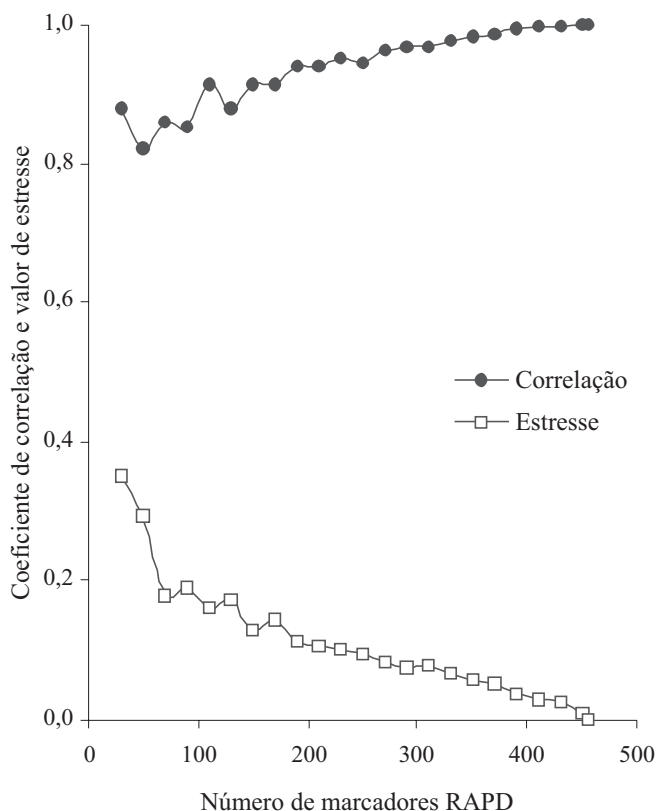


Figura 1. Estimativas de correlação de valores da matriz com 467 bandas polimórficas e da matriz com 315 bandas polimórficas e valor de estresse, obtidos pelo método de reamostragem, para uma estimativa precisa da variabilidade genética em caroá (*Neoglaziovia variegata*), por meio de marcadores RAPD.

que geraram 104 bandas, das quais 76% foram polimórficas. Pereira & Kerr (2001) analisaram 12 genótipos de abacaxizeiro, por meio de 11 iniciadores RAPD, e obtiveram 79 bandas polimórficas. Cavallari et al. (2006), ao avaliar populações naturais de três espécies do gênero *Encholirium*, bromélias ameaçadas de extinção e endêmicas do Brasil, obtiveram aproximadamente 60 bandas polimórficas geradas por cinco iniciadores RAPD, o que representa 90% do total de bandas. Gottardi et al. (2001) criaram genótipos de plantas matrizes do abacaxi cv. Smooth Cayene, com 43 iniciadores RAPD que amplificaram 777 bandas, das quais 99% foram polimórficas.

O elevado polimorfismo detectado nas populações de caroá, analisadas neste trabalho, pode ser resultado da ação e das interações de mecanismos evolutivos e ecológicos, entre eles a seleção natural e o fluxo gênico. Essa espécie ainda é pouco estudada. Ela se propaga principalmente por via assexuada, pelo desenvolvimento de gemas e rizomas laterais, com formação de densos agrupamentos, e possui um sistema sexual hermafrodita (Machado & Lopes, 2004). A floração ocorre nos meses de outubro a dezembro, e a polinização é feita preferencialmente por pássaros (Leal et al., 2006). Em cada planta, abrem-se de duas a três flores por dia, com duração de 12 horas (Leal et al., 2006). A inflorescência do caroá é simples, com escapo ereto e flores protegidas por brácteas com coloração viva, com três sépalas e três pétalas, e frutos em bagas suculentas (Smith & Downs, 1979). Com base nessas informações e no elevado polimorfismo, é possível inferir que essa espécie apresenta sistema reprodutivo preferencialmente alógamo. Assim, seu germoplasma deve ter sofrido baixa pressão de seleção, o que pode garantir ganhos genéticos significativos com a seleção (Oliveira et al., 2007).

As dissimilaridades genéticas, entre os 180 genótipos de caroá, variaram de 0,08 a 0,95, com média de 0,44 (Tabela 3). Os menores valores de dissimilaridade

Tabela 3. Análise de dissimilaridade intra e interpopulacional de caroá (*Neoglaziovia variegata*), em três municípios do Estado da Bahia, considerando-se os locais de coleta.

Município	Local 1			Local 2			Local 3			Média		
	Méd.	Mín.	Máx.	Méd.	Mín.	Máx.	Méd.	Mín.	Máx.	Méd.	Mín.	Máx.
Guanambi	0,58	0,36	0,85	0,56	0,23	0,83	0,60	0,32	0,88	0,52	0,22	0,88
Juazeiro	0,61	0,36	0,87	0,41	0,16	0,90	0,52	0,30	0,85	0,44	0,12	0,90
Valente	0,70	0,43	0,95	0,68	0,50	0,89	0,82	0,50	0,95	0,60	0,35	0,95
Total	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,44	0,08	0,95

foram registrados entre os genótipos coletados no Município de Juazeiro (0,12). A maior dissimilaridade genética foi observada entre genótipos coletados nos municípios de Guanambi (0,52) e Valente (0,60). O local 2 do município de Juazeiro foi o que apresentou a maior variabilidade genética, entre todos os seis locais de coleta (0,16 a 0,90), com média de 0,41. Para os municípios de Guanambi e Valente, maior variabilidade genética foi observada nos locais 2

e 1, respectivamente. Essas diferenças podem estar associadas a mutações ocorridas no germoplasma nos locais de coleta, à reprodução sexual ocasional, o que gera novos genótipos que são mantidos e propagados vegetativamente, e ao efeito do ambiente, em especial, diferenças na fertilidade do solo e no clima.

Por meio do dendrograma das dissimilaridades genéticas, com base em marcadores RAPD (Figura 2), é possível observar a formação de grupos conforme os

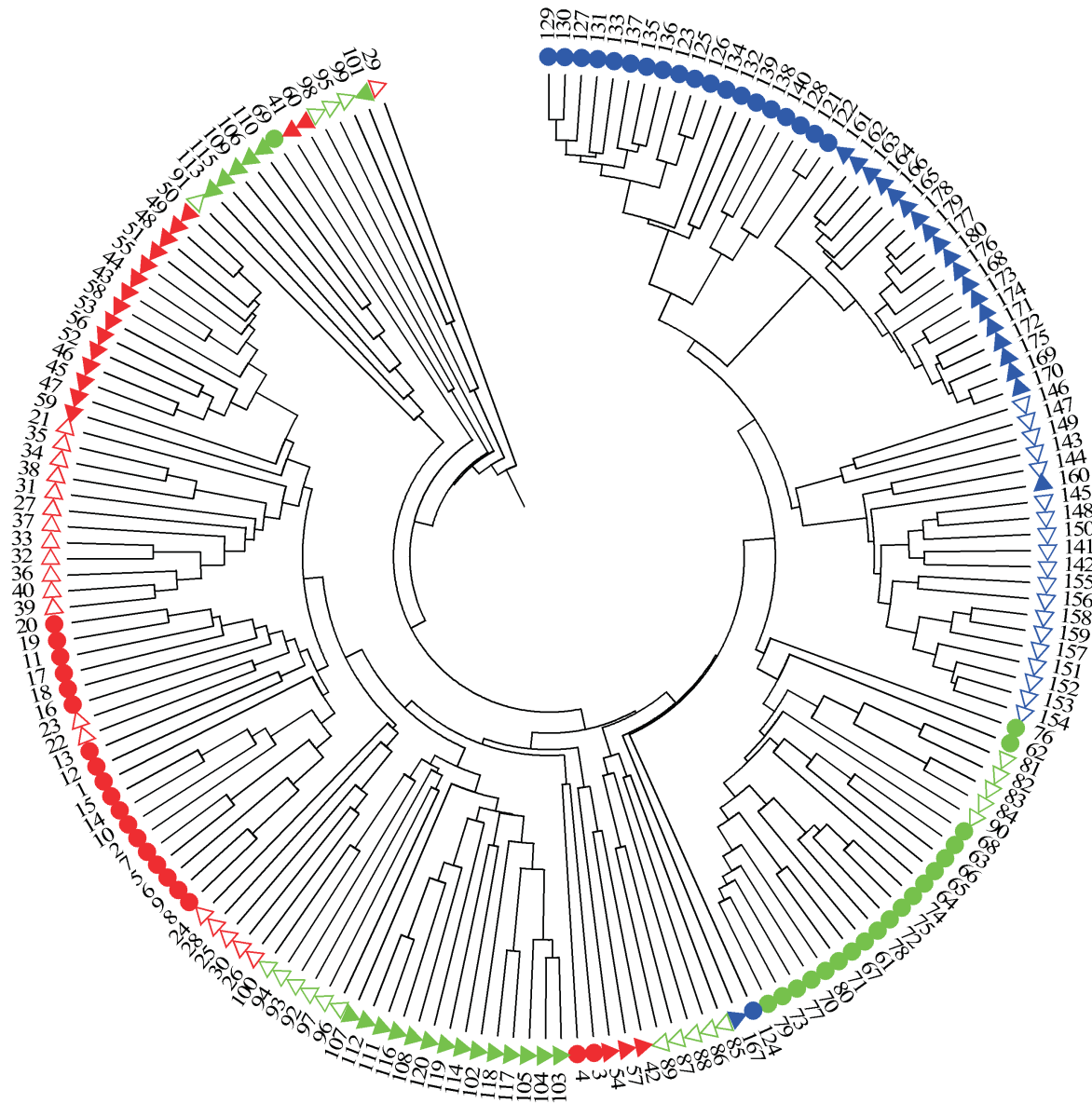


Figura 2. Dendrograma gerado pelo programa MEGA4, com base na matriz genética de 467 bandas polimórficas de RAPD, em 180 genótipos de caroá (*Neoglaziovia variegata*) coletados nos municípios baianos de Guanambi (genótipos de 1 a 60), Juazeiro (genótipos de 61 a 120) e Valente (genótipos de 121 a 180). Em cada município, foram coletadas amostras em três locais diferentes: local 1, círculo cheio; local 2, triângulo vazio; local 3, triângulo cheio.

municípios de coleta do germoplasma, com exceção de 18 genótipos que formaram agrupamentos fora dos municípios onde foram coletados.

No Município de Valente, foi observada a formação de agrupamentos conforme os locais de coleta, o que permite inferir que os genótipos coletados nesses locais apresentam diferenças genéticas. Comportamento semelhante foi observado nos municípios de Juazeiro e Guanambi, porém alguns genótipos formaram agrupamentos fora do seu local de coleta (Figura 2). Pelos resultados, os marcadores RAPD utilizados neste trabalho foram eficientes em separar os genótipos de caroá, de acordo com os municípios e locais de coleta.

A utilização do modelo, com base em distância e em estatística bayesiana, por meio do programa Structure, permitiu identificar os mesmos grupos, além de permitir a identificação de relações de parentescos entre os indivíduos avaliados. Dos 180 indivíduos avaliados, 63 possuem ancestral em outras populações. No município de Guanambi, nove genótipos apresentaram parte do seu genoma semelhante ao observado em Juazeiro, com

variação de aproximadamente 5 a 100% (Figura 3). Isso justifica o agrupamento dos indivíduos 3, 4, 13, 29, 41, 42, 47, 54 e 57 com a população de Juazeiro.

Em relação ao Município de Juazeiro, foram identificados 23 genótipos com fração do genoma da população de Valente, e 26 genótipos com genoma da população de Guanambi (Figura 3). A população de Juazeiro é essencialmente formada de uma mistura das populações de Guanambi e Valente, o que confirma a maior variabilidade genética identificada nesse Município (Figura 2).

No Município de Valente, foram identificados cinco genótipos com fração do genoma da população de Juazeiro (Figura 3).

Apesar de ser propagado principalmente por via vegetativa, com hábito clonal e formação de densos agrupamentos e morfologia uniforme, o caroá apresentou um número elevado de diferentes genótipos, o que contrasta com a participação aparentemente reduzida da reprodução sexuada na formação das populações. Resultados similares foram constatados por Cavallari

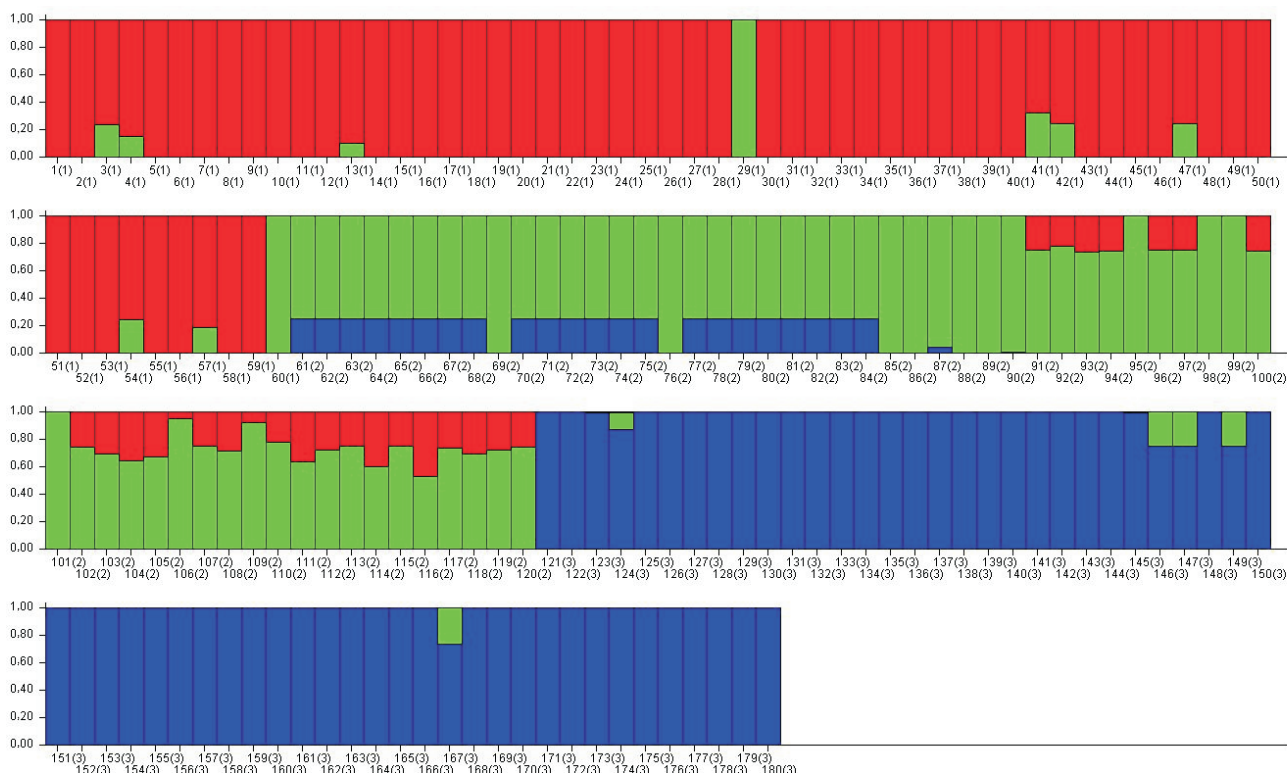


Figura 3. Estrutura genética das populações de caroá (*Neoglaziovia variegata*), de acordo com os municípios de coleta. Guanambi (cor vermelha, 1 a 60), Juazeiro (cor verde, 61 a 120) e Valente (cor azul, 121 a 180). Os genótipos estão representados no eixo X por barras verticais, cujo tamanho é proporcional (eixo Y) à população a que pertence. Os números entre parênteses representam os municípios de coleta: 1, Guanambi; 2, Juazeiro; 3, Valente.

et al. (2006), que obtiveram elevada variabilidade genética em três espécies de *Encholirium*, uma bromeliácea endêmica dos campos rupestres da Cadeia do Espinhaço. Contudo, em uma das espécies, os autores observaram uma floração regular durante todo o ano, o que facilita o fluxo gênico entre as populações. Nas outras espécies, a floração ocorreu de forma irregular, com poucos indivíduos em antese ao mesmo tempo, o que teria contribuído para limitar o fluxo gênico.

As inflorescências do caroá são difíceis de serem observadas, por causa de sua utilização como alimento de animais e pássaros (Xavier, 1982). O surgimento das flores só ocorre em um período do ano e com a abertura de duas a três flores por dia, em cada inflorescência, o que pode dificultar a propagação sexual da espécie.

A baixa dissimilaridade genética, observada entre a maioria dos genótipos da população de Valente, deve ter ocorrido como resultado de cruzamentos entre indivíduos aparentados, ou mesmo da autofecundação (Souza, 2002). Também, populações dessa localidade passam por exploração extrativista, e muitos animais, principalmente caprinos, alimentam-se das bagas verdes e maduras, o que reduz a possibilidade da ampliação da variabilidade genética na região. Chung et al. (1999), ao trabalhar com uma espécie da família Anacardiaceae, afirmaram que a dispersão de sementes e pólen é determinante para a estrutura genética espacial dentro de populações, fato que pode justificar a separação entre as populações de caroá, obtida por meio de marcadores RAPD.

A análise molecular da variância (AMOVA) mostrou que 56,47% da variação total foi explicada pela variação entre indivíduos dentro de locais. A variação entre municípios foi de 17,41% do total, enquanto entre locais dentro de municípios foi de 26,12% do total (Tabela 4). Pela grande distância existente entre os municípios, pode-se dizer que houve um fluxo gênico

moderado, provavelmente em razão do fluxo entre várias populações intermediárias, que não foram amostradas, uma vez que os municípios da Caatinga baiana são centros de origem do caroá. Cavallari et al. (2006) observaram resultados semelhantes em populações de *Encholirium subsecundum* (Bromeliaceae), coletadas em localidades distanciadas de 117 km.

Esses resultados podem servir como subsídio para nova coleta e caracterização do germoplasma de caroá, a fim de confirmar se a variabilidade observada com marcadores moleculares reflete na qualidade da fibra.

Conclusão

Existe variabilidade genética entre e dentro das populações de caroá, que pode ser explorada para a conservação e exploração comercial da espécie.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela concessão de bolsa; ao Banco do Nordeste e a Cooperativa Regional de Artesãs Fibras do Sertão, pelo apoio financeiro; a José Lemos, Francisco Pinheiro Neto e Maria Selma Diamantino, pelo auxílio nas coletas.

Referências

- CAVALLARI, M.M.; FORZZA, R.C.; VEASEY, E.A.; ZUCCHI, M.I.; OLIVEIRA, G.C.X. Genetic variation in three endangered species of *Encholirium* (Bromeliaceae) from Cadeia do Espinhaço, Brazil, detected using RAPD markers. **Biodiversity and Conservation**, v.15, p.4357-4373, 2006.
- CHUNG M.G.; CHUNG J.M.; EPPERSON, B.K. Spatial genetic structure of allozyme polymorphisms within populations of *Rhus trichocarpa* (Anacardiaceae). **Silvae Genetica**, v.48, p.223-227, 1999.
- COSTA, M.R.; LAMEIRA, O.A.; YOSHINO, V.C. Caracterização genética do curauá (*Ananas erectifolius*) através de Marcadores RAPD. **Biotechnologia Ciência & Desenvolvimento**, v.5, p.28-30, 2002.
- CRUZ, C.D.; SCHUSTER, I. **GQMOL**: aplicativo computacional para análise de dados moleculares e suas associações com caracteres quantitativos: versão 2.1. Viçosa: UFV, 2004.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.12, p.13-15, 1990.
- EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P.E.; QUATTRO, J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, v.131, p.479-491, 1992.

Tabela 4. Análise molecular de variância (AMOVA) na população de caroá, coletada em três municípios do Estado da Bahia.

Fonte de variação	GL	SQ	Variância	CV (%)
Entre municípios	2	2.419,64	$\sigma_a^2 = 12,97^{**}$	17,41
Entre locais e dentro de municípios	6	2.587,93	$\sigma_b^2 = 19,46^{**}$	26,12
Entre indivíduos e dentro de locais	171	7.195,30	$\sigma_c^2 = 42,08^{**}$	56,47
Total	179	12.202,87	$\sigma^2 = 74,51$	-

**Significativo a 1% de probabilidade.

- GOTTARDI, M.V.C.; LEMOS, E.G.M.; RUGGIERO, C. Avaliação de plantas matrizes de abacaxizeiro cultivar Smooth Cayenne utilizando marcadores RAPD e padrões isoenzimáticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.23, p.463-467, 2001.
- JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bulletin Society Vaud Science Natural**, v.44, p.223-270, 1908.
- KRUSKAL, J.B. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a non metric hypothesis. **Psychometrika**, v.29, p.1-27, 1964.
- LACERDA, D.R.; ACEDO, M.D.P.; LEMOS-FILHO, J.P.; LOVATO, M.B. Genetic diversity and structure of natural populations of *Plathymenia reticulata* (Mimosoideae), a tropical tree from Brazilian Cerrado. **Molecular Ecology**, v.10, p.1143-1152, 2001.
- LEAL, F.C.; LOPES, A.V.; MACHADO, I.C. Polinização por beija-flores em uma área de caatinga no Município de Floresta, Pernambuco, Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v.29, p.379-389, 2006.
- MACHADO, I.C.; LOPES, A.V. Floral traits and pollination systems in the Caatinga, a Brazilian tropical dry forest. **Annals of Botany**, v.94, p.365-376, 2004.
- MAMURIS, Z.; SFOUGARIS, A.I.; STAMATIS, C. Genetic structure of Greek brown hare (*Lepus europaeus*) populations as revealed by mtDNA RFLP-PCR analysis: implications for conserving genetic diversity. **Biological Conservation**, v.101, p.187-196, 2001.
- OLIVEIRA, M. do S.P. de; AMORIM, E.P.; SANTOS, J.B. dos; FERREIRA, D.F. Diversidade genética entre acessos de açaizeiro baseada em marcadores RAPD. **Ciência e Agrotecnologia**, v.31, p.1645-1653, 2007.
- PEREIRA, C.D.; KERR, W.E. Divergência genética entre doze genótipos de abacaxizeiro (*Ananas comosus* L., Merrill.) estimada por análise de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.23, p.335-338, 2001.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v.155, p.945-959, 2000.
- RIBEIRO, M.B. Fibrocultura: o Semi-Árido é o paraíso das fibras vegetais. In: RIBEIRO, M.B. (Ed.). **A potencialidade do semi-árido brasileiro**. Brasília: Revan, 2007. p.121-136.
- ROHLF, F.J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system**: version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 38p.
- SMITH, L.B.; DOWNS, R.J. **Bromelioideae**. New York: The New York Botanical Garden, 1979. 2142p. (Flora Neotropica, v.14, pt.3).
- SOUZA, P.C.A. de. **Aspectos ecológicos e genéticos de uma população natural de *Euterpe oleracea* Mart. no estuário amazônico**. 2002. 60p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- TAMURA, K.; DUDLEY, J.; NEI, M.; KUMAR, S. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. **Molecular Biology and Evolution**, v.24, p.1596-1599, 2007.
- XAVIER, L.P. **O caroá**. 2.ed. Natal: Emparn, 1982. 270p. (Emparn. Documentos, 7; Esam. Coleção Mossoroense, 247).
- WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v.18, p.6531-6535, 1990.

Recebido em 25 de setembro de 2008 e aprovado em 27 de fevereiro de 2009