

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS  
CENTRO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIAS PARA A SUSTENTABILIDADE  
CAMPUS DE SOROCABA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM DIVERSIDADE BIOLÓGICA E  
CONSERVAÇÃO

PAULO ROBERTO RAMOS DE OLIVEIRA JUNIOR

**MONITORAMENTO GENÉTICO DA POPULAÇÃO *EX SITU* DA JACUTINGA  
(*Aburria jacutinga*, AVES, CRACIDAE) COMO SUBSÍDIO PARA A CONSERVAÇÃO  
DA ESPÉCIE**

Sorocaba - SP  
Junho de 2012

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS  
CENTRO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIAS PARA A SUSTENTABILIDADE  
CAMPUS DE SOROCABA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM DIVERSIDADE BIOLÓGICA E  
CONSERVAÇÃO

PAULO ROBERTO RAMOS DE OLIVEIRA JUNIOR

**MONITORAMENTO GENÉTICO DA POPULAÇÃO *EX SITU* DA JACUTINGA  
(*Aburria jacutinga*, AVES, CRACIDAE) COMO SUBSÍDIO PARA A CONSERVAÇÃO  
DA ESPÉCIE**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), campus Sorocaba, para obtenção do título de mestre em Diversidade Biológica e Conservação.

Orientação: Prof. Dr. Mercival Roberto Francisco

Sorocaba - SP  
Junho de 2012

R48m Oliveira Junior, Paulo Roberto Ramos de  
Monitoramento genético da população *Ex Situ* da jacutinga (*Aburria jacutinga*, Aves, Cracidae) como subsídio para a conservação da espécie./  
Paulo Roberto Ramos de Oliveira Junior. -- Sorocaba, 2012.  
84 f. ; il. (color.) ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de São Carlos, *Campus*  
Sorocaba, 2012

Orientador: Mercival Roberto Francisco

Banca examinadora: Luís Fábio Silveira, Augusto João Piratelli

Bibliografia

1. Variabilidade genética. 2. *Aburria jacutinga*. 3. Aves - conservação. I.  
Título. II. Sorocaba - Universidade Federal de São Carlos.

CDD 598

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca do *Campus* de Sorocaba.

**PAULO ROBERTO RAMOS DE OLIVEIRA JUNIOR**

**MONITORAMENTO GENÉTICO DA POPULAÇÃO *Ex Situ*  
DA JACUTINGA (*Aburria jacutinga*, AVES CRACIDAE) COMO  
SUBSÍDIO PARA A CONSERVAÇÃO DA ESPÉCIE**

**Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação para obtenção do título de  
mestre em Diversidade Biológica e Conservação.  
Universidade Federal de São Carlos.  
Sorocaba, 28 de junho de 2012.**

**Orientador:**

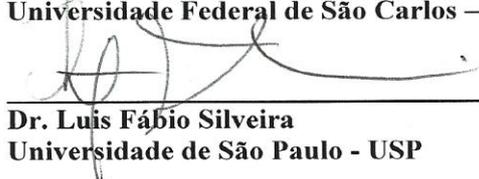


**Prof. Dr. Mercival Roberto Francisco**  
**Universidade Federal de São Carlos – *Campus* Sorocaba**

**Examinadores:**



**Prof. Dr. Augusto João Piratelli**  
**Universidade Federal de São Carlos – *Campus* Sorocaba**



**Dr. Luis Fábio Silveira**  
**Universidade de São Paulo - USP**

**Dedico aos meus pais  
e minha irmã...**

## AGRADECIMENTOS

A Deus pela minha vida, e também pelo cuidado, força e saúde dispensados através de Sua graça a cada dia sobre nós, para que possamos superar as dificuldades com muita alegria.

Ao meu amigo, Prof. Dr. Mercival, pela orientação, inúmeras conversas, incentivo, ideias, paciência; e em especial pela oportunidade que ele me proporcionou de poder estudar e trabalhar com as aves, algo que se iniciou em Dezembro de 2004, a quase oito anos atrás, quando fui seu estagiário na captura e anilhamento de *Chiroxiphia caudata* no P.E. Carlos Botelho.

Ao Prof. Dr. Luís Fábio Silveira por atuar de maneira determinante em todas as etapas da realização deste trabalho.

Aos criadouros conservacionistas da CESP (Sr. Paulo Rodolfo), Poços de Caldas (Sr. Moacyr de Carvalho), Crax Brasil (Sr. Roberto Azeredo), Tropicus (Sr. Victor Fasano) e Guaratuba (Sr. Marcos Wasilewski) por cederem as amostras e as informações pertinentes a este trabalho; e por estarem realmente comprometidos com a conservação de espécies ameaçadas.

Aos funcionários e professores do Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação pelo suporte oferecido, sem o qual este projeto não seria concluído.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pelos 8 meses iniciais de bolsa de mestrado.

À FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) pelo financiamento do projeto e pela bolsa de mestrado (16 meses).

À SAVE Brasil - Birdlife International (Sr. Pedro Develey) também pelo apoio financeiro.

Aos membros da banca examinadora, Prof. Dr. Luís Fábio e Prof. Dr. Augusto Piratelli, pela disposição em contribuir com este trabalho, através de suas avaliações e comentários.

Ao Prof. Dr. Alexander Christianini, pela amizade, sugestões, oportunidade de trabalho em campo e conversas científicas sobre jacutingas, conservação e ecologia.

Aos meus pais, Sr. Paulo e Sra. Celina, e minha irmã Jéssica, pelos ensinamentos, apoio e pela certeza de sermos sempre amparados por uma estrutura sólida que construímos em nossa família, que nos preenche de paz e coragem para enfrentar qualquer situação.

À minha namorada, Carolina, pelo amor, compreensão, suporte e lucidez nos momentos difíceis.

Aos meus familiares (tios, tias, primos etc) pelos momentos de descontração e diversão que sempre foram muito importantes para que a paciência fosse restabelecida.

Ao meu companheiro PV (Paulo Vinícius) pela caminhada conjunta por quase 2 anos no laboratório de genética.

Às minhas colegas de laboratório: Crisley de Camargo, Mariellen Costa e Natasha Laganaro, cada uma com sua parcela de contribuição especial e imprescindível neste trabalho.

Ao técnico de laboratório, Msc. Renato Kimura, que sempre me ajudou em tudo que eu não entendia no universo da genética molecular.

**MUITO OBRIGADO!!!**

## RESUMO

OLIVEIRA JR, Paulo Roberto Ramos. *Monitoramento genético da população Ex Situ da jacutinga (Aburria jacutinga, Aves, Cracidae) como subsídio para a conservação da espécie*. 2012. 84 f. Dissertação (Mestrado em Diversidade Biológica e Conservação) – Centro de Ciências e Tecnologias para Sustentabilidade, Universidade Federal de São Carlos, Sorocaba, 2012.

Diversas espécies e subespécies criticamente ameaçadas foram salvas da extinção nos últimos anos por meio de estratégias de conservação *Ex Situ*. Porém, as populações de cativeiro são geralmente pequenas, e quanto menor uma população, mais exposta ela se torna aos efeitos da deriva genética, endocruzamento e efeitos fundadores. Assim, um dos grandes desafios para a reprodução em longo prazo desses animais é amenizar a perda de diversidade alélica e heterozigose. O manejo genético pode orientar os acasalamentos de maneira a manter na população a maior variação genética possível através do cálculo da distância genética entre os espécimes, que é realizado por técnicas de biologia molecular. A jacutinga, *Aburria jacutinga* (Aves, Cracidae), é uma ave endêmica da Mata Atlântica que está ameaçada de extinção devido à drástica destruição deste bioma e à forte pressão de caça. Dentre as ações de conservação sugeridas para esta espécie estão o desenvolvimento de um programa de conservação *Ex Situ* visando a reintrodução em áreas nas quais ela se tornou extinta e a manutenção desses estoques em cativeiro controlados por um *studbook*. Foram genotipados e analisados 146 indivíduos oriundos de cativeiro. Os resultados demonstram 5 populações diferenciadas geneticamente de jacutinga, mas seus níveis de variabilidade genética são bastante semelhantes. Entretanto quando esses níveis são comparados com outras espécies, os dados sugerem que a variação genética está abaixo do desejável para se alcançar os objetivos propostos pelos programas de conservação *Ex Situ*. Tabelas de pareamento e *rankings* genéticos foram construídos e indicam as relações de parentesco e níveis de variabilidade genética de cada ave. Com eles foi possível apontar os melhores pares a serem acasalados e os indivíduos que estão aptos a serem reintroduzidos.

**Palavras-chave:** *Aburria jacutinga*. Conservação *Ex Situ*. Espécie Ameaçada. Mata Atlântica. Microsatélites. Variabilidade Genética.

## ABSTRACT

Several critically endangered species and subspecies have been saved from extinction in recent years by *Ex Situ* conservation strategies. However, captive populations are generally small and exposed to the effects of genetic drift, inbreeding and founder effects. Thus, a major challenge for long-term reproduction of these animals is to reduce the loss of heterozygosity and of allelic diversity. The genetic management can guide the matings to maintain the genetic variation as high as possible in the population. It can be achieved by calculating the genetic distance between the specimens, which is performed using molecular biology techniques. The Black-fronted Piping-Guan, *Aburria jacutinga* (Aves, Cracidae), is an endemic bird of the Atlantic Forest that is threatened of extinction due to the drastic destruction of this biome and the heavy hunting pressure. Among the suggested conservation actions for this species are the development of an *Ex Situ* conservation program with the goal of making reintroductions in areas where it has become extinct, as well as the maintenance of these captivity stocks controlled by a studbook. Here we have genotyped and analyzed 146 individuals from the five main breeding facilities. The results demonstrated five genetically differentiated populations of Black-fronted Piping-Guan, but their levels of genetic variability were very similar. However when these levels are compared with other species, the data suggest that the genetic variation is lower than desirable to reach the objectives proposed by the *Ex Situ* conservation programs. Pairing tables and genetic rankings were constructed and indicated kinship and levels of genetic variability of each bird. It was possible to identify the best pairs to be mated and individuals that were adequate for reintroductions.

**Keywords:** *Aburria jacutinga*. *Ex Situ* Conservation. Threatened Species. Atlantic Forest. Microsatellites. Genetic Variability.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	1
1.1. A Conservação <i>Ex Situ</i> .....	1
1.2. As aves da família Cracidae.....	2
1.3. A Jacutinga, <i>Aburria jacutinga</i> .....	4
1.4. Variabilidade genética e reprodução em cativeiro.....	7
1.5. A técnica de microssatélites.....	9
2. JUSTIFICATIVA.....	11
3. OBJETIVOS.....	13
4. MATERIAIS E MÉTODOS.....	14
4.1. Obtenção das amostras e extração de DNA.....	14
4.2. Amplificação dos <i>loci</i> de microssatélites.....	14
4.3. Visualização dos resultados.....	15
4.4. Sexagem.....	15
5. FORMA DE ANÁLISE DOS DADOS.....	17
5.1. Detecção de alelos nulos e desequilíbrio de ligação.....	17
5.2. Análises de estruturação genética.....	17
5.3. Análises de variabilidade genética e equilíbrio de Hardy-Weinberg.....	19
5.4. Tamanho efetivo populacional.....	19
5.5. Análises de parentesco.....	20
6. RESULTADOS.....	22
6.1. Análise dos <i>loci</i> .....	22
6.2. Estruturação genética.....	23

6.3. Variabilidade genética.....	28
6.4. Sexagem molecular.....	31
6.5. <i>Ranking</i> genético.....	32
6.6. Acasalamentos e reintrodução.....	38
6.7. Comparações entre as populações de jacutinga.....	40
6.8. Comparações entre espécies de cracídeos.....	40
6.9. Comparações entre espécies ameaçadas.....	41
7. DISCUSSÃO.....	43
7.1. Estrutura populacional e variabilidade genética.....	43
7.2. Aplicações para o manejo.....	47
7.2.1. Manejo das populações de cativeiro.....	47
7.2.2. Reintroduções na natureza.....	49
8. CONCLUSÃO.....	53
9. REFERÊNCIA.....	55
10. ANEXOS.....	62
Anexo 1. Pareamento geral de todas as fêmeas com todos os machos da população de cativeiro de <i>A. jacutinga</i> utilizando-se a medida (1-Ps).....	62
Anexo 2. Pareamento de fêmeas e machos da população da CESP utilizando-se a medida de (1-Ps).....	68
Anexo 3. Pareamento de fêmeas e machos da população de Poços de Caldas utilizando-se a medida de (1-Ps).....	69
Anexo 4. Pareamento de fêmeas e machos da população da Crax Brasil utilizando-se a medida de (1-Ps).....	70
Anexo 5. Pareamento de fêmeas e machos da população do Criadouro	

Tropicus utilizando-se a medida de (1-Ps).....	71
Anexo 6. Pareamento de fêmeas e machos da população do Criadouro Guaratuba utilizando-se a medida de (1-Ps).....	72
Anexo 7. <i>Ranking</i> de heterozigose individual (MLH) indicando os indivíduos aptos para a reintrodução.....	73
Anexo 8. Histograma de frequência de heterozigose individual (MLH) para todos os indivíduos da população de cativeiro de <i>A. jacutinga</i> .....	77

## 1. INTRODUÇÃO

### 1.1. A Conservação *Ex Situ*

A conservação *Ex Situ* pode ser definida como sendo a preservação de uma espécie em condições artificiais, sob supervisão humana (Primack, 1995), e graças a esta estratégia de conservação diversas espécies e subespécies de animais criticamente ameaçados foram salvas da extinção nos últimos anos (Ralls *et al.*, 2000; Caparroz *et al.*, 2001; Wakefield *et al.*, 2002; Wisely *et al.*, 2003).

Por isso, de acordo com a IUCN (*The World Conservation Union*), quando o número de indivíduos restantes de uma espécie ameaçada está em acentuado declínio, parte, ou toda a população natural, deve ser trazida para o cativeiro como uma estratégia para se atingir condições mais seguras (Ralls & Ballou, 2004). Este procedimento foi aplicado com sucesso, por exemplo, no falcão peregrino (*Falco peregrinus*), no grou americano (*Grus americana*) e no mico-leão-dourado (*Leontopithecus rosalia*) (Cade, 1988; Jones *et al.*, 2002), tendo permitido a fundação de novas populações e/ou o reforço das populações naturais já existentes. Isto demonstra que atualmente os programas de conservação *Ex Situ*, têm conseguido reintroduzir com êxito diversos animais em risco de extinção em seus ambientes naturais (Wakefield *et al.*, 2002; Wiseley *et al.*, 2003; Ralls & Ballou, 2004), o que tem se tornado uma medida amplamente utilizada para proteger espécies ameaçadas (Storfer, 1999; Fischer & Lindenmayer, 2000; Witzemberger & Hochkirch, 2011).

Um programa de conservação *Ex Situ* deve ser visto como um processo que envolve seis estágios: reconhecer o declínio das populações selvagens e suas consequências genéticas, fundar uma população em cativeiro, aumentar a população de cativeiro para números seguros, manter a população cativa ao longo das gerações, escolher indivíduos para a reintrodução e manejar a população reintroduzida na natureza (Frankham *et al.*, 2004).

Além disso, a manutenção de organismos em cativeiro pode fornecer outras opções de preservação, tais como: um último refúgio para determinadas espécies que não apresentam condições imediatas de sobrevivência na natureza, uma oportunidade para pesquisas sobre a biologia básica das espécies e o desenvolvimento de programas educativos que engajam o público em questões conservacionistas e criam um foco para atrair fundos (Conway, 1980; Frankham *et al.*, 2004).

## **1.2. As aves da família Cracidae**

A família Cracidae (mutuns, jacus, jacutingas e aracuãs) (Aves, Galliformes) é constituída em sua maioria, por aves cuja massa corporal ultrapassa 500 g, podendo estar acima dos 3 kg nas maiores espécies (mutuns dos gêneros *Pauxi* e *Crax*) (Silveira *et al.*, 2008a). Este grupo é endêmico da região Neotropical, distribuindo-se do sul do Texas, EUA, até a Argentina e Uruguai, habitando predominantemente o interior de áreas florestais (Brooks & Fuller, 2006). Embora sejam animais primariamente frugívoros, outros itens alimentares como sementes, folhas, flores, cotilédones, insetos e pequenos vertebrados podem ser incluídos em proporções variáveis na dieta das diferentes espécies (Yumoto, 1999).

Um número crescente de trabalhos tem ressaltado a importância dos cracídeos para a manutenção da dinâmica das florestas tropicais (Brooks & Fuller, 2006). Enquanto os jacus e jacutingas auxiliam na regeneração destes ecossistemas através da dispersão de sementes (Galetti *et al.*, 1997; Bernardo *et al.*, 2011), os mutuns têm se demonstrado primariamente predadores de sementes, contribuindo para a determinação das densidades populacionais de diversas espécies de plantas, embora possam também ser dispersores de algumas delas (Yumoto, 1999). Além disso, por serem altamente sensíveis às ações antrópicas e facilmente detectáveis em censos de campo, os cracídeos têm sido apontados como importantes

bioindicadores para o manejo e criação de unidades de conservação (Strahl & Grajal, 1991; Brooks & Fuller, 2006).

Contudo, em se tratando das aves neotropicais, a família Cracidae (Aves, Galliformes) é a que apresenta o maior número de representantes ameaçados. Vinte e quatro das 50 espécies existentes, além de oito subespécies, encontram-se sob alguma categoria de ameaça (Brooks & Fuller, 2006), de maneira que para muitas espécies a conservação *Ex Situ* tem sido uma estratégia necessária (Silveira *et al.*, 2008a). O Brasil abriga a segunda maior diversidade de cracídeos do mundo, possuindo pelo menos 22 espécies (Silveira *et al.*, 2008a). De acordo com a Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da IUCN (2011), dos taxa brasileiros, um se encontra Extinto na Natureza (*Pauxi mitu*), dois se encontram na categoria Ameaçada (*Aburria jacutinga* e *Crax blumenbachii*) e dois na categoria Vulnerável (*Penelope ochrogaster* e *Penelope jacucaca*). Outros dois taxa estão na categoria de ameaça “Em Perigo” segundo Silveira *et al.* (2008a), são eles: *Penelope superciliaris alagoensis* e *Crax fasciolata pinima*.

As principais causas deste declínio são a caça e a destruição de seus habitats naturais. Alguns estudos apontam os cracídeos como sendo a principal fonte de proteínas para caçadores de subsistência e muitos povos indígenas (Thiollay, 1994; Brooks, 1999). Somando-se à caça, por serem dependentes de florestas primárias, muitas espécies têm se tornado ameaçadas devido à crescente redução e fragmentação das florestas neotropicais, especialmente aquelas que apresentam distribuição geográfica limitada (Brooks & Fuller, 2006).

Devido ao grau de ameaça destes animais, o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) tem elaborado Planos de Ação para a preservação destas aves (Silveira *et al.*, 2008a, 2008b). Dentre as diretrizes apresentadas nestes planos, encontra-se a necessidade do desenvolvimento de programas de reprodução em cativeiro. Atualmente, seis

dos sete taxa brasileiros que constam em alguma categoria de ameaça apresentam pelo menos alguns exemplares em cativeiro, são eles: *Penelope superciliaris alagoensis*, *Penelope jacucaca*, *Crax fasciolata pinima*, *Aburria jacutinga*, *Pauxi mitu* e *Crax blumenbachii* sendo que para os três últimos existem programas de reprodução *Ex Situ* estabelecidos, com populações distribuídas em criatórios conservacionistas do país, sob monitoramento do ICMBio (Silveira *et al.*, 2008a).

### **1.3. A jacutinga, *Aburria jacutinga***

A jacutinga (Figura 1) é um cracídeo que apresenta em torno de 74 cm de comprimento, entre 1,1 e 1,4 kg, sua face é negra e emplumada, com a base do bico azul-esbranquiçada e região perioftálmica nua de cor branca. Sua barbela é larga, pouco emplumada e colorida de vermelho na porção posterior, sendo a anterior dividida em uma área lilás superior e outra azul inferior (Sick, 1997). É uma ave endêmica da Mata Atlântica que era encontrada do sul da Bahia ao Rio Grande do Sul, no nordeste da Argentina e no leste do Paraguai (Sick, 1997). A maior parte dos registros de *A. jacutinga* realizados por Galetti *et al.* (1997) foram em florestas de encostas montanhosas acidentadas, alternando com vales profundos, em que a floresta é estruturalmente um mosaico de habitats. É altamente dependente de florestas conservadas, com abundância de Lauraceae e Myrtaceae, sendo sensível ao desmatamento (Silveira *et al.*, 2008a).

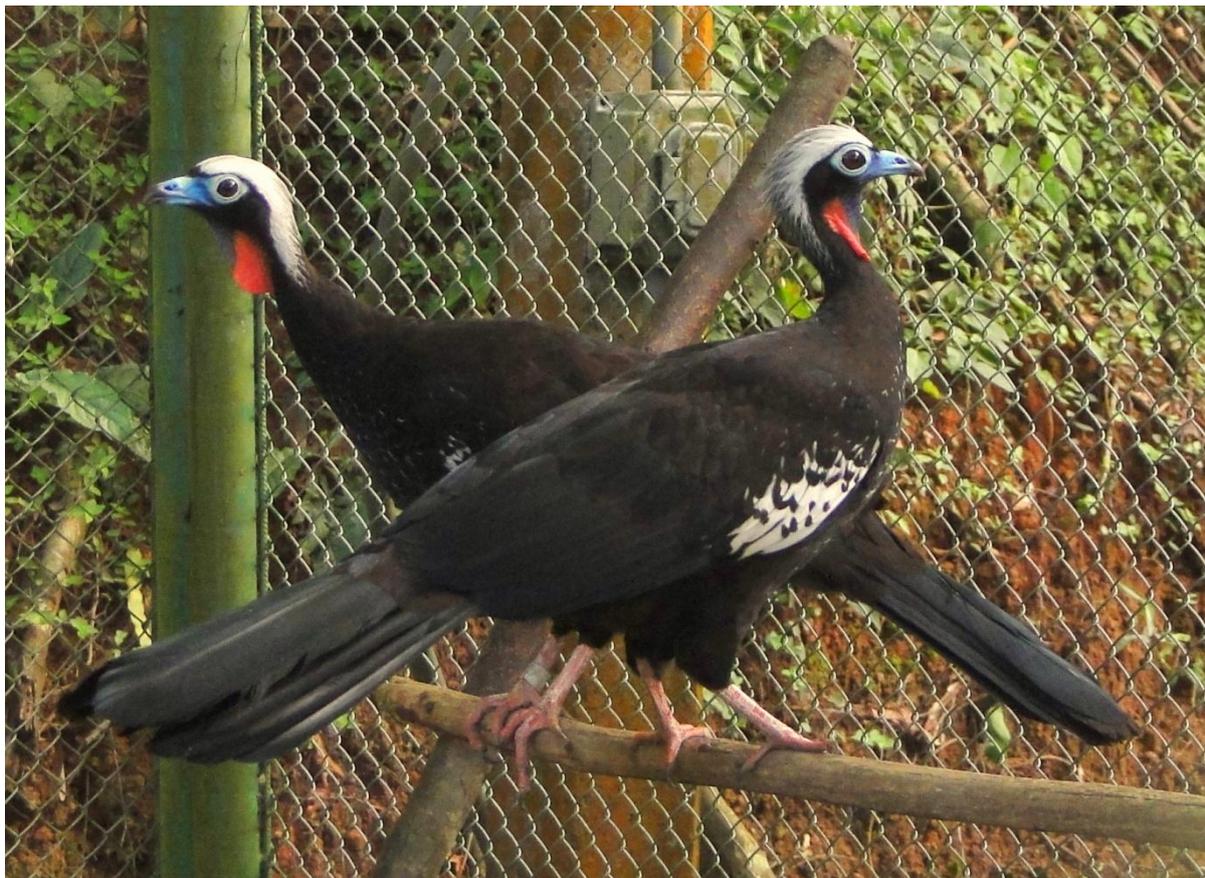


Figura 1. Recinto da CESP com um casal de *Aburria jacutinga*.

Porém, devido à drástica redução da Mata Atlântica e à forte pressão de caça, hoje está extinta na maior parte de sua distribuição original, sendo praticamente inexistente fora de áreas de proteção natural, e suas populações remanescentes estão ameaçadas (Galetti *et al.*, 1997; Bernardo & Clay, 2006; Bernardo *et al.*, 2011). A espécie é incluída no anexo I da CITES e na categoria “Ameaçada” da Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da IUCN (2011) e do Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção (2008).

No Brasil, já se encontra praticamente extinta nos estados da Bahia, Espírito Santo e Rio de Janeiro, além de estar criticamente em perigo no Rio Grande do Sul e em Minas Gerais. Atualmente, as maiores populações ocorrem nos Estados de São Paulo, Paraná e Santa Catarina (Silveira *et al.*, 2008a). Galetti *et al.* (1997) estimaram que menos de 1500 indivíduos ocorriam nas áreas mais bem protegidas do estado de São Paulo, enquanto que a população do Paraguai foi estimada em 870 indivíduos (Bernardo & Clay, 2006).

Em um trabalho recente Bernardo *et al.* (2011) avaliaram a densidade de *A. jacutinga* para 11 localidades da Mata Atlântica do estado de São Paulo e encontraram as seguintes estimativas: Parque Estadual Ilha do Cardoso (3 indivíduos/km<sup>2</sup>), Parque Estadual Ilhabela (13,3 indivíduos/km<sup>2</sup>), Parque Estadual Carlos Botelho (4,4 indivíduos/km<sup>2</sup>), Parque Estadual Turístico Alto Ribeira (3,0 indivíduos/km<sup>2</sup>), Parque Estadual Jacupiranga (0,5 indivíduos/km<sup>2</sup>), Parque Estadual Jurupará (0,0 indivíduos/km<sup>2</sup>), Estação Ecológica Juréia-Itatins (0,27 indivíduos/km<sup>2</sup>), Parque Estadual Serra do Mar “PESM” – Caraguatatuba (0,4 indivíduos/km<sup>2</sup>), PESM – Santa Virgínia (0,0 indivíduos/km<sup>2</sup>), PESM – Picinguaba (0,0 indivíduos/km<sup>2</sup>) e PESM – Cunha (0,5 indivíduos/km<sup>2</sup>). Esses resultados indicam que as ilhas e a Serra de Paranapiacaba possuem as maiores densidades estimadas, enquanto o maior contínuo florestal deste bioma, a Serra do Mar, apresenta de modo preocupante os menores valores.

As jacutingas estão entre as primeiras espécies a desaparecer de locais em que a caça está presente, devido à facilidade com que são abatidas e por serem preferencialmente caçadas pelos indígenas habitantes de áreas de proteção natural (Galetti *et al.*, 1997). Além disso, várias espécies de plantas utilizadas pelas jacutingas são valiosas economicamente. Assim, é comum o corte ilegal de várias delas, como a retirada do *Euterpe edulis* (palmito-juçara), que ocorre inclusive em unidades de conservação e é realizada por populações locais. Sabe-se que os frutos do palmito representam um importante recurso para *A. jacutinga* (Galetti *et al.*, 1997; Silveira *et al.*, 2008a; Bernardo *et al.*, 2011).

A espécie também sofre com a destruição da Mata Atlântica, que depois da Amazônia, é a maior formação florestal da América do Sul. Este ecossistema encontra-se entre os cinco principais *hotspots* do planeta, apresentando não apenas uma excepcional concentração de espécies, muitas delas endêmicas, mas também um alto grau de devastação (Myers *et al.*, 2000). Atualmente restam aproximadamente apenas 11,4 a 16% de sua área original de 150

milhões de hectares (Ribeiro *et al.*, 2009). Hoje, em sua maior parte, o que restou está contido em pequenos fragmentos disjuntos e em alguns poucos locais de floresta contínua (Ribeiro *et al.*, 2009). As áreas de Mata Atlântica que provavelmente comportam as últimas populações viáveis de jacutinga estão na região mais populosa do país, onde o seu desmatamento tem sido acelerado nos últimos 50 anos por determinadas ações antrópicas como a crescente urbanização, o processo de industrialização, a construção de novas estradas, o aumento da população humana, e o avanço da agricultura e pecuária (Pereira *et al.*, 1996; Aleixo & Galetti, 1997; Silveira *et al.*, 2008a).

Devido às ameaças constantes e aos poucos indivíduos restantes em vida livre, Brooks & Strahl (2000), indicam que devem ser realizados esforços de conservação com prioridade muito alta para *A. jacutinga*. Dentre as ações de conservação sugeridas para esta espécie estão a translocação de animais, a reintrodução em áreas nas quais se tornou extinta e a manutenção dos estoques em cativeiro controlados por um *studbook*, que ainda necessita ser desenvolvido (Bernardo & Clay, 2006). Deste modo, a criação e o gerenciamento de reservatórios genéticos e demográficos *Ex Situ* podem garantir uma valiosa fonte de indivíduos para reintroduções.

#### **1.4. Variabilidade genética e reprodução em cativeiro**

Um dos grandes desafios para a propagação em longo prazo de animais em zoológicos e criadouros conservacionistas é amenizar a perda de diversidade alélica e de heterozigose (Seal, 1988; Frankham *et al.*, 2010). Estas perdas ocorrem porque as populações de cativeiro são geralmente menores do que as populações fonte, e quanto menor uma população, mais exposta ela se torna aos efeitos da deriva genética, endocruzamento e efeitos fundadores (Shaffer, 1987; Lande & Barrowclough, 1987; Frankham *et al.*, 2010). A perda de heterozigose resulta em efeitos negativos por tornar maior a probabilidade de que os indivíduos sejam homozigotos para alelos deletérios recessivos, o que implica em baixa

resistência a doenças, baixas taxas de sobrevivência, baixas taxas de crescimento, anomalias fenotípicas, tamanho reduzido dos adultos e baixa fertilidade (Young *et al.*, 1998; Bryant & Reed, 1999). Além disso, a perda de diversidade alélica tem efeitos drásticos, pois esta constitui o material necessário para a adaptação e especiação dos táxons frente às alterações do ambiente (Templeton *et al.*, 2001; Frankham *et al.*, 2010).

Atualmente, a situação em cativeiro da jacutinga é relativamente segura em termos demográficos. São conhecidos mais de 150 exemplares distribuídos principalmente em cinco criadouros: Criadouro Científico e Cultural de Poços de Caldas (Poços de Caldas, MG), Crax Brasil (Contagem, MG), Criadouro da Companhia Energética de São Paulo - CESP (Paraibuna, SP), Criadouro Tropicus (Rio de Janeiro, RJ) e Criadouro Conservacionista Guaratuba (Guaratuba, PR). Todavia, apesar de se reproduzir com certa facilidade em cativeiro, acredita-se que todos os exemplares sejam descendentes de apenas alguns poucos casais fundadores (R. Azeredo, Crax Brasil, comunicação pessoal), embora não existam registros sobre quantos seriam estes indivíduos.

O tamanho da população e o número de indivíduos fundadores são os principais fatores determinantes do quanto de variabilidade genética pode ser mantido numa espécie ou população cativeira (Lande & Barrowclough, 1987; Frankham *et al.*, 2010). Atualmente, pouco se sabe sobre os níveis de variabilidade genética desta população de cativeiro e não existem informações sobre o grau de parentesco entre os indivíduos. As informações disponíveis limitam-se a uma análise preliminar de DNA-*fingerprinting* realizada por Pereira *et al.* (1996) numa amostra de 11 indivíduos.

A principal estratégia utilizada nos programas de monitoramento genético é impedir a ocorrência de endocruzamentos. Comumente, para se atingir este objetivo, utilizam-se das informações contidas nas genealogias dos *studbooks*, o que permite evitar o acasalamento entre indivíduos aparentados. No entanto, em muitos casos as informações genealógicas

podem ser imprecisas ou incompletas (Jones *et al.*, 2002). E ainda, não raramente, todos os indivíduos restantes de uma espécie ou população apresentam grau de parentesco próximo.

Nestes casos, a aplicação de técnicas de genética molecular torna possível o cálculo da distância genética entre os espécimes a serem manejados, para que se possa acasalar os indivíduos menos similares geneticamente com o intuito de minimizar a homozigose. Além do que, tais análises permitem identificar os indivíduos mais raros e heterozigotos, garantem que a diversidade genética esteja representada em todos os criadouros envolvidos, asseguram que toda a variabilidade genética disponível em cativeiro seja transferida para a natureza em programas de reintrodução e identifica indivíduos mais comuns geneticamente para que possam ser utilizados também em outros propósitos que não a reprodução, como a exposição em programas educacionais ou tentativas experimentais de reintrodução na natureza (Ralls & Ballou, 2004).

### **1.5. A técnica de microssatélites**

Os microssatélites são repetições simples, de pequenas unidades do genoma, de um a seis pares de bases, organizadas em *tandem*, encontradas em todos os organismos eucariotos analisados até o momento. São amplamente dispersos pelo genoma, codominantes e bastante polimórficos em comprimento (número de repetições). A maioria dos *loci* ocorrem em regiões não codificadoras de proteínas e, portanto, provavelmente muitos deles não sofrem seleção (Zane *et al.*, 2002). Tais características fazem dos microssatélites uma das ferramentas mais informativas para estudos de genética populacional e para a avaliação dos níveis de parentesco entre os indivíduos (Pritchard *et al.*, 2000; Jones *et al.*, 2002).

A variação dos *loci* de microssatélites é avaliada através da amplificação por PCR utilizando-se *primers* complementares às sequências únicas flanqueadoras de cada *locus*, seguido de análise em gel de eletroforese. Dado que os *loci* são espécie-específicos, de uma

maneira geral, precisam ser isolados para cada espécie que esteja sendo analisada pela primeira vez (Zane *et al.*, 2002).

O sucesso do isolamento de novos *loci* de microssatélites depende não apenas do número de *loci* obtidos, mas também do grau de polimorfismo apresentado por estes. O grau de variação de um *locus* de microssatélite depende de sua taxa de mutação. Enquanto o DNA de cópia única evolui principalmente através da acumulação de substituições de bases, o mecanismo predominante na evolução dos microssatélites é o deslizamento (*slippage*) da DNA polimerase. O deslizamento da polimerase ocorre durante a síntese do DNA. Neste processo, as duas fitas podem ocasionalmente se separar e voltarem a se realinhar em posição incorreta, resultando em alças não pareadas. Muitas destas alças são corrigidas pelos mecanismos de reparo da célula, e apenas uma pequena fração que não sofre reparo resulta em ganho ou perda de uma ou mais unidades repetitivas (Bachtrog *et al.*, 2000; Harr *et al.*, 2000; Kruglyak *et al.*, 2000).

## 2. JUSTIFICATIVA

O manejo genético de populações cativas de espécies ameaçadas ajuda a conter adaptações ao ambiente artificial, minimiza os efeitos deletérios do endocruzamento e preserva a capacidade da espécie para se adaptar às mudanças do ambiente (Ralls & Ballou, 2004; Frankham *et al.*, 2010). O compromisso com a preservação em longo prazo e a gestão dessas populações é dependente do desenvolvimento de programas de reprodução em cativeiro com base em princípios genéticos e demográficos. A essência de qualquer programa de reprodução são as recomendações indicando quais animais estão aptos a se reproduzir, quantas vezes, e com quem (Ballou & Foose, 1997).

No entanto, mesmo após terem se passado algumas gerações de reprodução em criadouros, um programa sistemático de monitoramento genético ainda não foi implementado para a jacutinga, que segundo Stotz *et al.* (1996) é merecedora de prioridade urgente de conservação; e como os esforços para sua reprodução continuam em andamento, torna-se urgente a implantação deste plano de manejo genético para que o programa de conservação *Ex Situ* da espécie tenha uma maior probabilidade de sucesso.

Portanto, os esforços deverão ser direcionados para realizar os acasalamentos de maneira a manter na população a maior diversidade genética e heterozigose possível. Além disso, os dados genéticos irão embasar algumas das importantes diretrizes apontadas pelo “Plano de Ação Nacional para a Conservação dos Galliformes Ameaçados de Extinção” para a conservação da jacutinga, como as reintroduções na natureza e o desenvolvimento de um *studbook* da população de cativeiro (Bernardo & Clay, 2006; Silveira *et al.*, 2008a). Com relação à reintrodução, num primeiro momento, em tentativas experimentais com altos riscos de mortalidade dos indivíduos, aqueles menos distintos geneticamente (portadores de alelos mais comuns, embora não com baixos níveis de heterozigose) deverão ser utilizados. Somente após o desenvolvimento de um protocolo seguro de reintrodução é que indivíduos com alelos

mais raros deverão ser levados para a natureza (Frankham *et al.*, 2004). No que se refere à criação do *studbook*, dado que não existem informações sobre os níveis de parentesco dos indivíduos para a construção de genealogias, os dados genéticos permitirão o desenvolvimento de *rankings* e estimativas de distância genética entre pares de indivíduos para a escolha dos melhores pareamentos (Jones *et al.*, 2002; Frankham *et al.*, 2010).

Esses conhecimentos também contribuirão de forma adicional para que os recursos financeiros investidos na conservação da jacutinga, sejam utilizados de maneira mais precisa, otimizando as técnicas de manejo.

### 3. OBJETIVOS

Diante disso, os objetivos deste trabalho foram:

- ✓ Avaliar o nível de variabilidade genética da população de cativeiro de *A. jacutinga*;
- ✓ Avaliar a estruturação genética de cinco dos principais plantéis da espécie;
- ✓ Verificar o grau de parentesco entre os indivíduos analisados, provendo os subsídios necessários para a criação de um *studbook* para esta espécie;
- ✓ Fazer recomendações sobre os pares a serem acasalados de maneira a se preservar a maior variação genética possível na espécie em estudo;
- ✓ Identificar os indivíduos mais adequados para a reintrodução na natureza.

## 4. MATERIAIS E MÉTODOS

### 4.1. Obtenção das amostras e extração de DNA

Os estudos foram realizados em colaboração com cinco mantenedores de *A. jacutinga*, o Criadouro Científico e Cultural de Poços de Caldas (Poços de Caldas, MG), o Criadouro da Companhia Energética de São Paulo - CESP (Paraibuna, SP), a Crax Brasil (Contagem, MG), o Criadouro Tropicus (Rio de Janeiro, RJ) e o Criadouro Conservacionista Guaratuba (Guaratuba, PR), os quais forneceram as amostras para extração de DNA.

Foram coletados aproximadamente 10 µl de sangue de cada indivíduo através de punção intravenosa. O sangue foi armazenado em etanol absoluto em tubos de 1,5 ml em freezer a -20 graus. O DNA foi obtido de acordo com o protocolo convencional de extração utilizando-se Fenol:Clorofórmio:Álcool isoamílico (Sambrook *et al.*, 1989). As amostras foram diluídas em solução tampão em uma concentração de 50ng/µl de DNA. Foi utilizado o espectrofotômetro de massa (GE Nano Vue Plus) para a quantificação e diluição das amostras de DNA.

### 4.2. Amplificação dos *loci* de microssatélites

As amplificações dos *loci* de microssatélites foram realizadas em termociclador *Eppendorff Mastercycler Gradient*, programado para uma desnaturação inicial de 94°C (3 minutos) e 35 ciclos de 94°C (30 segundos), 45-65°C (30 segundos) e 72°C (30 segundos), seguido de uma extensão final de 72°C (5 minutos). Em cada reação foram utilizados 0,2 mM de dNTPs, tampão de amplificação 1X, 3 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,2 µM de cada *primer*, 1 U de *Taq polymerase* e 100 ng de DNA, completando um volume total de 10 µl. Os *loci* utilizados nas análises estão identificados abaixo (Tabela 1). Foram utilizados cinco *loci* isolados diretamente de *A. jacutinga* [*Aburria21* (A21), *Aburria22* (A22), *Aburria44* (A44), *Aburria48*

(A48) e *Aburria*105 (A105)] e quatro *loci* isolados a partir de uma amostra de *Pauxi tuberosa* [*Pauxi*1-4 (P1-4), *Pauxi*2-2 (P2-2), *Pauxi*2-30 (P2-30) e *Pauxi*3-4 (P3-4)].

Tabela 1. Nome abreviado, tipo de repetição, amplitude de tamanho dos alelos, número de alelos e temperaturas de anelamento (Ta°C) de nove *loci* de microssatélites utilizados para genotipagem de indivíduos de cativeiro de *A. jacutinga*.

<i>Locus</i>	Repetição	Amplitude (pb)	Nº de alelos	Ta(°C)
A21	(CA) <sub>15</sub>	139-159	5	58,5
A22	(AG) <sub>5</sub> G(AG) <sub>10</sub>	303-305	2	58,5
A44	(GT) <sub>10</sub>	129-139	3	55,8
A48	(TG) <sub>14</sub>	92-100	4	48,2
A105	(TG) <sub>8</sub>	217-219	2	55,8
P1-4	(GATA) <sub>4</sub> (GGTA) <sub>9</sub> GGGA(GGTA) <sub>4</sub>	166-182	4	50,4
P2-2	(GATA) <sub>5</sub> (GACA) <sub>4</sub> (GATA) <sub>2</sub>	225-269	10	48,2
P2-30	(GAAA) <sub>5</sub>	197-205	3	55,8
P3-4	(GT) <sub>6</sub>	202-218	3	53,0

#### 4.3. Visualização dos resultados

Para a caracterização dos *loci* obtidos, os segmentos amplificados foram analisados em sequenciador automático ABI 3730 (*DNA Analyzer - Applied Biosystems*) utilizando-se de *primers* marcados com fluorescência. Foram utilizados dois tipos de corantes fluorescentes (FAM e HEX) durante as genotipagens, além do marcador de peso molecular ROX (*GeneScan 500 - Applied Biosystems*). Estas análises foram realizadas comercialmente no Instituto do Genoma Humano, USP, SP.

#### 4.4. Sexagem

Dado que estes animais não apresentam dimorfismo sexual, eles foram sexados através da amplificação das cópias homólogas do gene CHD (*chromo-helicase-DNA-binding*), localizados nos cromossomos sexuais Z e W (Griffiths *et al.*, 1998). Nas aves as fêmeas são heterogaméticas (ZW), enquanto os machos apresentam dois cromossomos iguais (ZZ).

A sexagem molecular foi realizada utilizando-se um novo método proposto por Han *et al.* (2009), em que um *primer* específico (P0: 5'-ATTGAGTTGGAACCAGAICA-3') foi desenvolvido para a sequência única do gene CHD-W que quando utilizado com outros dois *primers* (P2: 5'-TCTGCATCGCTAAATCCTTT-3'/P8: 5'-CTCCCAAGGATGAGRAAYTG 3'), descritos por Griffiths *et al.* (1998), amplificam uma banda adicional nas fêmeas que é em torno de 100 *pb* maior que a banda já amplificada pelo conjunto de *primers* antigos.

## 5. FORMA DE ANÁLISE DOS DADOS

### 5.1. Detecção de alelos nulos e desequilíbrio de ligação

O software MICROCHECKER 2.2.3 (Van Oosterhout *et al.*, 2004) foi utilizado para identificar a ocorrência de alelos nulos. Este programa constrói genótipos a partir da randomização de alelos observados para cada *locus* dentro da amostra. Em sequência, os genótipos observados são então comparados com a distribuição randômica gerada. Os valores de *P* são calculados pelo *ranking* das frequências observadas na distribuição de genótipos randomizados. Um teste de Fisher para probabilidade combinada é então realizado utilizando-se os valores de *P* para todas as classes de tamanho de homozigotos. O software indicará a presença de alelos nulos se o teste de probabilidade combinada mostrar um excesso significativo de homozigotos; e quando este excesso for distribuído uniformemente em todas as classes de tamanho de homozigotos.

Para se calcular a ocorrência de desequilíbrio de ligação foram feitas tabelas de contingência para cada par de *loci*, utilizando-se o teste exato de Fisher para estimar se os genótipos de um *locus* foram independentes dos genótipos do outro *locus* em termos de frequência de ocorrência. Esta análise foi realizada no software GENEPOP 4.0 (Rousset, 2008), considerando-se todas as populações juntas e separadas.

### 5.2. Análises de estruturação genética

O procedimento Bayesiano implementado pelo software STRUCTURE 2.3.3. (Pritchard *et al.*, 2000) foi utilizado para identificar se há estrutura genética nos plantéis analisados de jacutinga. O modelo assume que há distintos grupos gênicos (*K*) em um conjunto de genótipos multilocus, com diferentes frequências alélicas em cada *locus*. Portanto ele irá inferir sobre o número (*K*) de conjuntos gênicos presentes em uma amostra buscando-se por grupos que maximizem os níveis de Equilíbrio de Hardy-Weinberg, sendo cada

população caracterizada por um conjunto de frequências alélicas em cada *locus*. Com base nestas frequências alélicas estima-se a probabilidade (Q) de cada genótipo (indivíduo) pertencer a uma ou mais populações.

As análises foram realizadas para  $K = 1$  até  $K = 5$  com dez corridas independentes para cada K, 1.000.000 de reamostragens pelo método de MCMC (Markov Chain Monte Carlo) e 500.000 período de “*burn-in*”, utilizando-se frequência correlacionada de alelos e o modelo que permite mistura de genomas (*admixture model*). Para encontrar o valor de K mais adequado para nossos dados foi utilizado o valor máximo da média de  $\ln P(D)$  (log da probabilidade estimada dos dados) para os diferentes valores de K (Pritchard *et al.*, 2000; Miotto *et al.*, 2011; Yang & Jiang, 2011).

A estruturação populacional indicada pela análise realizada no software STRUCTURE, foi confirmada considerando-se todos os *loci* em conjunto por meio do cálculo do índice de fixação ( $F_{ST}$ ) entre pares de populações. Este índice foi calculado de acordo com Weir e Cockerham (1984). Para se testar se os valores diferiram significativamente de zero foi utilizado o procedimento de randomização implementado no software FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 1995), não assumindo Equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os genótipos foram permutados aleatoriamente entre os pares de populações e a probabilidade da distribuição alélica ser idêntica entre elas foi obtida através do “*log-likelihood (G) exact test*”, (Goudet *et al.*, 1996). Com isto, obteve-se uma distribuição de valores de G (distribuição nula) que puderam ser comparados com o valor de G obtido para a amostra observada. A proporção de valores de G obtidos por randomização que foram maiores ou iguais ao valor observado representa a probabilidade de  $F_{ST}$  diferir significativamente de zero.

Foram também confeccionadas tabelas de frequências alélicas e número de alelos para facilitar a visualização de possíveis alelos exclusivos em cada população.

### 5.3. Análises de variabilidade genética e Equilíbrio de Hardy-Weinberg

O Equilíbrio de Hardy-Weinberg foi estimado comparando-se as heterozigoses observadas ( $H_O$ ) e esperadas ( $H_E$ ) e calculando-se o coeficiente de endocruzamento ( $F_{IS}$ ). Estes valores foram obtidos para cada *locus* unindo-se todas as populações e, dentro de cada população, para cada *locus* separadamente e para a média de todos os *loci*. A significância das diferenças entre os valores de  $H_E$  e  $H_O$  foram obtidas através do teste exato implementado no software GENEPOP 4.0 (Rousset, 2008). O  $F_{IS}$  foi calculado de acordo com Weir e Cockerham (1984). Para se verificar se os valores de  $F_{IS}$  diferem significativamente de zero, foi utilizado o procedimento de randomização do software FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 1995). A diversidade genética foi estimada para cada população calculando-se a riqueza alélica de El Mousadik e Petit (1996). Este cálculo estima o número esperado de alelos através de uma adaptação do índice de rarefação de Hurlbert (1971) corrigindo assim problemas de tamanhos amostrais distintos durante as comparações, uma vez que o número de alelos observados é altamente dependente do tamanho da amostra.

A heterozigose esperada ( $H_E$ ) e a riqueza alélica ( $R_s$ ) foram comparadas entre as populações de jacutinga através do teste estatístico de Kruskal-Wallis. Para comparações com outras espécies foi utilizado o teste de Mann-Whitney, pois os dados não apresentaram normalidade. Nas comparações com espécies ameaçadas de outros grupos taxonômicos também foi utilizado o mesmo teste (Mann-Whitney), entretanto além de heterozigose esperada ( $H_E$ ), foi possível avaliar comparativamente o número de alelos ( $A$ ).

### 5.4. Tamanho efetivo populacional

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) foi estimado para o conjunto total de indivíduos, utilizando-se o método baseado em desequilíbrio de ligação (Waples, 2006), implementado no software LDNE 1.3.1. (Waples & Do, 2008). O desequilíbrio de ligação entre alelos de

dois *loci* é definido como sendo a diferença entre as frequências observadas dos gametas com os alelos dos dois *loci* e a frequência esperada de cada tipo de gameta obtida pela associação randômica dos alelos de acordo com suas frequências na população. Um coeficiente de correlação pode ser obtido entre estas frequências observadas e esperadas ( $r$ ).

Com isto obtém-se:

$\hat{r}_\Delta$  = correlação das frequências alélicas entre *loci* de acordo com o método de Burrow (Waples, 2006);

$\hat{r}^2$  = média dos quadrados dos valores de  $\hat{r}_\Delta$  de todos os *loci* em uma replicação;

$\bar{r}^2$  = média dos valores de  $\hat{r}^2$  ao longo de todas as replicações;

$E(\hat{r}^2)$ ,  $V(\hat{r}^2)$  = valor esperado e variância de  $\hat{r}^2$ .

É esperado que a média dos quadrados dos valores de correlação das frequências alélicas inter-loci ( $\hat{r}_\Delta^2$ ) seja inversamente proporcional a  $N_e$  e  $S$ , sendo  $S$  o tamanho amostral:

$$E(\hat{r}_\Delta^2) \approx \frac{2}{3N_e} + \frac{1}{S}$$

Que de maneira simplificada obtém-se,

$$\hat{N}_e = \frac{2}{3(\hat{r}^2 - 1/S)}$$

## 5.5. Análises de parentesco

Para a confecção dos *rankings* genéticos dos indivíduos e também para a indicação dos pares preferenciais a serem acasalados foi calculada a distância genética entre eles, utilizando-se as seguintes métricas moleculares individuais: A) *Mean kinship* (mk), esta métrica é bastante utilizada para estabelecer *rankings* de valores de importância genética para os indivíduos de programas de reprodução (Gonçalves da Silva *et al.*, 2010). Ela é definida como sendo a média dos coeficientes de parentesco ( $f$ ) de cada indivíduo com todos os outros membros da população, incluindo ele próprio (Lacy, 1995). Os valores dos coeficientes de

parentesco são obtidos das genealogias (*pedigrees*) e refletem a probabilidade de homozigose por descendência (Falconer, 1981). No entanto, quando dados moleculares são utilizados, principalmente em situações em que as genealogias são inexistentes ou incompletas, outros estimadores de parentesco devem ser utilizados em substituição aos valores de  $f$  (Russello & Amato, 2004; Ivy *et al.*, 2009). Aqui, os valores de  $f$  foram substituídos pelos valores de máxima verossimilhança das estimativas de parentesco ( $r$ ) “*relatedness*” obtidos com o software ML-Relate (Kalinowski *et al.*, 2006); B) medida  $(1-P_s)$ , onde  $P_s$  é a proporção de alelos em comum ao longo de todos os *loci* para cada par de indivíduos (Bowcock *et al.*, 1994; Ramirez *et al.*, 2006); e C) Heterozigose intraindividual (MLH), que é uma medida da proporção de *loci* genotipados que são heterozigotos por indivíduo (Ruiz-López *et al.*, 2009), esta métrica foi utilizada para a avaliação de animais aptos para a reintrodução. Uma tabela indicando quem são os indivíduos que possuem alelos raros em cada população também foi construída para auxiliar nesta análise de reintrodução.

## 6. RESULTADOS

### 6.1. Análise dos *loci*

Foram genotipados e analisados 146 indivíduos que representam a população existente envolvida no manejo reprodutivo de cinco criatórios. São eles: 27 do criadouro da Companhia Energética de São Paulo - CESP, 40 do Criadouro Científico e Cultural de Poços de Caldas, oito da Crax Brasil, 31 do Criadouro Tropicus e 40 do Criadouro Guaratuba.

Durante o processo de isolamento e caracterização dos *loci* utilizados, uma série de procedimentos foram realizados para evitar a ocorrência de alelos nulos. Os *loci* que apresentaram indivíduos que não amplificaram foram descartados e as reações foram padronizadas tanto quanto possível de modo a serem específicas para amplificar somente as bandas de interesse. Contudo, também foi utilizado o software MICROCHECKER para testar a presença de alelos nulos. Os resultados indicaram que pode haver a presença de alelo nulo no *locus* P3-4 e *locus* A44 devido ao excesso de homozigotos encontrados, entretanto esses *loci* não foram eliminados das análises, pois isto é esperado visto que as populações em estudo são cativas, pequenas e se iniciaram com um número reduzido de indivíduos.

Para avaliar se os *loci* utilizados foram independentes, análises de desequilíbrio de ligação foram feitas com todos os indivíduos amostrados através de testes pareados com posterior correção de Bonferroni implementado pelo software FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 1995). Todos os pares de *loci* apresentaram valores de *P* não significativos (Tabela 2). Quando essa mesma análise foi realizada de maneira separada para cada população, os *loci* continuam não apresentando desequilíbrio de ligação significativo. Entretanto, pode-se observar que alguns *loci* apresentaram valores muito próximos de significância para uma população ou para outra, mas isso não foi constante, demonstrando a importância de mantê-los nas análises.

Tabela 2. Valores de *P* para as análises pareadas de desequilíbrio de ligação em nove *loci* de microssatélites utilizados em *Aburria jacutinga* (Aves, Cracidae).

<i>Locus</i>	CESP	Poços de Caldas	Crax Brasil	Tropicus	Guaratuba	Geral
P2-30 X A21	0,50500	0,57694	0,06194	0,02972	0,73278	0,19111
P2-30 X A48	0,12722	0,06389	0,42611	0,25000	0,39389	0,04333
P2-30 X A44	0,33111	0,22111	0,62861	0,63556	0,06167	0,09750
P2-30 X A22	0,34111	0,52444	1,00000	0,96194	0,31639	0,74444
P2-30 X P1-4	0,55333	0,63972	0,64611	0,30556	0,82917	0,67306
P2-30 X P2-2	0,51000	0,86167	0,22278	0,18806	0,86528	0,59111
P2-30 X P3-4	0,35222	0,77250	0,68556	0,55028	0,11639	0,26278
P2-30 X A105	0,22583	0,35806	0,58361	0,32472	0,68056	0,45528
A21 X A48	0,66111	0,14222	0,38306	0,88194	0,15194	0,30194
A21 X A44	0,21889	0,44306	0,64361	0,99611	0,95944	0,92417
A21 X A22	0,04472	0,59833	0,35056	0,91861	0,26917	0,24667
A21 X P1-4	0,22806	0,00389	1,00000	0,05917	0,22750	0,00417
A21 X P2-2	0,12639	0,00222	0,82778	0,38278	0,78861	0,01750
A21 X P3-4	0,48750	0,07306	0,74667	0,65222	0,41361	0,21611
A21 X A105	0,01778	0,00056	0,48111	0,78778	0,11722	0,00139
A48 X A44	0,30028	0,21333	0,44583	0,07194	0,58972	0,06444
A48 X A22	0,23889	0,96417	0,29861	0,51944	0,43750	0,29306
A48 X P1-4	0,02028	0,21917	0,49611	0,64944	0,07083	0,03389
A48 X P2-2	0,59806	0,08444	1,00000	0,58194	0,59583	0,40667
A48 X P3-4	0,38389	0,80278	0,90917	0,35028	0,23583	0,64972
A48 X A105	0,71278	0,83000	1,00000	0,23028	0,84528	0,94639
A44 X A22	0,74361	0,18361	0,11111	0,66167	0,87722	0,51500
A44 X P1-4	0,34167	0,51972	0,45972	0,87333	0,10083	0,32250
A44 X P2-2	0,04472	0,58944	1,00000	0,17861	0,02944	0,02333
A44 X P3-4	0,69722	0,48639	1,00000	0,61167	0,00056	0,02667
A44 X A105	0,13028	0,28111	0,10889	0,50083	0,05611	0,04167
A22 X P1-4	0,18222	0,42083	1,00000	0,34444	0,89972	0,63528
A22 X P2-2	0,31500	0,38083	0,57222	0,61639	0,32083	0,34278
A22 X P3-4	0,80028	0,94861	1,00000	0,72750	0,73500	0,97000
A22 X A105	0,79917	0,00083	0,68389	0,54472	0,50750	0,10778
P1-4 X P2-2	0,00056	0,00083	0,92944	0,00028	0,00083	0,00030
P1-4 X P3-4	0,35528	0,15722	1,00000	0,19583	0,58667	0,34139
P1-4 X A105	0,44194	0,00028	0,67667	0,65444	0,20583	0,00250
P2-2 X P3-4	0,87528	0,14194	0,87917	0,06500	0,08139	0,06944
P2-2 X A105	0,04056	0,00056	0,30778	0,12472	0,58667	0,00028
P3-4 X A105	0,28861	0,20000	1,00000	0,62056	0,67861	0,61889

Valores significativos de *P* (5%): 0,0002 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

## 6.2. Estruturação Genética

Nas análises de estruturação genética da população de jacutinga, observa-se que  $K = 5$  apresenta o maior valor, sendo portanto o número de conjuntos gênicos sugeridos através dos valores médios de  $\ln P(D)$  (Tabela 3). A Figura 2 representa graficamente a composição

genética característica de cada um dos conjuntos gênicos e também a proporção que os indivíduos possuem deste padrão.

Tabela. 3 Valores médios de  $\ln P(D)$  que indicam a estrutura genética da população cativa de *A. jacutinga*.

Número de populações	$\ln P(D)$
K= 1	-2551,05
K= 2	-2428,85
K= 3	-2342,61
K= 4	-2340,08
<b>K= 5</b>	<b>-2298,98</b>

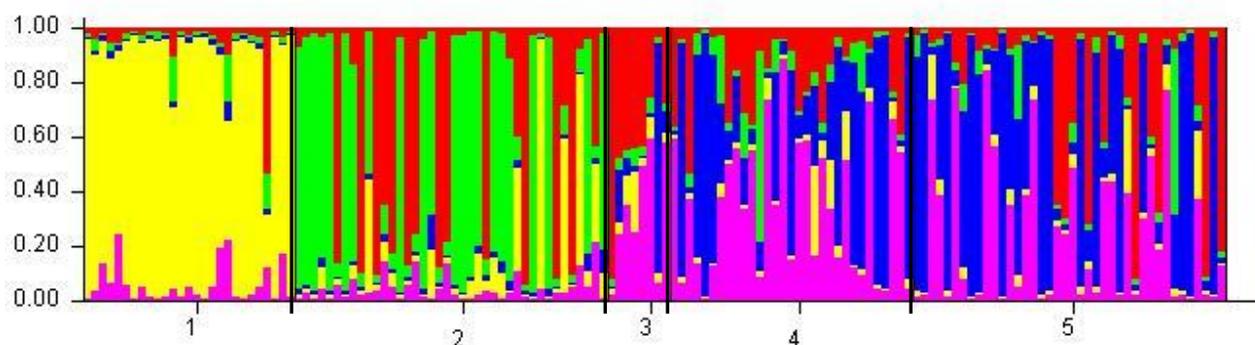


Figura 2. Gráfico de saída do software STRUCTURE indicando a presença de cinco conjuntos gênicos. As cores indicam a proporção genética que cada indivíduo possui de cada um dos conjuntos gênicos. População da CESP (1) – domínio amarelo, População de Poços de Caldas (2) – domínio verde, População da Crax Brasil (3) – domínio vermelho, População Tropicus (4) – domínio rosa e População Guaratuba (5) – domínio azul.

Para verificar se essa diferenciação entre as populações é significativa foi calculado o  $F_{ST}$  entre elas (Tabela 4). Os valores de  $P$  demonstram que elas são significativamente distintas.

Tabela 4. Valores de  $F_{ST}$  (acima da diagonal) e seus respectivos valores de  $P$  (abaixo da diagonal) através da comparação entre as populações indicadas pelo software STRUCTURE.

	CESP	Poços de Caldas	Crax	Tropicus	Guaratuba
CESP	-	0,1693	0,1188	0,1780	0,1740
Poços de Caldas	0,000*	-	0,0919	0,0973	0,1108
Crax	0,000*	0,000*	-	0,0947	0,0669
Tropicus	0,000*	0,000*	0,000*	-	0,0685
Guaratuba	0,000*	0,000*	0,000*	0,000*	-

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,005 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

A análise para alelos exclusivos indicou que a população de Poços de Caldas possui um alelo único no *locus* P1-4, enquanto a população de Guaratuba apresentou dois alelos particulares nos *loci* A21 e P2-2, respectivamente. As demais populações não apresentaram alelos exclusivos. As tabelas 5 e 6 demonstram resumidamente como os alelos estão dispostos nas populações, indicando que a estruturação encontrada ocorre por diferenças nas frequências alélicas e também pelos tipos de alelos.

Tabela 5. Alelos existentes em cada *locus* e seu número de cópias por população (N°).

Pops		Locus																
CE	A21		A22		A44		A48		A105		P1-4		P2-2		P2-30		P3-4	
	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°
	139	16	303	30	129	1	92	4	217	18	166	5	233	2	197	5	202	33
	149	2	305	24	137	52	96	12	219	36	174	49	241	19	201	49	204	21
	155	16			139	1	98	34					245	5				
	157	20					100	4					257	24				
													261	4				
PC	A21		A22		A44		A48		A105		P1-4		P2-2		P2-30		P3-4	
	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°
	139	15	303	57	129	11	92	1	217	65	166	35	233	1	197	14	202	51
	149	10	305	23	137	26	96	32	219	15	174	44	237	26	201	66	204	28
	155	13			139	43	98	44			178	1	241	8			218	1
	157	42					100	3					249	22				
													257	23				
CR	A21		A22		A44		A48		A105		P1-4		P2-2		P2-30		P3-4	
	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°
	139	2	303	13	129	2	96	6	217	6	166	8	225	2	197	6	202	7
	149	4	305	3	137	13	98	6	219	10	174	6	237	2	201	10	204	8
	155	1			139	1	100	4			182	2	245	2			218	1
	157	9											249	5				
													257	5				
TR	A21		A22		A44		A48		A105		P1-4		P2-2		P2-30		P3-4	
	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°
	139	9	303	40	129	3	98	52	217	35	166	25	225	8	197	4	202	50
	149	5	305	22	137	34	100	10	219	27	174	14	237	3	201	51	204	12
	155	2			139	25					182	23	245	17	205	7		
	157	46											249	13				
													253	11				
													257	10				
GA	A21		A22		A44		A48		A105		P1-4		P2-2		P2-30		P3-4	
	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°	Alelos	N°
	139	17	303	61	129	4	96	3	217	31	166	22	237	10	197	30	202	48
	149	24	305	19	137	40	98	74	219	49	174	28	245	5	201	43	204	32
	157	26			139	36	100	3			182	30	249	38	205	7		
	159	13											253	8				
													257	13				
													261	5				
													269	1				

Pops: Populações, CE: CESP, PC: Poços de Caldas, CR: Crax Brasil, TR: Tropicus e GA: Guaratuba.

Tabela 6. Frequência alélica (%) em cada população por *locus*.

<i>Locus</i>	Alelos	Frequência nas Populações				
		CE	PC	CR	TR	GA
<b>A21</b>	139	29,63	18,75	12,50	14,52	21,25
	149	3,70	12,50	25,00	8,06	30,00
	155	29,63	16,25	6,25	3,23	NA
	157	37,04	52,50	56,25	74,19	32,50
	159	NA	NA	NA	NA	16,25
<b>A22</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	303	55,56	71,25	81,25	64,52	76,25
	305	44,44	28,75	18,75	35,48	23,75
<b>A44</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	129	1,85	13,75	12,50	4,84	5,00
	137	96,30	32,50	81,25	54,84	50,00
	139	1,85	53,75	6,25	40,32	45,00
<b>A48</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	92	7,41	1,25	NA	NA	NA
	96	22,22	40,00	37,50	NA	3,75
	98	62,96	55,00	37,50	83,87	92,50
	100	7,41	3,75	25,00	16,13	3,75
<b>A105</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	217	33,33	81,25	37,50	56,45	38,75
	219	66,67	18,75	62,50	43,55	61,25
<b>P1-4</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	166	9,26	43,75	50,00	40,32	27,50
	174	90,74	55,00	37,50	22,58	35,00
	178	NA	1,25	NA	NA	NA
	182	NA	NA	12,50	37,10	37,50
<b>P2-2</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	225	NA	NA	12,50	12,90	NA
	233	3,70	1,25	NA	NA	NA
	237	NA	32,50	12,50	4,84	12,50
	241	35,19	10,00	NA	NA	NA
	245	9,26	NA	12,50	27,42	6,25
	249	NA	27,50	31,25	20,97	47,50
	253	NA	NA	NA	17,74	10,00
	257	44,44	28,75	31,25	16,13	16,25
	261	7,41	NA	NA	NA	6,25
269	NA	NA	NA	NA	1,25	
<b>P2-30</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	197	9,26	17,50	37,50	6,45	37,50
	201	90,74	82,50	62,50	82,26	53,75
	205	NA	NA	NA	11,29	8,75
<b>P3-4</b>		<b>CE</b>	<b>PC</b>	<b>CR</b>	<b>TR</b>	<b>GA</b>
	202	61,11	63,75	43,75	80,65	60,00
	204	38,89	35,00	50,00	19,35	40,00
	218	NA	1,25	6,25	NA	NA

NA: Não Apresenta, CE: CESP, PC: Poços de Caldas, CR: Crax Brasil, TR: Tropicus e GA: Guaratuba.

### 6.3. Variabilidade Genética

Em uma análise geral em que todos os indivíduos foram colocados como uma única população, a heterozigose média observada ( $H_O$ ) foi 0,476 (amplitude: 0,110-0,884), enquanto a heterozigose média esperada ( $H_E$ ) foi de 0,546 (amplitude: 0,396-0,821). O teste global de Hardy-Weinberg não detectou excesso ( $P = 0,988$ ), entretanto foi encontrado déficit significativo de heterozigotos ( $P = 0,012$ ). Quando esta análise da população geral é realizada de maneira separada para cada *locus*, observa-se que alguns deles apresentam valores significativos para déficit ou excesso de heterozigotos (Tabela 7).

Tabela 7. Valores de  $P$  para déficit e excesso de heterozigotos em cada *locus* separadamente para a análise geral.

<i>Locus</i>	$H_O$	$H_E$	Valor de $P$ (déficit)	Valor de $P$ (excesso)
A21	0,740	0,684	0,939	0,060
A22	0,459	0,431	0,840	0,275
A44	0,240	0,546	0,000*	1,000
A48	0,493	0,444	0,997	0,003*
A105	0,404	0,500	0,016	0,993
P1-4	0,548	0,628	0,004*	0,996
P2-2	0,884	0,821	0,967	0,033
P2-30	0,404	0,396	0,538	0,465
P3-4	0,110	0,463	0,004*	0,996

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,00556 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

As análises de variabilidade genética também foram realizadas para as cinco populações de cativo em separado (Tabela 8). Apenas como informação descritiva, os valores de  $H_O$  e  $H_E$  e seus respectivos valores de  $P$  separados por população e por *locus* podem ser observados detalhadamente nas tabelas 9, 10, 11, 12 e 13.

Tabela 8. Nome das populações, tamanho amostral (N), Riqueza alélica média ( $R_s$ ), heterozigose média observada ( $H_O$ ), heterozigose média esperada ( $H_E$ ), coeficiente de endocruzamento ( $F_{IS}$ ) e probabilidade dos valores de  $F_{IS}$  diferirem significativamente de zero para déficit ( $P_d$ ) e excesso de heterozigotos ( $P_e$ ).

Populações	N	$R_s$	$H_O$	$H_E$	$F_{IS}$	$P_d$	$P_e$
CESP	27	2,49	0,419	0,421	0,002	0,516	0,537
Poços de Caldas	40	2,65	0,533	0,503	- 0,060	0,918	0,103
Crax	8	3,00	0,625	0,560	- 0,125	0,920	0,114
Tropicus	31	2,75	0,416	0,479	0,135	0,006	0,998
Guaratuba	40	2,84	0,472	0,526	0,103	0,013	0,992

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,0011 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

Tabela 9. Valores de  $P$  para déficit e excesso de heterozigotos em cada *locus* separadamente para a população da CESP.

<i>Locus</i>	$H_O$	$H_E$	Valor de $P$ (déficit)	Valor de $P$ (excesso)
A21	0,889	0,698	0,989	0,017
A22	0,518	0,503	0,712	0,588
A44	0,074	0,073	1,000	0,984
A48	0,666	0,553	0,973	0,079
A105	0,370	0,452	0,296	0,919
P1-4	0,185	0,171	1,000	0,813
P2-2	0,778	0,675	0,925	0,119
P2-30	0,185	0,171	1,000	0,814
P3-4	0,111	0,484	0,000*	1,000
Média	0,419	0,421	0,516	0,537
Desvio Padrão	0,305	0,228	-	-

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,0011 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

Tabela 10. Valores de  $P$  para déficit e excesso de heterozigotos em cada *locus* separadamente para a população de Poços de Caldas.

<i>Locus</i>	$H_O$	$H_E$	Valor de $P$ (déficit)	Valor de $P$ (excesso)
A21	0,825	0,655	0,999	0,002
A22	0,475	0,415	0,912	0,301
A44	0,300	0,594	0,012	0,988
A48	0,825	0,543	1,000	0,000*
A105	0,375	0,309	1,000	0,197
P1-4	0,550	0,512	0,747	0,382
P2-2	0,975	0,735	1,000	0,000*
P2-30	0,300	0,292	0,747	0,676
P3-4	0,175	0,477	0,000*	1,000
Média	0,533	0,503	0,918	0,103
Desvio Padrão	0,281	0,149	-	-

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,0011 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

Tabela 11. Valores de  $P$  para déficit e excesso de heterozigotos em cada *locus* separadamente para a população da Crax Brasil.

<i>Locus</i>	$H_O$	$H_E$	Valor de $P$ (déficit)	Valor de $P$ (excesso)
A21	0,750	0,642	0,912	0,385
A22	0,375	0,325	1,000	0,799
A44	0,375	0,342	1,000	0,791
A48	0,750	0,700	0,739	0,482
A105	0,500	0,500	0,775	0,785
P1-4	0,875	0,633	0,980	0,138
P2-2	1,000	0,808	1,000	0,179
P2-30	0,750	0,500	1,000	0,223
P3-4	0,250	0,592	0,048	0,996
Média	0,625	0,560	0,920	0,114
Desvio Padrão	0,258	0,160	-	-

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,0011 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

Tabela 12. Valores de  $P$  para déficit e excesso de heterozigotos em cada *locus* separadamente para a população do Criadouro Tropicus.

<i>Locus</i>	$H_O$	$H_E$	Valor de $P$ (déficit)	Valor de $P$ (excesso)
A21	0,452	0,428	0,769	0,358
A22	0,516	0,465	0,841	0,421
A44	0,258	0,543	0,035	0,965
A48	0,323	0,275	1,000	0,424
A105	0,355	0,499	0,098	0,979
P1-4	0,548	0,659	0,089	0,914
P2-2	0,936	0,818	0,988	0,021
P2-30	0,355	0,312	1,000	0,344
P3-4	0,000	0,317	0,000*	1,000
Média	0,416	0,479	0,006	0,998
Desvio Padrão	0,253	0,177	-	-

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,0011 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

Tabela 13. Valores de  $P$  para déficit e excesso de heterozigotos em cada *locus* separadamente para a população de Guaratuba.

<i>Locus</i>	$H_O$	$H_E$	Valor de $P$ (déficit)	Valor de $P$ (excesso)
A21	0,775	0,742	0,731	0,283
A22	0,375	0,367	0,707	0,633
A44	0,250	0,552	0,018	0,981
A48	0,125	0,143	0,184	0,928
A105	0,475	0,481	0,598	0,663
P1-4	0,725	0,669	0,759	0,244

P2-2	0,800	0,723	0,808	0,194
P2-30	0,625	0,569	0,753	0,251
P3-4	0,100	0,486	0,000*	1,000
Média	0,472	0,526	0,013	0,992
Desvio Padrão	0,275	0,188	-	-

\* Valores significativos de  $P$  (5%): 0,0011 (Ajustado pela correção sequencial de Bonferroni).

As riquezas alélicas, calculadas como descrito por El Mousadik e Petit (1996), estão descritas na Tabela 14.

Tabela 14. Número de alelos e riqueza alélica de *A. jacutinga* para cada população e geral.

<i>Locus</i>	Número de alelos						Riqueza alélica ( $R_s$ )					
	Populações					Geral	Populações					Geral
CE	PC	CR	TR	GA	CE		PC	CR	TR	GA		
A21	4	4	4	4	4	5	3,51	3,84	4,00	3,19	3,94	4,29
A22	2	2	2	2	2	2	2,00	2,00	2,00	2,00	1,99	2,00
A44	3	3	3	3	3	3	1,59	2,93	3,00	2,60	2,60	2,71
A48	4	4	3	2	3	4	3,53	2,69	3,00	1,96	1,99	2,97
A105	2	2	2	2	2	2	2,00	1,98	2,00	2,00	2,00	2,00
P1-4	2	3	3	3	3	4	1,84	2,20	3,00	2,99	3,00	3,02
P2-2	5	5	5	6	7	10	4,12	4,04	5,00	5,44	5,28	6,24
P2-30	2	2	2	3	3	3	1,84	1,97	2,00	2,60	2,80	2,53
P3-4	2	3	3	2	2	3	2,00	2,20	3,00	1,98	2,00	2,11
Total	26	28	27	27	29	36	22,42	23,85	27,00	24,76	25,60	27,86
Média	2,88	3,11	3,00	3,00	3,22	4,00	2,49	2,65	3,00	2,75	2,84	3,10
DP	1,16	1,05	1,00	1,32	1,56	2,44	0,94	0,81	1,00	1,11	1,12	1,38

Populações - CE: CESP, PC: Poços de Caldas, CR: Crax Brasil, TR: Tropicus, GA: Guaratuba. DP: Desvio Padrão.

Também foi estimado o tamanho efetivo populacional capaz de manter a variabilidade genética existente no plantel atual. Em uma análise com todos os indivíduos juntos na mesma população o tamanho efetivo foi de 30,2 (IC 95%: 23-39,1).

#### 6.4. Sexagem molecular

O sexo de todos os indivíduos podem ser encontrados nas tabelas de ranqueamento e de acasalamentos (Tabelas 15, 16, 17, 18, 19 e 20; Anexos 1, 2, 3, 4, 5, 6, e 7). Abaixo uma foto exemplificando como os resultados aparecem no gel de agarose.

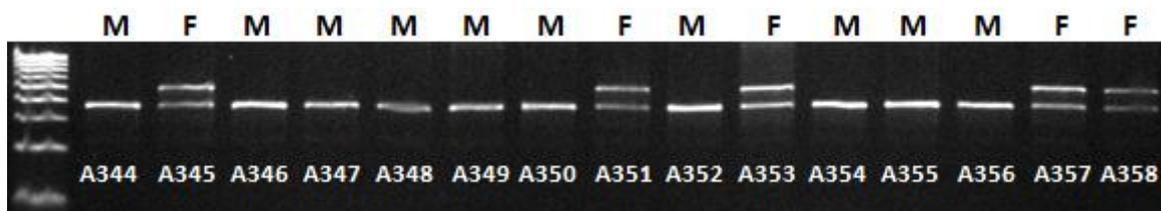


Figura 3. Foto do resultado da sexagem molecular em gel de agarose para alguns indivíduos (A344 a A358) do Criadouro Tropicus.

### 6.5. Ranking genético

O ranqueamento de todos os indivíduos foi realizado por meio da medida de  $r$  “relatedness”, que estimou o nível de parentesco entre eles. Esses valores indicam quem são os indivíduos menos aparentados em média comparando-se com todos os outros animais dos plantéis analisados de *A. jacutinga* (Tabela 15) e também dentro de cada criadouro (Tabelas 16, 17, 18, 19 e 20). Essas tabelas são classificadas dos valores menores (indivíduos menos aparentados) para os maiores (indivíduos mais aparentados).

Tabela 15. Ranking genético de estimativa de parentesco médio de todo o plantel de *A. jacutinga*.

Ranking	ID	$r$	Anilha	Criadório	Sexo
1°	A006	0,065411	U03667	CE	F
2°	A017	0,067603	U25106	CE	M
3°	A092	0,078082	CPC1105	PC	M
4°	A349	0,085479	TRO BR63	TR	M
5°	A350	0,088151	TRO BR38	TR	M
6°	A339	0,094041	TRO.0862	TR	M
7°	A385	0,095274	0060	GA	F
8°	A382	0,095548	0066	GA	M
9°	A194	0,097877	TRO2301	CR	M
10°	A389	0,10089	0015	GA	F
11°	A355	0,102397	4333R	TR	M
12°	A381	0,102603	004/95	GA	M
13°	A010	0,102877	U25145	CE	F
14°	A384	0,103562	0042	GA	M
15°	A370	0,10363	0058	GA	M
16°	A383	0,104658	T010	GA	M
17°	A343	0,106849	TRO.0864	TR	F
18°	A019	0,107397	U03669	CE	F
19°	A364	0,107671	T004	GA	F
20°	A391	0,10911	0049	GA	M
21°	A192	0,110068	CRAXBRASIL00001	CR	F
22°	A378	0,113219	1338	GA	F
23°	A098	0,114247	CPC556	PC	F
24°	A358	0,116164	TRO P13	TR	F
25°	A354	0,116438	TRO.08.97	TR	M

26°	A342	0,117397	TRO.0865	TR	F
27°	A379	0,117603	0052	GA	F
28°	A397	0,118219	5 (s/ viveiro inf.)	GA	F
29°	A345	0,11863	TRO DB 00	TR	F
30°	A086	0,11911	CCCPC3389	PC	M
31°	A329	0,119452	TRO.Q	TR	M
32°	A008	0,119521	U25138	CE	F
33°	A333	0,120137	TRO.M11	TR	M
34°	A346	0,12137	TRO BR 43	TR	M
35°	A367	0,122192	0053	GA	F
36°	A371	0,122192	1341	GA	F
37°	A190	0,122603	CRAxBRASIL9703	CR	F
38°	A024	0,122877	8387	CE	M
39°	A357	0,123082	TRO 4711	TR	F
40°	A347	0,123219	4328R	TR	M
41°	A009	0,123562	U25133	CE	M
42°	A087	0,124178	CCCPC3390	PC	M
43°	A395	0,124247	9	GA	M
44°	A193	0,124863	TRO2201	CR	F
45°	A335	0,125205	TRO.1086	TR	F
46°	A352	0,125205	TRO.08.69	TR	M
47°	A337	0,125274	TRO DB 0500	TR	F
48°	A004	0,125548	U05954	CE	M
49°	A330	0,125753	TRO.DH1XM	TR	F
50°	A361	0,12589	1235	GA	M
51°	A356	0,126233	TRO 0852	TR	M
52°	A338	0,12637	TRO 1087	TR	M
53°	A070	0,126712	U03686	PC	M
54°	A373	0,126918	0065	GA	F
55°	A377	0,127055	001	GA	F
56°	A376	0,12726	1342	GA	M
57°	A380	0,127397	0054	GA	M
58°	A398	0,127534	8	GA	M
59°	A332	0,12774	TRO.08.58	TR	F
60°	A375	0,128219	1337	GA	M
61°	A026	0,129041	U05946	CE	F
62°	A353	0,129726	TRO.08.53	TR	F
63°	A390	0,129726	0U01333	GA	F
64°	A374	0,130205	5 (viveiro 11)	GA	M
65°	A027	0,130548	U22502	CE	F
66°	A369	0,131438	0045	GA	F
67°	A068	0,131986	CPC77200	PC	M
68°	A090	0,132123	ZMN0183	PC	M
69°	A081	0,13226	CCCPC3362	PC	F
70°	A399	0,132808	7	GA	M
71°	A067	0,132945	CPC1158	PC	M
72°	A012	0,133014	U05959	CE	M
73°	A365	0,133493	0014	GA	F
74°	A372	0,13411	4900	GA	M
75°	A362	0,134178	046	GA	M
76°	A084	0,134932	CCCPC3391	PC	F
77°	A064	0,135	CPC1118	PC	M
78°	A341	0,135	4342R	TR	F
79°	A020	0,135205	U05834	CE	M
80°	A388	0,135342	1340	GA	M
81°	A066	0,135479	CPC223	PC	F
82°	A336	0,136164	TRO.0863	TR	M
83°	A100	0,136301	CCPC2444	PC	F
84°	A001	0,136507	U05848	CE	F
85°	A025	0,137055	U22507	CE	F

86°	A331	0,13726	TRO.08.66	TR	M
87°	A366	0,137603	0043	GA	F
88°	A393	0,138014	2	GA	F
89°	A368	0,138082	0022	GA	M
90°	A189	0,138288	Prov.77 (vermelha)	CR	M
91°	A334	0,138288	TRO.C	TR	F
92°	A002	0,13863	U05945	CE	M
93°	A091	0,140822	CPC32799	PC	F
94°	A007	0,140959	U22504	CE	M
95°	A063	0,140959	CPC1148	PC	F
96°	A078	0,142329	CCCPC3363	PC	F
97°	A394	0,143562	4	GA	M
98°	A083	0,144247	CCCPC3388	PC	F
99°	A013	0,144452	U05984	CE	M
100°	A088	0,144452	CCCPC3393	PC	M
101°	A071	0,144726	CPC31599	PC	F
102°	A196	0,144726	Prov.81 (vermelha)	CR	M
103°	A340	0,145	4345R	TR	F
104°	A080	0,146164	CCCPC3359	PC	F
105°	A351	0,146233	TRO BR40	TR	F
106°	A023	0,146644	U05849	CE	M
107°	A348	0,146918	TRO BR60	TR	M
108°	A195	0,147123	CRAxBRASIL5301	CR	F
109°	A094	0,147808	CCCPC2564	PC	F
110°	A077	0,147877	CPC1154	PC	F
111°	A062	0,14863	CPC221	PC	F
112°	A079	0,148973	CCCPC3360	PC	F
113°	A096	0,14911	CPC1122	PC	M
114°	A061	0,149589	CPC1159	PC	M
115°	A082	0,150137	CCCPC2127	PC	M
116°	A065	0,150753	CPC1116	PC	F
117°	A074	0,150753	CPC1152	PC	F
118°	A396	0,150959	6	GA	F
119°	A386	0,151096	0064	GA	F
120°	A095	0,151233	CPC599	PC	F
121°	A089	0,151301	CCCPC3395	PC	F
122°	A359	0,151301	CRAX 1515	TR	M
123°	A076	0,151781	CPC1121	PC	M
124°	A021	0,153014	U22505	CE	F
125°	A363	0,15363	T005	GA	M
126°	A011	0,153836	U03695	CE	F
127°	A005	0,154247	U05861	CE	M
128°	A018	0,155616	U05835	CE	F
129°	A075	0,156164	CPC70301	PC	M
130°	A392	0,157808	1	GA	M
131°	A387	0,158836	0063	GA	M
132°	A097	0,159589	CCCPC3355	PC	F
133°	A015	0,159795	U25159	CE	F
134°	A085	0,16137	CCCPC3394	PC	F
135°	A016	0,162603	U03682	CE	M
136°	A072	0,163288	CPC32899	PC	F
137°	A014	0,163356	U05830	CE	F
138°	A003	0,165137	U25124	CE	F
139°	A099	0,165685	CPC29399	PC	M
140°	A069	0,166233	CPC32299	PC	F
141°	A360	0,166507	0048	GA	M
142°	A022	0,167808	U05810	CE	F
143°	A073	0,167808	CPC921	PC	F
144°	A191	0,168425	CRAxBRASIL00002	CR	M
145°	A093	0,168493	CPC243	PC	F

146°	A344	0,169863	TRO.DH2	TR	M
------	------	----------	---------	----	---

ID: Identificação, CE: CESP, PC: Poços de Caldas, CR: Crax Brasil, TR: Tropicus e GA: Guaratuba.  
Em cinza está marcado um indivíduo que foi a óbito após a coleta.

Os indivíduos que apresentaram menor relação de parentesco na análise geral, através dessa métrica foram: A006, A017, A092, A349 e A350 enquanto os mais aparentados foram: A022, A073, A191, A093 e A344. A seguir estão demonstrados os *Rankings* de estimativa de parentesco por população.

Tabela 16. *Ranking* genético de estimativa de parentesco médio da população da CESP.

<i>Ranking</i>	ID	<i>r</i>	Anilha	Criatório	Sexo
1°	A006	0,0989	U03667	CESP	F
2°	A019	0,1004	U03669	CESP	F
3°	A017	0,1119	U25106	CESP	M
4°	A024	0,1122	8387	CESP	M
5°	A026	0,1296	U05946	CESP	F
6°	A008	0,1322	U25138	CESP	F
7°	A010	0,1537	U25145	CESP	F
8°	A009	0,1552	U25133	CESP	M
9°	A027	0,1570	U22502	CESP	F
10°	A004	0,1704	U05954	CESP	M
11°	A012	0,1707	U05959	CESP	M
12°	A018	0,1800	U05835	CESP	F
13°	A005	0,1826	U05861	CESP	M
14°	A002	0,1904	U05945	CESP	M
15°	A015	0,1978	U25159	CESP	F
16°	A007	0,2007	U22504	CESP	M
17°	A023	0,2063	U05849	CESP	M
18°	A013	0,2067	U05984	CESP	M
19°	A020	0,2089	U05834	CESP	M
20°	A022	0,2104	U05810	CESP	F
21°	A001	0,2159	U05848	CESP	F
22°	A003	0,2311	U25124	CESP	F
23°	A025	0,2315	U22507	CESP	F
24°	A016	0,2363	U03682	CESP	M
25°	A011	0,2363	U03695	CESP	F
26°	A014	0,2470	U05830	CESP	F
27°	A021	0,2800	U22505	CESP	F

Tabela 17. *Ranking* genético de estimativa de parentesco médio da população de Poços de Caldas.

<i>Ranking</i>	ID	<i>r</i>	Anilha	Criatório	Sexo
1°	A092	0,0655	CPC1105	Poços de Caldas	M
2°	A070	0,1528	U03686	Poços de Caldas	M
3°	A097	0,1535	CCCPC3355	Poços de Caldas	F
4°	A066	0,1538	CPC223	Poços de Caldas	F
5°	A068	0,1555	CPC77200	Poços de Caldas	M
6°	A100	0,1580	CCPC2444	Poços de Caldas	F

7°	A081	0,1598	CCCPC3362	Poços de Caldas	F
8°	A089	0,1598	CCCPC3395	Poços de Caldas	F
9°	A098	0,1670	CPC556	Poços de Caldas	F
10°	A084	0,1718	CCCPC3391	Poços de Caldas	F
11°	A078	0,1775	CCCPC3363	Poços de Caldas	F
12°	A064	0,1813	CPC1118	Poços de Caldas	M
13°	A072	0,1820	CPC32899	Poços de Caldas	F
14°	A088	0,1820	CCCPC3393	Poços de Caldas	M
15°	A087	0,1828	CCCPC3390	Poços de Caldas	M
16°	A086	0,1833	CCCPC3389	Poços de Caldas	M
17°	A085	0,1840	CCCPC3394	Poços de Caldas	F
18°	A095	0,1905	CPC599	Poços de Caldas	F
19°	A080	0,1938	CCCPC3359	Poços de Caldas	F
20°	A094	0,1970	CCCPC2564	Poços de Caldas	F
21°	A096	0,1983	CPC1122	Poços de Caldas	M
22°	A063	0,2043	CPC1148	Poços de Caldas	F
23°	A071	0,2050	CPC31599	Poços de Caldas	F
24°	A077	0,2053	CPC1154	Poços de Caldas	F
25°	A061	0,2060	CPC1159	Poços de Caldas	M
26°	A079	0,2083	CCCPC3360	Poços de Caldas	F
27°	A069	0,2088	CPC32299	Poços de Caldas	F
28°	A090	0,2090	ZMN0183	Poços de Caldas	M
29°	A067	0,2095	CPC1158	Poços de Caldas	M
30°	A099	0,2098	CPC29399	Poços de Caldas	M
31°	A062	0,2108	CPC221	Poços de Caldas	F
32°	A091	0,2133	CPC32799	Poços de Caldas	F
33°	A082	0,2143	CCCPC2127	Poços de Caldas	M
34°	A083	0,2153	CCCPC3388	Poços de Caldas	F
35°	A073	0,2170	CPC921	Poços de Caldas	F
36°	A075	0,2173	CPC70301	Poços de Caldas	M
37°	A076	0,2195	CPC1121	Poços de Caldas	M
38°	A065	0,2353	CPC1116	Poços de Caldas	F
39°	A074	0,2353	CPC1152	Poços de Caldas	F
40°	A093	0,2535	CPC243	Poços de Caldas	F

Tabela 18. *Ranking* genético de estimativa de parentesco médio da população da Crax Brasil.

<i>Ranking</i>	ID	<i>r</i>	Anilha	Criatório	Sexo
1°	A194	0,1625	TRO2301	CRAX	M
2°	A191	0,1863	CRAXBRASIL00002	CRAX	M
3°	A190	0,1900	CRAXBRASIL9703	CRAX	F
4°	A193	0,1950	TRO2201	CRAX	F
5°	A189	0,2050	provisória77 (vermelha)	CRAX	M
6°	A192	0,2200	CRAXBRASIL00001	CRAX	F
7°	A195	0,2200	CRAXBRASIL5301	CRAX	F
8°	A196	0,2313	provisória81 (vermelha)	CRAX	M

Tabela 19. *Ranking* genético de estimativa de parentesco médio da população do Criadouro Tropicus.

<i>Ranking</i>	ID	<i>r</i>	Anilha	Criatório	Sexo
1°	A357	0,1039	TRO 4711	Tropicus	F
2°	A349	0,1071	TRO BR63	Tropicus	M
3°	A347	0,1123	4328R	Tropicus	M
4°	A339	0,1126	TRO.0862	Tropicus	M

5°	A350	0,1165	TRO BR38	Tropicus	M
6°	A342	0,1200	TRO.0865	Tropicus	F
7°	A343	0,1303	TRO.0864	Tropicus	F
8°	A329	0,1323	TRO.Q	Tropicus	M
9°	A335	0,1339	TRO.1086	Tropicus	F
10°	A355	0,1345	4333R	Tropicus	M
11°	A351	0,1368	TRO BR40	Tropicus	F
12°	A333	0,1439	TRO.M11	Tropicus	M
13°	A341	0,1448	4342R	Tropicus	F
14°	A336	0,1461	TRO.0863	Tropicus	M
15°	A330	0,1490	TRO.DH1XM	Tropicus	F
16°	A352	0,1513	TRO.08.69	Tropicus	M
17°	A359	0,1535	CRAX 1515	Tropicus	M
18°	A331	0,1552	TRO.08.66	Tropicus	M
19°	A354	0,1584	TRO.08.97	Tropicus	M
20°	A332	0,1716	TRO.08.58	Tropicus	F
21°	A344	0,1726	TRO.DH2	Tropicus	M
22°	A356	0,1729	TRO 0852	Tropicus	M
23°	A353	0,1732	TRO.08.53	Tropicus	F
24°	A346	0,1748	TRO BR 43	Tropicus	M
25°	A338	0,1771	TRO 1087	Tropicus	M
26°	A337	0,1790	TRO DB 0500	Tropicus	F
27°	A358	0,1877	TRO P13	Tropicus	F
28°	A345	0,1900	TRO DB 00	Tropicus	F
29°	A334	0,1910	TRO.C	Tropicus	F
30°	A340	0,1919	4345R	Tropicus	F
31°	A348	0,2145	TRO BR60	Tropicus	M

Tabela 20. *Ranking* genético de estimativa de parentesco médio da população de Guaratuba.

<b>Ranking</b>	<b>ID</b>	<b>r</b>	<b>Anilha</b>	<b>Criatório</b>	<b>Sexo</b>
1°	A384	0,0905	0042	Guaratuba	M
2°	A389	0,0920	0015	Guaratuba	F
3°	A391	0,1055	0049	Guaratuba	M
4°	A397	0,1065	5 (s/ viveiro inf.)	Guaratuba	F
5°	A382	0,1143	0066	Guaratuba	M
6°	A383	0,1185	T010	Guaratuba	M
7°	A385	0,1268	0060	Guaratuba	F
8°	A390	0,1280	0U01333	Guaratuba	F
9°	A373	0,1343	0065	Guaratuba	F
10°	A388	0,1463	1340	Guaratuba	M
11°	A381	0,1483	004/95	Guaratuba	M
12°	A374	0,1505	5 (viveiro 11)	Guaratuba	M
13°	A370	0,1513	0058	Guaratuba	M
14°	A399	0,1543	7	Guaratuba	M
15°	A396	0,1550	6	Guaratuba	F
16°	A362	0,1555	046	Guaratuba	M
17°	A361	0,1563	1235	Guaratuba	M
18°	A375	0,1608	1337	Guaratuba	M
19°	A378	0,1608	1338	Guaratuba	F
20°	A379	0,1650	0052	Guaratuba	F
21°	A376	0,1658	1342	Guaratuba	M
22°	A372	0,1675	4900	Guaratuba	M
23°	A364	0,1685	T004	Guaratuba	F
24°	A387	0,1698	0063	Guaratuba	M
25°	A369	0,1740	0045	Guaratuba	F
26°	A363	0,1770	T005	Guaratuba	M

27°	A380	0,1780	0054	Guaratuba	M
28°	A393	0,1800	2	Guaratuba	F
29°	A394	0,1810	4	Guaratuba	M
30°	A365	0,1825	0014	Guaratuba	F
31°	A392	0,1860	1	Guaratuba	M
32°	A377	0,1870	001	Guaratuba	F
33°	A366	0,1903	0043	Guaratuba	F
34°	A395	0,1905	9	Guaratuba	M
35°	A386	0,1918	0064	Guaratuba	F
36°	A371	0,1935	1341	Guaratuba	F
37°	A368	0,1975	0022	Guaratuba	M
38°	A398	0,2128	8	Guaratuba	M
39°	A367	0,2145	0053	Guaratuba	F
40°	A360	0,2203	0048	Guaratuba	M

Em cinza está marcado um indivíduo que foi a óbito após a coleta.

## 6.6. Acasalamentos e Reintrodução

Utilizando-se o cálculo de (1-Ps) foi possível estabelecer uma relação par a par entre os indivíduos de acordo com a sua proporção de alelos compartilhados. Através dessa comparação pode-se indicar como estão os níveis de similaridade genética entre os casais reprodutores que estavam pareados no momento da coleta de sangue, e sugerir quais seriam os melhores acasalamentos de acordo com essa metodologia. Foi construída uma tabela geral indicando essas relações entre todos os indivíduos coletados (Anexo 1) e também tabelas particulares para cada criadouro (Anexos 2, 3, 4, 5 e 6). Nesta métrica a classificação ocorre dos valores maiores (pares mais distantes geneticamente) para os menores (pares mais próximos geneticamente).

Uma tabela de heterozigose individual (MLH) foi confeccionada para todos os indivíduos de *A. jacutinga* com o intuito de apontar os animais aptos para a reintrodução (Anexo 7). Neste momento os critérios utilizados para a escolha foram: indivíduos que apresentem um nível de heterozigose satisfatório em que o valor mínimo foi 0,54 (Witzenberger & Hochkirch, 2011) e os animais que não contenham alelos que sejam raros em suas populações de origem (frequência menor que 10%) (Tabela 21); os indivíduos com valores acima de 0,75 de MLH também foram excluídos por serem importantes para a reprodução. O plantel da Crax Brasil não foi considerado em relação a análise de alelos raros,

pois sua população amostrada é muito pequena. Para esta análise os animais que estavam pareados no momento da coleta de sangue foram considerados inaptos por estarem envolvidos nos esforços reprodutivos, entretanto existem alguns indivíduos que se não forem utilizados para este fim após uma readequação de casais, se enquadram nas características genéticas que permitem a reintrodução. Deste modo, com os critérios selecionados para esta fase, em que ainda não há um protocolo de reintrodução definido, foram identificados 19 animais aptos para serem reintroduzidos, sendo 8 do CCC Poços de Caldas, 7 do Criadouro Guaratuba e 4 do Criadouro Tropicus.

Tabela 21. Alelos raros por população (frequência > 0% < 10%) em cada *locus* e os indivíduos portadores destes alelos.

<b>Locus</b>	<b>População</b>	<b>Alelo Raro</b>	<b>Indivíduos</b>
A21	CE	149	A012, A024
A21	TR	149	A333, A344, A349, A352, A354
A21	TR	155	A347, A349
A44	CE	129	A024
A44	CE	139	A019
A44	TR	129	A329, A339, A345
A44	GA	129	A382, A384, A388, A397
A48	CE	92	A006, A009, A017, A026
A48	CE	100	A015, A018, A019, A020
A48	PC	92	A092
A48	PC	100	A066, A068, A070
A48	GA	96	A383, A391, A397
A48	GA	100	A383, A385, A389
P1-4	CE	166	A006, A008, A017, A019, A026
P1-4	PC	178	A092
P2-2	CE	233	A006, A017
P2-2	CE	245	A003, A004, A018, A023, A024
P2-2	CE	261	A006, A017, A019, A026
P2-2	PC	233	A092
P2-2	TR	237	A329, A336, A357
P2-2	GA	245	A361, A373, A376, A381, A390
P2-2	GA	261	A370, A385, A389, A395, A398
P2-2	GA	269	A384
P2-30	CE	197	A005, A009, A014, A017, A019
P2-30	TR	197	A330, A344, A347, A353
P2-30	GA	205	A361, A362, A365, A369, A371, A372, A385
P3-4	PC	218	A098

O plantel da Crax Brasil não foi considerado, pois sua população amostrada é muito pequena.

### 6.7. Comparações entre as populações de jacutinga

As populações de jacutinga da CESP, Poços de Caldas, Crax Brasil, Tropicus e Guaratuba foram comparadas quanto a heterozigose esperada ( $H_E$ ), entretanto não houve diferença significativa entre elas ( $H = 2,7036$ ,  $P = 0,6086$ ). Também foi realizada uma comparação da riqueza alélica, e, novamente não foi detectada significativa diferença entre as populações ( $H = 2,7689$ ,  $P = 0,5972$ ).

### 6.8. Comparações entre espécies de cracídeos

A população de *A. jacutinga* ( $H_E = 0,546$ ;  $R_s = 3,10$ ) como um todo foi comparada com os dados existentes de populações de cativeiro de *Pauxi tuberosa*, *Pauxi mitu* (puros) (dados ainda não publicados do próprio laboratório) e *Crax globulosa* (Hughes e Larson, 2000), além de uma amostra populacional (nove indivíduos) da natureza de *Pauxi tuberosa* (dados ainda não publicados do próprio laboratório). Na comparação entre *A. jacutinga* e *P. mitu* (puros) ( $H_E = 0,36$ ;  $R_s = 2,32$ ) e também entre *A. jacutinga* e *P. tuberosa* de cativeiro ( $H_E = 0,56$ ;  $R_s = 3,62$ ) não houve diferenças significativas. Entretanto divergências foram constatadas quando a comparação foi feita entre *A. jacutinga* e *C. globulosa* de cativeiro ( $H_E = 0,72$ ;  $R_s = 5,70$ ). Em última instância *A. jacutinga* foi comparada com *P. tuberosa* de vida livre ( $H_E = 0,62$ ;  $R_s = 5,54$ ) e não foi constatada relação significativa quanto a heterozigose esperada, mas houve distinção entre suas riquezas alélicas (Tabela 22).

Tabela 22. Valores do teste de Mann-Whitney e seus respectivos valores de  $P$  para as comparações pareadas entre as espécies de cracídeos.

Espécies comparadas	Heterozigose esperada ( $H_E$ )	Riqueza alélica ( $R_s$ )
<i>A. jacutinga</i> x <i>P. mitu</i>	U = 25, $P = 0,0627$	U = 30, $P = 0,1385$
<i>A. jacutinga</i> x <i>P. tuberosa</i> (cativeiro)	U = 43, $P = 0,6214$	U = 40, $P = 0,4704$
<i>A. jacutinga</i> x <i>C. globulosa</i>	U = 7, $P = 0,0184$	U = 8, $P = 0,0251$
<i>A. jacutinga</i> x <i>P. tuberosa</i> (natureza)	U = 34, $P = 0,2390$	U = 19, $P = 0,0205$

## 6.9. Comparações entre espécies ameaçadas

Através de dados obtidos na literatura foi possível realizar algumas comparações de heterozigose esperada ( $H_E$ ) e número de alelos ( $A$ ) entre a população total de *A. jacutinga* (valores médios,  $H_E = 0,546$ ;  $A = 4$ ) e populações que passaram por drástica redução, estando entre os principais casos conhecidos de *bottleneck*. Wisely *et al.* (2003) avaliando as populações do furão de pés negros (*Mustela nigripes*) de cativeiro, de animais reintroduzidos e dos nascidos na natureza após a reintrodução ( $n = 194$ ) chegaram aos seguintes valores médios:  $H_E = 0,380$  e  $A = 2,00$  para cinco *loci* polimórficos de microssatélites. Sabe-se que essa população foi reduzida a somente sete fundadores (Wisely *et al.*, 2003). Quando se compara esses valores com os encontrados para a jacutinga, o furão apresentou-se muito próximo da significância para  $H_E$  e um menor número de alelos (Tabela 23). Uma outra relação possível de ser feita é com o grou americano (*Grus americana*) que chegou a ter somente 21 indivíduos no ano de 1941 e todos os animais existentes atualmente descendem desta população sobrevivente dos anos 40 (Jones *et al.*, 2010). Neste trabalho de Jones *et al.* (2010) foram analisados 45 animais de cativeiro resultando em uma  $H_E = 0,486$  e  $A = 3,79$  em 14 *loci*. Essas duas estimativas não foram significativamente diferentes em comparação com a população cativa de jacutinga (Tabela 23). Outra espécie de ave criticamente ameaçada é o kaki, *Himantopus novaezelandiae*, endêmico da Nova Zelândia e que chegou a ter uma única população reduzida a 23 indivíduos adultos em 1981 (Hagen *et al.*, 2011). Em uma análise de 21 indivíduos de cativeiro Hagen *et al.* (2011) encontraram uma  $H_E$  de 0,521 em oito *loci*, que também não se diferenciou da  $H_E$  encontrada para a jacutinga (Tabela 23). Finalmente, o órix da Arábia (*Oryx leucoryx*) quase foi levado a extinção devido a caça nos anos 60, entretanto os últimos animais foram capturados da natureza em 1962 e se iniciou um programa de reprodução em cativeiro com 10 fundadores (Frankham *et al.*, 2004). Arif *et al.* (2010) utilizando-se sete *loci* de microssatélites, avaliaram a diversidade genética de 24 órix da

Arábia nascidos em cativeiro e reintroduzidos na natureza, os números encontrados foram,  $H_E = 0,565$  e  $A = 3,00$ . Valores que não se diferenciaram do plantel de *A. jacutinga* (Tabela 23).

Tabela 23. Valores do teste de Mann-Whitney e seus respectivos valores de  $P$  para as comparações pareadas entre as espécies ameaçadas.

<b>Espécies comparadas</b>	<b>Heterozigose esperada (<math>H_E</math>)</b>	<b>Nº de alelos (<math>A</math>)</b>
<i>A. jacutinga</i> x <i>Mustela nigripes</i>	U = 8, $P = 0,0532$	U = 5, $P = 0,0196$
<i>A. jacutinga</i> x <i>Grus americana</i>	U = 59, $P = 0,8011$	U = 60, $P = 0,8255$
<i>A. jacutinga</i> x <i>H. novaezelandiae</i>	U = 36, $P = 1,000$	SI
<i>A. jacutinga</i> x <i>Oryx leucoryx</i>	U = 26, $P = 0,5604$	U = 25, $P = 0,4587$

SI: Sem informação.

## 7. DISCUSSÃO

### 7.1. Estrutura populacional e variabilidade genética

Os plantéis estudados neste trabalho possuem os animais que certamente representam a variabilidade genética disponível a ser manejada para a conservação *Ex Situ* da jacutinga, dado que além destes, existem apenas grupos pequenos de indivíduos em cativeiro e sem sucesso reprodutivo (i.e. um ou dois casais em alguns zoológicos). Além disso, estes outros plantéis de menor porte foram originados principalmente do criadouro Tropicus e Guaratuba.

Os resultados demonstraram que existe estruturação genética entre os plantéis de *A. jacutinga*, como pode ser visualizado através de valores de  $F_{ST}$  altamente significativos. A divisão em cinco populações genéticas corrobora o fato dos animais estarem separados em cinco mantenedores diferentes. Não se sabe ao certo quantos casais fundaram essas populações e nem quando exatamente elas começaram a se reproduzir em cativeiro, entretanto, a melhor explicação para este fato seria o efeito fundador. Muito possivelmente os fundadores dessas cinco populações possuíam genótipos diferentes e essa marca ainda é bastante evidente nas populações. Segundo Frankham *et al.* (2010), o principal fator que determina o *pool* gênico de uma população de cativeiro são os seus fundadores, assim esse efeito seria o principal responsável pela criação das linhagens diferentes. Ademais, por informação dos criadores, os plantéis da Tropicus, Guaratuba e CESP foram fundados independentemente e nunca trocaram indivíduos entre si, enquanto Poços de Caldas foi fundada a partir de animais da Tropicus e possivelmente de alguns outros criatórios hoje não mais existentes; e a população da Crax se originou de animais de Guaratuba e Tropicus.

Uma característica importante associada à estruturação genética observada é a presença de alelos exclusivos nas populações de Poços de Caldas e Guaratuba, ou seja, alelos que só elas apresentam em relação às outras quatro populações. Dentre os *loci* analisados, existem 36 alelos disponíveis no plantel geral de cativeiro de *A. jacutinga*, dos quais a

população da CESP apresentou ter 26, portanto existem outros dez alelos disponíveis na população total que eles não possuem. Isto ocorreu também com todos os outros criadouros, Poços de Caldas (possui: 28 alelos, faltam: oito alelos), Crax Brasil (possui: 27, faltam: nove), Tropicus (possui: 27, faltam: nove) e Guaratuba (possui: 29, faltam: sete); e em cada caso são composições diferentes de alelos que não estão presentes. Desta maneira pode-se observar que existe um padrão particular em cada população de ocorrência e frequência alélicas, reforçando a tese de fundadores com variação genética distinta, e também pode ser uma informação de grande utilidade, pois de acordo com a necessidade do manejo esses alelos podem ser trocados entre as populações.

Nsubuga *et al.* (2010) também encontraram estruturação genética na população de cativeiro de gorilas (*Gorilla gorilla*) dos zoológicos da América do Norte, entretanto foi possível saber a origem natural desses animais e avaliar a estrutura genética das suas populações fontes. Seus resultados revelaram que as populações naturais também possuem divergência genética, todavia há intercâmbio gênico entre elas na natureza, assim eles concluíram que neste caso o manejo integrado dessas populações de cativeiro pode ser benéfico para a sua conservação. No caso da jacutinga esta relação não é possível de ser estabelecida, pois não se tem informações sobre a estruturação genética das populações naturais.

Nada se sabe também sobre a variação genética de populações silvestres de jacutinga, portanto não podemos avaliar se esses criadouros estão representando bem a diversidade genética das populações de vida livre. Contudo o objetivo foi propor um manejo, sob o aspecto genético, de modo a evitar endocruzamentos e manter a maior heterozigose e riqueza alélica possível.

Os níveis de variabilidade genética entre as populações dos cinco criatórios foi semelhante, visto que elas não diferiram em heterozigose esperada nem em riqueza alélica, e

os resultados não apontaram para déficit de heterozigotos dentro de cada plantel o que indica não estar havendo endocruzamento nas populações. Entretanto quando a população de jacutinga é comparada como um todo com outras populações de cracídeos alguns aspectos importantes são encontrados. A jacutinga apresentou uma menor variabilidade genética em relação a uma população de cativeiro de *C. globulosa*. De maneira preocupante ela apresentou níveis de heterozigose esperada e riqueza alélica superior, contudo não significativamente distintos da população pura existente de *P. mitu* ( $H_E = 0,36$ ;  $R_s = 2,32$ ) que é uma espécie extinta na natureza e que passou por um drástico *bottleneck* recente (três indivíduos). Quando as populações de jacutinga são separadas [CESP ( $H_E = 0,421$ ;  $R_s = 2,49$ ), Poços de Caldas ( $H_E = 0,503$ ;  $R_s = 2,65$ ), Crax Brasil ( $H_E = 0,560$ ;  $R_s = 3,00$ ), Tropicus ( $H_E = 0,479$ ;  $R_s = 2,75$ ) e Guaratuba ( $H_E = 0,526$ ;  $R_s = 2,84$ )], observa-se que os parâmetros estimados de variabilidade genética tornam-se ainda mais próximos dos valores de *P. mitu*, com exceção da Crax Brasil. É interessante ainda ressaltar que houve diferença significativa entre a população de jacutinga, que apresentou menor riqueza alélica, quando comparada aos indivíduos de *P. tuberosa* ( $H_E = 0,62$ ;  $R_s = 5,54$ ) da natureza. Essas análises demonstram que apesar de não conhecermos a variação natural de jacutinga, ela está de forma geral mais baixa que de outros cracídeos. Além disso, quando foram realizadas comparações com outras espécies ameaçadas que já passaram por gargalos severos e estão entre os piores casos de redução populacional relatados na literatura, a população cativa de jacutinga apresentou níveis de diversidade genética comparáveis ao grou americano (*Grus americana*) que chegou a ter somente 21 animais, ao kaki (*Himantopus novaezelandiae*) que teve sua população reduzida a 23 indivíduos, e ao órix da Arábia (*Oryx leucoryx*) que é oriundo de apenas 10 fundadores (Arif *et al.*, 2010; Jones *et al.*, 2010; Hagen *et al.*, 2011). Em relação ao furão de pés negros (*Mustela nigripes*) que tem suas populações atuais originadas a partir de sete fundadores, o plantel de *A. jacutinga*

apresentou-se com maior número de alelos disponível, contudo em heterozigose esperada, o teste estatístico não evidenciou uma diferença clara entre eles (Wisely *et al.*, 2003).

Através de um trabalho de revisão feito por Witzemberger e Hochkirch (2011) em estudos que utilizaram marcadores moleculares no manejo de populações de cativeiro de espécies ameaçadas, eles descrevem que em geral as populações naturais têm um  $H_E$  médio de 0,60 e que os programas de reprodução em cativeiro para manter 90% da diversidade genética original por pelo menos 100 anos (Frankham *et al.*, 2010), devem manter um nível de  $H_E > 0,54$ . Essas informações reforçam o fato de que a heterozigose das populações da CESP, Poços de Caldas, Tropicus e Guaratuba estão abaixo do limite desejável para a manutenção de seus estoques genéticos.

Foram analisados 146 indivíduos de cativeiro com possibilidades de reprodução, contudo avaliando o tamanho efetivo populacional pode-se constatar que ele está reduzido, mas não extremamente baixo. Ele representa 20,7% da população total de jacutingas. Segundo Nielsen *et al.* (2007), a perda teórica de variação genética é  $1/2N_e$  por geração. O atual  $N_e$  da população de jacutinga foi estimado ser 30,2. Se utilizarmos um período de geração de 3 anos para cracídeos, a porcentagem de heterozigose retida em 100 anos (33,3 gerações) no cativeiro com esse tamanho efetivo populacional será de 45%, o que está bem distante do objetivo de se manter 90% da variação genética em 100 anos (Frankham *et al.*, 2010). Por estes cálculos apresentados no trabalho de Nielsen *et al.* (2007) o tamanho efetivo da população de jacutinga necessário para se atender aos objetivos propostos por Frankham *et al.* (2010) deveria ser de 165 indivíduos. No entanto, Franklin (1980) e Soulé (1980) sugerem um tamanho efetivo populacional mínimo de 50 indivíduos para evitar a depressão endogâmica em um curto prazo de tempo, já Lacy (1987) indica um número mais alto a partir de estudos experimentais realizados com moscas das frutas, sugerindo em torno de 100 indivíduos. Enquanto que Frankham *et al.* (2004) sugerem um  $N_e$  mínimo de 500 indivíduos

para se manter a diversidade genética e o potencial evolutivo em longo prazo. Contudo, com um manejo correto, esta perda teórica esperada de variabilidade genética pode ser amenizada (Wisely *et al.*, 2003, Ralls & Ballou 2004; Hagen *et al.*, 2011).

## **7.2. Aplicações para o manejo**

### **7.2.1. Manejo das populações de cativeiro**

A classificação dos indivíduos de maneira a identificar quais são os animais com maiores valores de heterozigose e quais são os indivíduos menos aparentados em relação aos outros é um caminho interessante para se definir a estrutura do manejo genético/reprodutivo que poderá ser implementado no programa de conservação *Ex Situ* da jacutinga. Com essas identificações pode-se parear indivíduos de forma a minimizar a média de parentesco “*kinship*” (Ballou, 1983), sendo esta a melhor estratégia para maximizar a diversidade genética (Ballou & Lacy, 1995; Ivy *et al.*, 2009).

A presença de estruturação genética na população de cativeiro de jacutinga possibilita a existência de duas estratégias alternativas de manejo. Uma das possibilidades é cada criadouro continuar manejando seu plantel independentemente, e portanto, manter a diversidade genética interpopulacional. Para isto foi preciso calcular o número mínimo de casais reprodutivos necessários para que a variação que já existe dentro de cada plantel não seja perdida. Deste modo, foi feita uma análise que considera formar casais do ponto de vista genético com maiores valores de  $(1-P_s)$ , até que esses casais formados sejam capazes de garantir toda a diversidade alélica presente no seu mantenedor, ou seja, foi realizada uma análise conjunta entre a tabela de  $(1-P_s)$  e os alelos existentes em cada indivíduo. Assim o arranjo sugerido por essa metodologia aponta o número mínimo de casais para que ocorra um aumento expressivo da heterozigose dos filhotes e para que os alelos existentes hoje na população sejam preservados. Isso ocorrerá desde que pelo menos os pares de indivíduos que

foram indicados se reproduzam. Essas informações específicas de animais que devem ser pareados (novos casais formados) foram repassadas em relatórios individualizados para cada criador. Esse estudo apontou para um número mínimo de cinco casais na CESP, 11 casais em Poços de Caldas, quatro casais no criadouro Tropicus e 12 casais em Guaratuba. Não foi possível encontrar um número mínimo seguro para a população da Crax Brasil devido ao baixo número de amostras coletadas. É importante enfatizar que este é um número mínimo, contudo a manutenção de um número maior de casais, de acordo com as possibilidades de cada criador, seria uma alternativa mais segura para as populações. Este manejo pode ser efetivo dado que até o momento não existe endocruzamento significativo dentro de cada população, e evitando translocações entre os criadouros, se reduz o risco de trocas de doenças, estresse do transporte que pode levar os animais a óbito, além de todo o processo de adaptação ao novo local (práticas de manejo diferentes, dietas, dimensões do recinto, novos parceiros, clima, entre outros). Deste modo, em relação ao que se observa atualmente, seria mais importante ter vários casais produzindo um número moderado de filhotes, ao invés de poucos casais produzindo muitos filhotes, porque isto levaria à perda de alelos e à homozigose. Para isto, seguir a planilha de acasalamentos é fundamental para formar pares não relacionados.

A outra estratégia seria fazer trocas de indivíduos entre as populações de maneira que os alelos existentes estivessem representados em todas elas. Isto aumentaria a heterozigose e a diversidade alélica dos criatórios, mas cada mantenedor nesse caso precisaria de um número maior de casais para conseguir manter essa variabilidade que seria aumentada e isso pode esbarrar em outros problemas distantes das questões genéticas, tais como, inviabilidade financeira, ausência de espaço adequado e falta de incentivo dos órgãos ambientais competentes. Seguindo a mesma metodologia descrita acima, para se fundar uma nova população capaz de manter toda a variabilidade genética existente em todos os criadores, seria

necessário um número mínimo de 30 casais. Todavia também é possível que os criadores aumentem parcialmente a representatividade genética de seus plantéis em relação a diversidade total se trocas bem planejadas ocorrerem, mas para isso seria necessário identificar os interessados em receber e doar animais. Para a opção de promover o manejo integrado entre os plantéis, será necessário utilizar as tabelas de análise de alelos e de estimativas de parentesco e fazer um estudo para cada criadouro indicando as melhores trocas. Isto deve ser feito de maneira que o genótipo do indivíduo que está saindo de um criadouro não deixe de ser representado no local de origem e incremente a variabilidade genética do local para onde está sendo translocado.

Os dados genéticos são importantes para manejar populações com genealogias incompletas ou desconhecidas como é o caso da população em cativeiro de jacutinga que não possui um *pedigree* desenvolvido (Ivy *et al.*, 2009). Contudo, após a reestruturação dos plantéis, todas as informações reprodutivas referentes aos casais e às proles devem ser sistematicamente coletadas, e futuramente esses plantéis deverão passar por um novo monitoramento genético para avaliar se o manejo implantado está proporcionando um efeito positivo sobre a população *Ex Situ* de jacutinga.

### **7.2.2. Reintroduções na natureza**

Os programas de reintrodução devem utilizar animais saudáveis, com alta capacidade de reprodução e variação genética, entretanto quando um indivíduo é reintroduzido, sua participação na variabilidade genética é adicionada à população natural, mas é removida da população de cativeiro, assim é comum que os interesses entre essas populações sejam conflitantes (Frankham *et al.*, 2004). Deste modo, Frankham *et al.* (2004) sugerem um modelo teórico da relação cativeiro-natureza com quatro possibilidades: A) indivíduos que se fossem soltos beneficiariam a população reintroduzida, mas prejudicariam a população cativa,

por serem animais que são importantes para a reprodução (geneticamente diversificados e pouco representados no cativeiro) e que apresentam também poucos parentes na população reintroduzida, B) indivíduos que se fossem liberados seriam benéficos tanto para a população selvagem que está sendo formada quanto para o cativeiro, que compõem os animais que estão geneticamente bem representados no cativeiro e apresentam poucos níveis de parentesco com os reintroduzidos, C) indivíduos que se reintroduzidos seriam prejudiciais para ambas as populações, pois são valiosos no cativeiro e possuem muitos parentes próximos nos escolhidos para a reintrodução; e D) indivíduos que se fossem soltos beneficiariam a população de cativeiro, mas prejudicariam a população reintroduzida, pois eles são bem representados nas duas populações. Então, de acordo com Frankham *et al.* (2004), devido ao elevado risco de mortalidade envolvido em solturas, os indivíduos do tipo D deveriam ser os primeiros a serem utilizados. Isto foi feito para o mico-leão-dourado (*Leontopithecus rosalia*), o condor da Califórnia (*Gymnogyps californianus*) e o furão de pés negros (*Mustela nigripes*) (Frankham *et al.*, 2004).

Como pode-se observar a definição de critérios para a reintrodução da jacutinga é algo de extrema importância, pois suas populações estão em declínio na natureza e necessitam de um reforço populacional (Galetti *et al.*, 1997). Um dos objetivos da reintrodução é reforçar a heterogeneidade genética das populações pequenas ou em declínio (Griffith *et al.*, 1989). *Rankings* genéticos são importantes para a escolha e a ordem de soltura dos animais, começando com indivíduos mais comuns em termos alélicos, mas não com baixo nível de heterozigose, nas etapas experimentais de reintrodução. Quando os protocolos de reintrodução já estiverem bem delineados será possível utilizar os indivíduos mais diferenciados (Frankham *et al.*, 2004).

A métrica de heterozigose intraindividual (MLH) tem sido utilizada em alguns trabalhos de maneira a relacioná-la com características ligadas ao *fitness* do indivíduo.

Correlações deste tipo são frequentemente detectadas em populações naturais (Keller & Waller, 2002; Coltman & Slate, 2003; Chapman *et al.*, 2009; Miller *et al.*, 2011). Na população de jacutinga 3,42% dos indivíduos apresentaram um valor superior a 0,75 de MLH, 42,47% estão entre 0,50-0,75 de MLH, 41,78% permaneceram entre 0,25-0,50 e 12,33% estão abaixo de 0,25 (Anexo 8). Taylor *et al.* (2010) estudando uma população natural do “*song sparrow*” (*Melospiza melodia*) um emberezídeo da América do Norte, encontrou valores de MLH variando de 0,31 à 1, com mais de 80% dos indivíduos com valores superiores a 0,50. Já Chapman e Sheldon (2011) analisaram molecularmente 261 indivíduos de um outro passeriforme, *Parus major*, de áreas naturais da Inglaterra e os valores de MLH desses animais variaram de 0,52-0,94, com nenhuma ave com valor inferior a 0,50. Assim, em relação aos nossos dados, nota-se que 54,11% das aves estão abaixo de 0,50 de MLH, níveis bem contrastantes com os das outras aves citadas acima. Todavia, deve-se considerar que elas estão em um contexto completamente diferenciado, pois ambas são populações de natureza, que vivem em outros ambientes e experimentam pressões distintas, além de pertencer a ordem dos Passeriformes, possuindo assim atributos de história de vida distintos dos Galliformes. Infelizmente não existem dados na literatura sobre essas métricas aplicadas a cracídeos o que dificulta uma comparação mais apurada. Contudo, pode-se identificar 5 indivíduos com valores superiores a 0,75 de MLH na população cativa de jacutinga, sendo estes animais potencialmente valiosos para a manutenção e aumento da variabilidade genética em cativeiro.

A fundação de uma população reintroduzida com indivíduos oriundos de distintos plantéis, que representem uma combinação de populações pode aumentar o sucesso da reintrodução, apesar de reduzir a adaptação local, ela maximiza a diversidade genética disponível em que a seleção natural poderá agir (Frankham *et al.*, 2004; Robert *et al.*, 2007). Outro aspecto importante a ser considerado, é o fato de não ser conhecida a variabilidade genética natural das populações de jacutinga, assim reintroduzir esse animais em locais que

ainda possuem indivíduos selvagens pode ser uma opção equivocada, sendo mais seguro fundar uma nova população em uma área em que a espécie foi extinta e que seja possível desenvolver um programa de monitoramento pós-soltura de longo prazo. Segundo o que foi proposto por Griffith *et al.* (1989) são necessários soltar 80 animais para se alcançar a maior probabilidade de sucesso, enquanto através de uma medida desenvolvida para calcular a probabilidade de retenção de alelos ao longo das gerações, que se utilizou de um passeriforme ameaçado da Nova Zelândia (*Mohoua ochrocephala*) como modelo, seria necessário soltar 60 indivíduos em uma população com crescimento moderado para que 95% dos alelos ficassem retidos na população após 20 anos (Tracy *et al.*, 2011).

## 8. CONCLUSÕES

- Com a utilização de 9 *loci* de marcadores microssatélites foi possível avaliar a variabilidade genética da população de cativeiro de *A. jacutinga*.
- Foi possível apresentar sugestões de novos pareamentos e apontar indivíduos aptos à reintrodução de acordo com as respostas genéticas.
- Outras variáveis deverão ser incorporadas para a decisão final, tais como a idade dos animais, questões de manejo no criadouro, aceitação entre os novos casais, nível de adaptação ao cativeiro, entre outros fatores. Este material é apenas mais um componente de um sistema complexo de informações necessárias que devem ser reunidas.
- Devido a não conhecermos a variabilidade natural desta espécie, as populações de cativeiro apresentarem estruturação genética e a necessidade de um elevado número de casais para se manter toda a variação genética existente na população cativa de jacutinga, em um primeiro momento sugere-se que o manejo de readequação de casais seja feito dentro de cada criadouro, com o objetivo de aumentar a variabilidade genética em cada um deles; os resultados deverão ser mensurados através da genotipagem das novas gerações de filhotes.
- Translocações futuras entre os criadores também podem ser uma possibilidade desde que gerenciadas por um plano de ação nacional.

- Foram geradas informações que podem ser utilizadas para iniciar a criação de um *studbook* da espécie.
- Esforços de conservação *In Situ* devem ser realizados para que o trabalho de reprodução *Ex Situ* possa completar seu objetivo, assim as áreas naturais de Mata Atlântica escolhidas para reintrodução, precisam ser integralmente protegidas da caça antes que qualquer animal seja solto.
- É necessário que um plano de ação nacional para a conservação da jacutinga seja desenvolvido e implementado pelo órgão ambiental brasileiro competente (ICMBio).
- Animais com melhores níveis de heterozigose individual precisam ser produzidos para que populações possam ser fundadas na natureza com pelo menos 80 indivíduos.
- A nova geração de filhotes oriundos dos novos casais necessitam ser criados dentro de um contexto de preparação para a introdução na natureza, assim as técnicas de manejo precisam ser adequadas para tal objetivo.
- Essas informações se incorporadas ao programa de conservação *Ex Situ* podem aumentar a precisão das decisões visando a manutenção da diversidade alélica e heterozigose da população, além de estabelecer novos e mais elevados parâmetros de manejo para a recuperação de espécies ameaçadas da fauna brasileira.

## 9. REFERÊNCIA

ALEIXO, A.; GALETTI, M. The conservation of the avifauna in a lowland Atlantic Forest in South-east Brazil. *Bird Conservation International*, v. 7, p. 235-261, 1997.

ARIF, I. A. et al. Measuring the genetic diversity of Arabian Oryx using microsatellite markers: implication for captive breeding. *Genes & Genetic Systems*, v. 85, p. 141-145, 2010.

BACHTROG, D. et al. Microsatellite variability differs between dinucleotide repeat motifs - Evidence from *Drosophila melanogaster*. *Molecular Biology and Evolution*, v. 17, p. 1277-1285, 2000.

BALLOU, B. Calculating inbreeding coefficients from pedigrees. In: SHONEWALD-COX, C. et al. (Ed.). *Genetics and conservation: a reference for managing wild animal and plant populations*. Menlo Park, NY: Benjamin/Cummings Publishing Company, 1983. p 373-401.

BALLOU, J. D.; LACY, R. C. Identifying genetically important individuals for management of genetic diversity in pedigreed populations. In: BALLOU, J. D.; GILPIN, M. E.; FOOSE, T. J. (Ed.). *Population management for survival and recovery*. New York: Columbia University Press, 1995. p 76-111.

BALLOU, J. D.; FOOSE, T. J. Demographic and genetic management of captive populations. In: KLEIMAN, D. G. et al. (Ed.). *Wild mammals in captivity: principles and techniques* (Ed.). Chicago: University of Chicago Press, 1997. p. 263-283.

BERNARDO, C. S. S.; CLAY, R. P. Black-fronted Piping guan (*Aburria jacutinga*). In: BROOKS, D. M. (Ed.). *Conserving cracids: the most threatened family of birds in the americas*. 6th. ed. Houston: Miscellaneous Publications of the Houston Museum of Natural Science, 2006. p. 52-55.

BERNARDO, C. S. S. et al. Density Estimates of the Black-Fronted Piping Guan in the Brazilian Atlantic Rainforest. *The Wilson Journal of Ornithology*, v. 123, p. 690-698, 2011.

BOWCOCK, A. M. et al. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellite. *Nature*, v. 368, p. 455-457, 1994.

BROOKS, D. M. *Pipile* as a protein source to rural hunters and Amerindians. In: BROOKS, D. M.; BEGAZO, A. J.; OLMOS, F. (Ed.). *Biology and conservation of the Piping Guans (Pipile)*. Houston: Cracid Specialist Group, 1999. p. 42-50. (Spec. Publ., n. 1).

BROOKS, M.; STRAHL, S. D. *Curassows, guans and chachalacas*. In: Status Survey and Conservation Action Plans for Cracids 2000-2004. Gland: IUCN/SSC Cracid Specialist Group, 2000.

BROOKS, D. M.; FULLER, R. A. Biology and Conservation of Cracids. In: BROOKS, D. M. (Ed.). *Conserving Cracids: the most threatened family of birds in the americas*. Houston: [s.n.], 2006. p. 14-26. (Miscellaneous Publications of the Houston Museum of Natural Science, n. 6).

- BRYANT, E. H.; REED, D. H. Fitness decline under relaxed selection in captive populations. *Conservation Biology*, v. 13, p. 665-669, 1999.
- CADE, T. J. Using science and technology to reestablish species lost in nature. In: WILSON, E. O. (Ed.). *Biodiversity*. Washington: National Academy Press, 1988. p. 279-288.
- CAPARROZ, R. et al. Analysis of the genetic variability in a sample of the remaining group of Spix's Macaw (*Cyanopsitta spixii*, Psittaciformes: Aves) by DNA fingerprinting. *Biological Conservation*, v. 99, p. 307-311, 2001.
- CHAPMAN, J. R. et al. A quantitative review of heterozygosity-fitness correlations in animal populations. *Molecular Ecology*, v. 18, p. 2746-2765, 2009.
- CHAPMAN, J. R.; SHELDON, B.C. Heterozygosity is unrelated to adult fitness measures in a large, noninbred population of great tits (*Parus major*). *Journal of evolutionary biology*, v. 24, p. 1715-1726, 2011.
- COLTMAN, D. W.; SLATE, J. Microsatellite measures of inbreeding: a meta-analysis. *Evolution*, v. 57, p. 971-983, 2003.
- CONWAY, W. G. An overview of captive propagation. In: SOULÉ, M. E.; WILCOX, B. A. (Ed.). *Conservation biology: an evolutionary-ecological perspective*. Sunderland: Sinauer Associates, 1980. p. 199-208.
- EL MOUSADIK, A.; PETIT, R. J. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 92, p. 832-839, 1996.
- FALCONER, D. S. *Introduction to quantitative genetics*. 2nd ed. New York: Longman, 1981.
- FISCHER, J.; LINDENMAYER, D. B. An assessment of the published results of animal relocations. *Biological Conservation*, v. 96, p. 1-11, 2000.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. *A primer of conservation genetics*. Cambridge University Press, UK, 2004.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. *Introduction to conservation genetics*. 2nd ed.: Cambridge University Press, UK, 2010.
- FRANKLIN, I. R. Evolutionary change in small populations. In: SOULÉ, M. E.; WILCOX, B. A. (Ed.). *Conservation biology: an evolutionary-ecological perspective*. Sunderland: Sinauer Associates, 1980. p. 135-150.
- GALETTI, M. et al. Ecology and conservation of the jacutinga *Pipile jacutinga* in the Atlantic forest of Brazil. *Biological Conservation*, v. 82, p. 31-39, 1997.
- GONÇALVES DA SILVA, A. et al. Genetic approaches refine *Ex Situ* Lowland Tapir (*Tapirus terrestris*) conservation. *Journal of Heredity*, v. 101, p. 581-590, 2010.

- GOUDET, J. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, v. 86, p. 485-486, 1995.
- GOUDET, J. et al. Testing differentiation in diploid populations. *Genetics*, v. 144, p. 1933-1940, 1996.
- GRIFFITH, B. et al. Translocation as a species conservation tool: status and strategy. *Science*, v. 245, p. 477-480, 1989.
- GRIFFITHS, R. et al. A DNA test to sex most birds. *Molecular Ecology*, v. 7, p. 1071-1075, 1998.
- HAGEN, E. N. et al. Conservation genetic management of a critically endangered New Zealand endemic bird: minimizing inbreeding in the Black Stilt *Himantopus novaeseelandiae*. *Ibis*, v. 153, p. 556-561, 2011.
- HAN, J. I. et al. A simple and improved DNA test for avian sex determination. *The Auk*, v. 126, p. 779-783, 2009.
- HARR, B.; ZANGERL, B.; SCHLOTTERER, C. Removal of microsatellite interruptions by DNA replication slippage: phylogenetic evidence from *Drosophila*. *Molecular Biology and Evolution*, v. 17, p. 1001-1009, 2000.
- HURLBERT, S. H. The non-concept of species diversity: a critique and alternative parameters. *Ecology*, v. 52, p. 577-586, 1971.
- IUCN. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2011.2. 2011. Disponível em: <[www.iucnredlist.org](http://www.iucnredlist.org)>. Acesso em: 10 abr. 2012.
- IVY, J. A. et al. Methods and prospects for using molecular data in captive breeding programs: an empirical example using parma wallabies (*Macropus parma*). *Journal of Heredity*, v. 100, p. 441-454, 2009.
- JONES, K. L. et al. Refining the Whooping crane studbook by incorporating microsatellite DNA and leg-banding analyses. *Conservation Biology*, v. 16, p. 789-799, 2002.
- JONES, K. L. et al. Isolation and characterization of 14 polymorphic microsatellite DNA loci for the endangered Whooping Crane (*Grus americana*) and their applicability to other crane species. *Conservation Genetics Resources*, v. 2, p. 251-254, 2010.
- KALINOWSKI, S. T.; WAGNER, A. P.; TAPER, M. L. ML-Relate: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. *Molecular Ecology Notes*, v. 6, p. 576-579, 2006.
- KELLER, L. F.; WALLER, D. M. Inbreeding effects in wild populations. *Trends in Ecology and Evolution*, v. 17, p. 230-241, 2002.
- KRUGLYAK, S. et al. Distribution and abundance of microsatellites in the yeast genome can be explained by a balance between slippage events and point mutations. *Molecular Biology and Evolution*, v. 17, p. 1210-1219, 2000.

LACY, R. C. Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision. *Conservation Biology*, v. 1, p. 143-158, 1987.

LACY, R. C. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biology*, v. 14, p. 565-577, 1995.

LANDE, R.; BARROWCLOUGH, G. Effective population size, genetic variation, and their use in population management. In: SOULÉ, M. E. (Ed.). *Viable populations for conservation*. Cambridge University Press, UK, 1987.

MACHADO, A. B. M.; DRUMMOND, G. M.; PAGLIA, A. P. (Ed). *Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção*. 1ª ed.: Brasília, DF: MMA, Belo Horizonte, MG: Fundação Biodiversitas, 2008. p. 1-1420. 2 v.

MILLER, K. A. et al. Genetic structure and individual performance following a recent founding event in a small lizard. *Conservation Genetics*, v. 12, p. 461-473, 2011.

MIOTTO, R. A. et al. Genetic diversity and population structure of pumas (*Puma concolor*) in southeastern Brazil: implications for conservation in a human-dominated landscape. *Conservation Genetics*, v. 12, p. 1447-1455, 2011.

MITCHELL, A. A. et al. Using microsatellite diversity in wild Anegada iguanas (*Cyclura pinguis*) to establish relatedness in a captive breeding group of this critically endangered species. *Conservation Genetics*, v. 12, p. 771-781, 2011.

MYERS, N. et al. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, v. 403, p. 853-858, 2000.

NIELSEN, R. K., PERTOLDI, C.; LOESCHCKE, V. Genetic evaluation of the captive breeding program of the Persian wild ass. *Journal of Zoology*, v. 272, p. 349-357, 2007.

NSUBUGA, A. M. et al. The cryptic genetic structure of the North American captive gorilla population. *Conservation Genetics*, v. 11, p. 161-172, 2010.

PEREIRA, S. L.; MIYAKI, C. Y.; WAJNTAL, A. DNA fingerprinting in the rare Black-Fronted Piping Guan *Pipile jacutinga* (Cracidae, Aves). *Revista Brasileira de Biologia*, v. 56, n. 4, p. 783-791, 1996.

PRIMACK, R. B. *A primer of conservation biology*. Sunderland: Sinauer Associates, 1995.

PRITCHARD, J. K.; MATTHEW, S.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, v. 155, p. 945-959, 2000.

RALLS, K. et al. Genetic management of Chondrodystrophy in California condors. *Animal Conservation*, v. 3, p. 145-153, 2000.

RALLS, K.; BALLOU, J. D. Genetic status and management of California Condors. *The Condor*, v. 106, p. 215-228, 2004.

- RAMIREZ, O. et al. Genetic assessment of the Iberian wolf *Canis lupus signatus* captive breeding program. *Conservation Genetics*, v. 7, p. 861-878, 2006.
- RIBEIRO, M. C. et al. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. *Biological Conservation*, v. 142, p. 1141-1153, 2009.
- ROBERT, A.; COUVET, D.; SARRAZIN, F. Integration of demography and genetics in population restorations. *Ecoscience*, v. 14, p. 463-471, 2007.
- ROUSSET, F. Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, v. 8, p. 103-106, 2008.
- RUIZ-LÓPEZ, M. J. et al. Pedigrees and microsatellites among endangered ungulates: what do they tell us? *Molecular Ecology*, v. 18, p. 1352-1364, 2009.
- RUSSELLO, M. A.; AMATO, G. *Ex Situ* population management in the absence of pedigree information. *Molecular Ecology*, v. 13, p. 2829-2840, 2004.
- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. *Molecular cloning: a laboratory manual*, 2nd ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- SEAL, U. S. Intensive technology in the care of *Ex Situ* populations of vanishing species. In: WILSON, E. O. (Ed.). *Biodiversity*. Washington: National Academy Press, 1988.
- SHAFFER, M. L. Minimum viable populations: coping with uncertainty. In: SOULÉ, M. E. (Ed.). *Viable populations for conservation*. Cambridge University Press, UK, 1987.
- SICK, H. *Ornitologia Brasileira*. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997.
- SILVEIRA, L. F.; SOARES, E. S.; BIANCHI, C. Plano de Ação Nacional para a Conservação dos Galliformes Ameaçados de Extinção (arucuãs, jacus, jacutingas, mutuns e urus. Brasília: ICMBio, 2008a. p. 1-90. (Série Espécies Ameaçadas, n. 6).
- SILVEIRA, L. F. et al. Plano de ação para a conservação do mutum-de-Alagoas (*Mitu mitu* = *Pauxi mitu*). Brasília: ICMBio, 2008b. p. 1-51. (Série Espécies Ameaçadas, n. 7).
- SOULÉ, M. E. Thresholds for survival: maintaining fitness and evolutionary potential. In: SOULÉ, M. E.; WILCOX, B. A. (Ed.). *Conservation biology: an evolutionary-ecological perspective*. Sunderland: Sinauer Associates, 1980. p. 151-169.
- STORFER, A. Gene flow and endangered species translocations: a topic revisited. *Biological Conservation*, v. 87, p. 173-180, 1999.
- STOTZ, D. F. et al. *Neotropical birds: ecology and conservation*. Chicago: University of Chicago Press, 1996.
- STRAHL, S. D.; GRAJAL, A. Conservation of large avian frugivores and the management of Neotropical protected areas. *Oryx*, v. 25, p. 50-55, 1991.

TAYLOR, S. S. et al. Inbreeding coefficient and heterozygosity–fitness correlations in unhatched and hatched song sparrow nestmates. *Molecular Ecology*, v. 19, p. 4454-4461, 2010.

TEMPLETON, A.R. et al. Disrupting evolutionary processes: the effect of habitat fragmentation on collared lizards in the Missouri Ozarks. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 98, p. 5426-5432, 2001.

THIOLLAY, J. M. Structure, density and rarity in an Amazonian rainforest bird community. *Journal of Tropical Ecology*, v. 10, p. 449-481, 1994.

TRACY, L. N. et al. Preserving genetic diversity in threatened species reintroductions: how many individuals should be released? *Animal Conservation*, v. 14, p. 439-446, 2011.

VAN OOSTERHOUT, C. et al. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, v. 4, p. 535-538, 2004.

WAKEFIELD, S. et al. Status and action plan for the Przewalski's horse (*Equus ferus przewalskii*). In: MOEHLMAN, P. D. (Ed.). *Status survey and conservation action plan – equids: zebras, asses and horses*. IUCN/SSC Equid Specialist Group, 2002. p. 82-92.

WAPLES, R. S. A bias correction for estimates of effective population size based on linkage disequilibrium at unlinked gene loci. *Conservation Genetics*, v. 7, p. 167-184, 2006.

WAPLES, R. S.; DO, C. LDNE: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Molecular Ecology Resources*, v. 8, p. 753-756, 2008.

WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, v. 38, p. 1358-1370, 1984.

WISELY, S. M.; MCDONALD, D. B.; BUSKIRK, S. W. Evaluation of the genetic management of the endangered Black-footed ferret (*Mustela nigripes*). *Zoo Biology*, v. 22, p. 287-298, 2003.

WITZENBERGER, K. A.; HOCHKIRCH, A. *Ex Situ* conservation genetics: a review of molecular studies on the genetic consequences of captive breeding programmes for endangered animal species. *Biodiversity and Conservation*, v. 20, p. 1843-1861, 2011.

YANG, J.; ZHIGANG, J. Genetic diversity, population genetic structure and demographic history of Przewalski's gazelle (*Procapra przewalskii*): implications for conservation. *Conservation Genetics*, v. 12, p. 1457-1468, 2011.

YOUNG, D. L. et al. DNA fingerprint variation and reproductive fitness in the plain pigeon. *Conservation Biology*, v. 12, p. 225-227, 1998.

YUMOTO, T. Seed dispersal by Salvin's Curassow, *Mitu salvini* (Cracidae), in a Tropical forest of Colombia: direct measurements of dispersal distance. *Biotropica*, v. 31, p. 654-660, 1999.

ZANE, L.; BARGELLONI, L.; PATARNELLO, T. Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology*, v. 11, p. 1-16, 2002.

## 10. ANEXOS

Anexo I (A1). Pareamento geral de todas as fêmeas com todos os machos da população de cativeiro de *A. jacutinga* utilizando-se a medida (1-Ps). POP – População, S – Sexo, ID – Identificação, CE – CESP, PC – Poços de Caldas, CR – Crax Brasil, TR – Tropicus e GA – Guaratuba. Cor cinza – indivíduo foi a óbito após a coleta.

POP			CE	CE	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC												
	ANILHA		U05945	U05954	U05861	U22504	U25133	U05959	U05984	U03682	U25106	U05834	U05849	8387	CPC 1159	CPC 1118	CPC 1158	CPC 77200	U03686	CPC 70301	CPC 1121	CCCP C2127	CCCP C3389	CCCP C3390	CCCP C3393	
	S		M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	
	ID		A002	A004	A005	A007	A009	A012	A013	A016	A017	A020	A023	A024	A061	A064	A067	A068	A070	A075	A076	A082	A086	A087	A088	
CE	U05848	F	A001	0,17	0,22	0,44	0,28	0,28	0,28	0,33	0,17	0,44	0,11	0,22	0,39	0,56	0,50	0,61	0,50	0,44	0,44	0,39	0,50	0,33	0,28	0,78
CE	U25124	F	A003	0,33	0,39	0,17	0,22	0,33	0,44	0,28	0,17	0,44	0,44	0,33	0,50	0,67	0,44	0,56	0,67	0,39	0,56	0,50	0,61	0,39	0,61	0,61
CE	U03667	F	A006	0,33	0,39	0,56	0,44	0,28	0,33	0,44	0,33	0,11	0,39	0,33	0,50	0,56	0,61	0,44	0,50	0,50	0,44	0,44	0,50	0,56	0,39	0,61
CE	U25138	F	A008	0,50	0,50	0,39	0,28	0,50	0,61	0,44	0,33	0,50	0,44	0,56	0,61	0,72	0,61	0,61	0,72	0,56	0,56	0,50	0,61	0,44	0,44	0,67
CE	U25145	F	A010	0,33	0,22	0,50	0,39	0,33	0,28	0,28	0,33	0,44	0,28	0,17	0,28	0,61	0,44	0,56	0,44	0,44	0,50	0,44	0,56	0,50	0,39	0,61
CE	U03695	F	A011	0,39	0,33	0,22	0,22	0,28	0,39	0,11	0,17	0,44	0,33	0,22	0,33	0,61	0,39	0,50	0,50	0,39	0,50	0,44	0,56	0,44	0,50	0,56
CE	U05830	F	A014	0,39	0,44	0,11	0,22	0,22	0,50	0,33	0,17	0,39	0,44	0,44	0,56	0,61	0,39	0,61	0,72	0,39	0,50	0,56	0,67	0,44	0,61	0,56
CE	U25159	F	A015	0,39	0,44	0,28	0,11	0,22	0,39	0,28	0,22	0,39	0,33	0,39	0,56	0,72	0,44	0,56	0,61	0,22	0,61	0,61	0,67	0,39	0,56	0,61
CE	U05835	F	A018	0,22	0,28	0,39	0,39	0,28	0,28	0,33	0,17	0,39	0,22	0,17	0,33	0,50	0,50	0,50	0,44	0,39	0,39	0,39	0,44	0,44	0,44	0,67
CE	U03669	F	A019	0,61	0,61	0,44	0,44	0,50	0,61	0,56	0,50	0,44	0,44	0,56	0,56	0,50	0,39	0,44	0,50	0,28	0,50	0,61	0,56	0,44	0,44	0,39
CE	U22505	F	A021	0,28	0,33	0,33	0,22	0,17	0,28	0,22	0,06	0,33	0,22	0,22	0,33	0,50	0,50	0,50	0,50	0,39	0,39	0,44	0,44	0,44	0,39	0,67
CE	U05810	F	A022	0,28	0,33	0,33	0,22	0,28	0,28	0,22	0,17	0,44	0,22	0,22	0,33	0,50	0,39	0,39	0,50	0,28	0,39	0,44	0,44	0,33	0,39	0,56
CE	U22507	F	A025	0,33	0,39	0,39	0,17	0,22	0,33	0,28	0,11	0,39	0,17	0,28	0,39	0,56	0,56	0,56	0,56	0,44	0,44	0,50	0,50	0,39	0,33	0,72
CE	U05946	F	A026	0,39	0,50	0,33	0,33	0,39	0,44	0,39	0,33	0,33	0,44	0,39	0,56	0,56	0,44	0,44	0,56	0,39	0,44	0,44	0,50	0,39	0,50	0,50
CE	U22502	F	A027	0,33	0,28	0,28	0,28	0,39	0,39	0,28	0,33	0,56	0,39	0,28	0,44	0,72	0,33	0,61	0,56	0,33	0,61	0,44	0,67	0,39	0,56	0,56
PC	CPC221	F	A062	0,50	0,50	0,44	0,50	0,67	0,50	0,44	0,56	0,67	0,61	0,44	0,44	0,39	0,22	0,22	0,39	0,33	0,50	0,39	0,33	0,28	0,39	0,17
PC	CPC1148	F	A063	0,28	0,28	0,56	0,67	0,56	0,39	0,44	0,44	0,56	0,50	0,33	0,39	0,28	0,39	0,33	0,22	0,50	0,39	0,17	0,22	0,44	0,33	0,39
PC	CPC1116	F	A065	0,39	0,39	0,61	0,67	0,61	0,33	0,44	0,50	0,61	0,50	0,33	0,28	0,17	0,39	0,22	0,22	0,50	0,33	0,22	0,17	0,44	0,33	0,28
PC	CPC223	F	A066	0,50	0,44	0,56	0,61	0,67	0,50	0,44	0,56	0,61	0,50	0,44	0,33	0,50	0,50	0,28	0,28	0,50	0,44	0,28	0,44	0,56	0,50	0,33
PC	CPC32299	F	A069	0,33	0,39	0,56	0,61	0,44	0,28	0,50	0,44	0,39	0,44	0,39	0,33	0,22	0,50	0,28	0,39	0,67	0,17	0,33	0,33	0,56	0,39	0,33
PC	CPC31599	F	A071	0,44	0,44	0,44	0,61	0,56	0,44	0,39	0,56	0,56	0,56	0,39	0,33	0,39	0,33	0,39	0,39	0,61	0,28	0,22	0,39	0,50	0,50	0,33
PC	CPC32899	F	A072	0,33	0,39	0,56	0,50	0,44	0,33	0,39	0,33	0,39	0,33	0,28	0,39	0,39	0,50	0,33	0,39	0,56	0,22	0,28	0,28	0,44	0,28	0,50
PC	CPC921	F	A073	0,28	0,39	0,56	0,50	0,44	0,28	0,44	0,33	0,44	0,39	0,33	0,28	0,33	0,50	0,28	0,33	0,50	0,28	0,22	0,28	0,44	0,33	0,44
PC	CPC1152	F	A074	0,39	0,39	0,61	0,67	0,61	0,33	0,44	0,50	0,61	0,50	0,33	0,28	0,17	0,39	0,22	0,22	0,50	0,33	0,22	0,17	0,44	0,33	0,28
PC	CPC1154	F	A077	0,39	0,39	0,61	0,78	0,67	0,44	0,56	0,50	0,67	0,61	0,44	0,39	0,17	0,50	0,33	0,22	0,61	0,33	0,22	0,17	0,56	0,44	0,39
PC	CCCPC3363	F	A078	0,28	0,28	0,56	0,50	0,39	0,39	0,44	0,28	0,50	0,33	0,33	0,39	0,44	0,33	0,39	0,50	0,33	0,56	0,44	0,39	0,28	0,17	0,56
PC	CCCPC3360	F	A079	0,44	0,39	0,56	0,61	0,67	0,44	0,39	0,56	0,61	0,56	0,39	0,28	0,44	0,44	0,28	0,33	0,61	0,33	0,17	0,33	0,50	0,44	0,33
PC	CCCPC3359	F	A080	0,56	0,56	0,39	0,50	0,56	0,44	0,50	0,61	0,56	0,67	0,50	0,39	0,44	0,33	0,33	0,50	0,50	0,44	0,39	0,56	0,50	0,61	0,17
PC	CCCPC3362	F	A081	0,39	0,39	0,44	0,56	0,67	0,50	0,44	0,56	0,67	0,61	0,44	0,50	0,44	0,22	0,33	0,39	0,39	0,56	0,33	0,39	0,28	0,39	0,28
PC	CCCPC3388	F	A083	0,39	0,39	0,67	0,50	0,44	0,39	0,44	0,39	0,44	0,33	0,33	0,39	0,28	0,39	0,28	0,33	0,33	0,39	0,39	0,22	0,33	0,11	0,44
PC	CCCPC3391	F	A084	0,44	0,44	0,39	0,39	0,50	0,56	0,50	0,33	0,61	0,50	0,50	0,50	0,33	0,33	0,61	0,22	0,61	0,50	0,44	0,28	0,39	0,39	0,39
PC	CCCPC3394	F	A085	0,33	0,28	0,39	0,56	0,39	0,33	0,39	0,39	0,44	0,44	0,28	0,28	0,39	0,39	0,39	0,39	0,61	0,28	0,33	0,44	0,56	0,50	0,33
PC	CCCPC3395	F	A089	0,44	0,44	0,39	0,39	0,33	0,44	0,39	0,33	0,33	0,39	0,39	0,44	0,44	0,39	0,33	0,56	0,44	0,33	0,50	0,50	0,44	0,33	0,39
PC	CPC32799	F	A091	0,44	0,39	0,67	0,72	0,67	0,39	0,50	0,56	0,61	0,56	0,39	0,28	0,22	0,44	0,22	0,28	0,56	0,39	0,28	0,22	0,50	0,33	0,28
PC	CPC243	F	A093	0,44	0,39	0,61	0,67	0,61	0,44	0,50	0,50	0,56	0,56	0,39	0,33	0,28	0,39	0,17	0,28	0,50	0,39	0,28	0,22	0,44	0,28	0,22
PC	CCCPC2564	F	A094	0,50	0,50	0,50	0,67	0,61	0,50	0,44	0,61	0,61	0,61	0,44	0,39	0,28	0,44	0,44	0,28	0,67	0,17	0,22	0,28	0,61	0,61	0,39
PC	CPC599	F	A095	0,28	0,28	0,56	0,39	0,33	0,28	0,33	0,28	0,44	0,22	0,22	0,22	0,44	0,44	0,44	0,39	0,39	0,33	0,39	0,39	0,28	0,28	0,61

Anexo 1 (A2). Continuação.

POP			PC	PC	PC	PC	CR	CR	CR	CR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR			
ANILHA	S	ID	ZMN 0183	CPC 1105	CPC 1122	CPC 29399	Prov. 77 vermelha	CraxBR 00002	TRO2301	Prov. 81 vermelha	TRO.Q	TRO. 08.66	TRO.M 11	TRO. 0863	TRO 1087	TRO. 0862	TRO.DH 2	TRO BR 43	4328R	TRO BR60	TRO BR63	TRO BR38	TRO. 08.69	TRO. 08.97	4333R	TRO 0852		
			M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M
CE	U05848	F	A001	0,56	0,28	0,61	0,39	0,56	0,39	0,50	0,61	0,61	0,44	0,61	0,44	0,50	0,39	0,44	0,28	0,28	0,28	0,39	0,39	0,61	0,39	0,39	0,61	
CE	U25124	F	A003	0,61	0,39	0,50	0,22	0,61	0,33	0,44	0,39	0,44	0,56	0,50	0,50	0,50	0,56	0,56	0,44	0,44	0,33	0,56	0,44	0,67	0,39	0,56	0,56	
CE	U03667	F	A006	0,44	0,11	0,61	0,44	0,44	0,39	0,50	0,61	0,50	0,44	0,56	0,39	0,39	0,50	0,50	0,39	0,39	0,33	0,44	0,50	0,56	0,39	0,50	0,61	
CE	U25138	F	A008	0,67	0,56	0,56	0,44	0,67	0,44	0,44	0,44	0,44	0,50	0,56	0,67	0,56	0,61	0,50	0,61	0,33	0,56	0,39	0,67	0,56	0,72	0,44	0,56	0,61
CE	U25145	F	A010	0,56	0,33	0,67	0,44	0,56	0,44	0,44	0,56	0,67	0,44	0,67	0,56	0,56	0,56	0,50	0,50	0,28	0,44	0,33	0,39	0,67	0,50	0,61	0,56	
CE	U03695	F	A011	0,56	0,39	0,56	0,28	0,56	0,28	0,33	0,33	0,56	0,44	0,61	0,56	0,56	0,61	0,50	0,56	0,39	0,44	0,50	0,44	0,72	0,39	0,61	0,50	
CE	U05830	F	A014	0,56	0,44	0,44	0,28	0,56	0,28	0,50	0,33	0,50	0,61	0,56	0,50	0,61	0,67	0,50	0,56	0,39	0,44	0,56	0,50	0,72	0,44	0,56	0,67	
CE	U25159	F	A015	0,67	0,33	0,56	0,28	0,61	0,44	0,44	0,44	0,44	0,56	0,61	0,61	0,56	0,61	0,67	0,61	0,50	0,50	0,56	0,61	0,72	0,39	0,67	0,61	
CE	U05835	F	A018	0,44	0,22	0,56	0,28	0,39	0,33	0,39	0,56	0,44	0,33	0,50	0,39	0,28	0,33	0,44	0,33	0,33	0,22	0,44	0,33	0,44	0,28	0,44	0,44	
CE	U03669	F	A019	0,44	0,56	0,39	0,33	0,33	0,39	0,39	0,44	0,39	0,61	0,67	0,56	0,44	0,61	0,50	0,61	0,56	0,56	0,72	0,56	0,56	0,56	0,56	0,67	
CE	U22505	F	A021	0,44	0,28	0,56	0,28	0,44	0,39	0,44	0,44	0,56	0,44	0,50	0,44	0,44	0,50	0,50	0,44	0,39	0,33	0,50	0,44	0,61	0,28	0,50	0,50	
CE	U05810	F	A022	0,44	0,28	0,44	0,17	0,44	0,28	0,33	0,44	0,44	0,44	0,61	0,44	0,44	0,50	0,50	0,44	0,39	0,33	0,50	0,44	0,61	0,39	0,50	0,61	
CE	U22507	F	A025	0,50	0,33	0,61	0,33	0,50	0,44	0,50	0,50	0,61	0,50	0,56	0,50	0,50	0,44	0,56	0,39	0,44	0,39	0,56	0,50	0,67	0,33	0,44	0,56	
CE	U05946	F	A026	0,50	0,28	0,39	0,22	0,50	0,28	0,33	0,39	0,33	0,44	0,67	0,44	0,44	0,56	0,50	0,44	0,50	0,33	0,61	0,56	0,61	0,39	0,56	0,67	
CE	U22502	F	A027	0,72	0,39	0,56	0,33	0,72	0,33	0,39	0,44	0,56	0,50	0,72	0,61	0,67	0,67	0,50	0,56	0,33	0,44	0,39	0,44	0,78	0,56	0,67	0,67	
PC	CPC221	F	A062	0,44	0,56	0,39	0,28	0,44	0,33	0,39	0,39	0,39	0,39	0,61	0,50	0,39	0,61	0,44	0,67	0,56	0,56	0,56	0,56	0,44	0,61	0,56	0,50	
PC	CPC1148	F	A063	0,44	0,44	0,50	0,56	0,44	0,39	0,50	0,61	0,50	0,33	0,56	0,39	0,39	0,50	0,33	0,50	0,39	0,39	0,39	0,39	0,39	0,50	0,44	0,44	
PC	CPC1116	F	A065	0,39	0,50	0,39	0,50	0,39	0,44	0,44	0,50	0,50	0,33	0,56	0,44	0,39	0,50	0,33	0,56	0,50	0,44	0,44	0,44	0,33	0,44	0,50	0,44	
PC	CPC223	F	A066	0,28	0,56	0,39	0,33	0,17	0,33	0,33	0,50	0,28	0,33	0,72	0,39	0,33	0,44	0,50	0,61	0,50	0,56	0,50	0,56	0,50	0,56	0,67	0,56	
PC	CPC32299	F	A069	0,17	0,44	0,28	0,44	0,17	0,33	0,50	0,39	0,44	0,33	0,56	0,22	0,33	0,44	0,33	0,44	0,33	0,39	0,33	0,50	0,33	0,39	0,56	0,61	
PC	CPC31599	F	A071	0,28	0,56	0,28	0,33	0,28	0,22	0,33	0,33	0,44	0,28	0,72	0,44	0,44	0,44	0,33	0,56	0,39	0,44	0,44	0,44	0,50	0,56	0,67	0,56	
PC	CPC32899	F	A072	0,28	0,33	0,44	0,33	0,28	0,33	0,33	0,44	0,44	0,28	0,56	0,28	0,33	0,39	0,39	0,28	0,33	0,22	0,44	0,39	0,44	0,33	0,50	0,44	
PC	CPC921	F	A073	0,17	0,33	0,33	0,22	0,17	0,33	0,44	0,50	0,33	0,28	0,56	0,28	0,22	0,33	0,39	0,44	0,44	0,33	0,44	0,50	0,39	0,39	0,50	0,56	
PC	CPC1152	F	A074	0,39	0,50	0,39	0,50	0,39	0,44	0,44	0,50	0,50	0,33	0,56	0,44	0,39	0,50	0,33	0,56	0,50	0,44	0,44	0,44	0,33	0,44	0,50	0,44	
PC	CPC1154	F	A077	0,50	0,56	0,39	0,61	0,50	0,44	0,56	0,56	0,50	0,28	0,50	0,39	0,33	0,56	0,28	0,50	0,50	0,33	0,44	0,44	0,33	0,44	0,50	0,44	
PC	CCCPC3363	F	A078	0,50	0,39	0,67	0,39	0,50	0,44	0,61	0,67	0,61	0,50	0,39	0,44	0,39	0,50	0,39	0,44	0,28	0,39	0,39	0,33	0,39	0,50	0,33	0,39	
PC	CCCPC3360	F	A079	0,28	0,56	0,33	0,33	0,28	0,33	0,33	0,44	0,33	0,28	0,72	0,39	0,39	0,39	0,44	0,50	0,44	0,44	0,44	0,50	0,56	0,67	0,50	0,50	
PC	CCCPC3359	F	A080	0,33	0,56	0,22	0,28	0,33	0,28	0,44	0,28	0,39	0,44	0,67	0,50	0,50	0,61	0,39	0,72	0,50	0,61	0,44	0,61	0,56	0,61	0,72	0,72	
PC	CCCPC3362	F	A081	0,56	0,56	0,44	0,39	0,56	0,33	0,44	0,44	0,44	0,39	0,61	0,50	0,44	0,61	0,39	0,61	0,44	0,50	0,44	0,50	0,44	0,61	0,56	0,50	
PC	CCCPC3388	F	A083	0,39	0,39	0,50	0,44	0,39	0,50	0,50	0,61	0,50	0,50	0,50	0,44	0,39	0,50	0,44	0,44	0,44	0,39	0,56	0,44	0,39	0,44	0,39	0,44	
PC	CCCPC3391	F	A084	0,56	0,50	0,50	0,28	0,56	0,44	0,56	0,61	0,39	0,67	0,50	0,50	0,50	0,61	0,56	0,56	0,50	0,50	0,61	0,44	0,56	0,61	0,39	0,56	
PC	CCCPC3394	F	A085	0,22	0,44	0,44	0,39	0,22	0,28	0,50	0,44	0,50	0,33	0,61	0,28	0,39	0,50	0,39	0,56	0,22	0,50	0,28	0,39	0,50	0,56	0,56	0,56	
PC	CCCPC3395	F	A089	0,28	0,39	0,39	0,28	0,28	0,17	0,39	0,33	0,44	0,44	0,56	0,33	0,39	0,56	0,39	0,44	0,33	0,39	0,50	0,50	0,50	0,44	0,50	0,61	
PC	CPC32799	F	A091	0,39	0,56	0,44	0,56	0,39	0,50	0,50	0,56	0,50	0,39	0,56	0,44	0,39	0,50	0,39	0,56	0,50	0,50	0,44	0,44	0,33	0,50	0,50	0,44	
PC	CPC243	F	A093	0,28	0,50	0,50	0,44	0,28	0,39	0,50	0,56	0,44	0,33	0,50	0,33	0,28	0,50	0,39	0,56	0,44	0,50	0,44	0,44	0,33	0,56	0,44	0,39	
PC	CCCPC2564	F	A094	0,33	0,61	0,17	0,44	0,33	0,33	0,39	0,39	0,39	0,28	0,78	0,44	0,44	0,50	0,39	0,56	0,50	0,39	0,56	0,50	0,56	0,56	0,72	0,61	
PC	CPC599	F	A095	0,33	0,33	0,44	0,28	0,33	0,50	0,50	0,61	0,44	0,50	0,61	0,44	0,44	0,39	0,50	0,44	0,33	0,39	0,44	0,39	0,56	0,44	0,50	0,56	

Anexo 1 (A3). Continuação.

POP			TR	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA											
ANILHA			CRAX 1515	0048	1235	046	T005	0022	0058	4900	5 viv. 11	1337	1342	0054	004/95	0066	T010	0042	0063	1340	0049	1	4	9	8	7		
S	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M		
ID	A359	A360	A361	A362	A363	A368	A370	A372	A374	A375	A376	A380	A381	A382	A383	A384	A387	A388	A391	A392	A394	A395	A398	A399				
CE	U05848	F	A001	0,44	0,44	0,50	0,50	0,61	0,61	0,50	0,39	0,56	0,44	0,56	0,39	0,61	0,56	0,72	0,44	0,44	0,50	0,44	0,44	0,50	0,67	0,50	0,67	
CE	U25124	F	A003	0,33	0,56	0,44	0,28	0,33	0,72	0,39	0,44	0,33	0,22	0,50	0,39	0,39	0,50	0,67	0,56	0,28	0,61	0,67	0,22	0,61	0,61	0,61	0,56	
CE	U03667	F	A006	0,44	0,56	0,56	0,56	0,61	0,56	0,50	0,39	0,61	0,50	0,61	0,39	0,61	0,44	0,61	0,50	0,44	0,50	0,50	0,56	0,56	0,56	0,50	0,61	
CE	U25138	F	A008	0,50	0,67	0,56	0,28	0,50	0,72	0,44	0,61	0,39	0,28	0,67	0,44	0,61	0,56	0,78	0,61	0,39	0,61	0,61	0,28	0,61	0,72	0,67	0,56	
CE	U25145	F	A010	0,44	0,50	0,61	0,56	0,61	0,67	0,61	0,39	0,67	0,56	0,50	0,39	0,67	0,50	0,56	0,44	0,50	0,61	0,56	0,50	0,50	0,61	0,50	0,61	
CE	U03695	F	A011	0,33	0,50	0,56	0,33	0,39	0,78	0,56	0,39	0,50	0,39	0,50	0,33	0,50	0,44	0,50	0,33	0,67	0,61	0,28	0,56	0,56	0,56	0,56	0,61	
CE	U05830	F	A014	0,44	0,50	0,50	0,28	0,28	0,67	0,33	0,44	0,28	0,28	0,50	0,44	0,39	0,56	0,72	0,61	0,22	0,56	0,61	0,28	0,56	0,56	0,56	0,50	
CE	U25159	F	A015	0,50	0,67	0,61	0,39	0,39	0,78	0,50	0,50	0,44	0,33	0,61	0,44	0,50	0,56	0,61	0,67	0,39	0,72	0,67	0,33	0,72	0,67	0,72	0,61	
CE	U05835	F	A018	0,33	0,44	0,44	0,50	0,56	0,61	0,50	0,33	0,56	0,44	0,50	0,39	0,50	0,50	0,56	0,44	0,39	0,50	0,50	0,44	0,50	0,61	0,50	0,67	
CE	U03669	F	A019	0,56	0,56	0,61	0,50	0,44	0,61	0,39	0,61	0,39	0,50	0,67	0,56	0,67	0,61	0,67	0,33	0,56	0,61	0,56	0,56	0,61	0,50	0,56	0,56	
CE	U22505	F	A021	0,33	0,50	0,44	0,44	0,50	0,67	0,56	0,39	0,50	0,39	0,50	0,44	0,50	0,44	0,50	0,50	0,44	0,56	0,50	0,39	0,56	0,56	0,56	0,72	
CE	U05810	F	A022	0,44	0,50	0,56	0,44	0,50	0,67	0,44	0,39	0,50	0,39	0,61	0,33	0,50	0,56	0,61	0,50	0,33	0,56	0,50	0,39	0,56	0,67	0,56	0,61	
CE	U22507	F	A025	0,39	0,56	0,50	0,50	0,56	0,72	0,61	0,44	0,56	0,44	0,56	0,50	0,56	0,50	0,56	0,50	0,61	0,44	0,44	0,61	0,61	0,61	0,61	0,78	
CE	U05946	F	A026	0,50	0,56	0,61	0,33	0,44	0,67	0,33	0,44	0,44	0,33	0,72	0,33	0,61	0,56	0,72	0,56	0,22	0,56	0,56	0,33	0,61	0,67	0,56	0,50	
CE	U22502	F	A027	0,50	0,50	0,67	0,33	0,39	0,72	0,44	0,39	0,50	0,39	0,56	0,28	0,61	0,56	0,72	0,50	0,28	0,67	0,67	0,28	0,56	0,67	0,56	0,44	
PC	CPC221	F	A062	0,44	0,39	0,61	0,44	0,39	0,61	0,61	0,50	0,50	0,50	0,56	0,39	0,56	0,56	0,50	0,50	0,33	0,56	0,56	0,39	0,44	0,56	0,44	0,44	
PC	CPC1148	F	A063	0,39	0,28	0,44	0,50	0,56	0,44	0,67	0,44	0,61	0,61	0,44	0,39	0,61	0,44	0,56	0,33	0,44	0,39	0,56	0,50	0,33	0,50	0,33	0,50	
PC	CPC1116	F	A065	0,44	0,28	0,44	0,56	0,56	0,44	0,67	0,44	0,61	0,61	0,44	0,39	0,67	0,50	0,44	0,33	0,50	0,39	0,44	0,56	0,39	0,50	0,39	0,50	
PC	CPC223	F	A066	0,44	0,56	0,72	0,56	0,56	0,67	0,67	0,50	0,61	0,56	0,67	0,39	0,67	0,39	0,50	0,39	0,44	0,39	0,56	0,50	0,56	0,67	0,56	0,44	
PC	CPC32299	F	A069	0,50	0,39	0,50	0,56	0,56	0,39	0,44	0,39	0,44	0,44	0,50	0,39	0,61	0,50	0,61	0,39	0,44	0,17	0,22	0,56	0,44	0,56	0,44	0,33	
PC	CPC31599	F	A071	0,50	0,39	0,67	0,39	0,44	0,61	0,56	0,44	0,50	0,56	0,56	0,33	0,61	0,50	0,67	0,39	0,33	0,33	0,39	0,39	0,39	0,61	0,44	0,39	
PC	CPC32899	F	A072	0,39	0,44	0,50	0,44	0,61	0,44	0,50	0,39	0,50	0,39	0,56	0,33	0,61	0,39	0,56	0,44	0,44	0,33	0,39	0,39	0,39	0,61	0,44	0,50	
PC	CPC921	F	A073	0,39	0,44	0,56	0,56	0,56	0,56	0,61	0,39	0,56	0,50	0,61	0,39	0,61	0,39	0,56	0,33	0,44	0,28	0,33	0,50	0,50	0,61	0,50	0,56	
PC	CPC1152	F	A074	0,44	0,28	0,44	0,56	0,56	0,44	0,67	0,44	0,61	0,61	0,44	0,39	0,67	0,50	0,44	0,33	0,50	0,39	0,44	0,56	0,39	0,50	0,39	0,50	
PC	CPC1154	F	A077	0,44	0,28	0,44	0,56	0,56	0,39	0,67	0,44	0,61	0,61	0,44	0,39	0,67	0,39	0,50	0,33	0,50	0,39	0,50	0,56	0,39	0,44	0,39	0,39	
PC	CCCPC3363	F	A078	0,33	0,28	0,33	0,61	0,56	0,39	0,56	0,44	0,44	0,44	0,33	0,44	0,39	0,50	0,50	0,44	0,56	0,44	0,61	0,50	0,28	0,44	0,28	0,67	
PC	CCCPC3360	F	A079	0,44	0,50	0,67	0,44	0,56	0,61	0,61	0,50	0,56	0,50	0,61	0,33	0,67	0,39	0,61	0,33	0,44	0,33	0,50	0,39	0,44	0,67	0,50	0,39	
PC	CCCPC3359	F	A080	0,56	0,44	0,72	0,44	0,28	0,61	0,50	0,39	0,44	0,50	0,56	0,33	0,61	0,50	0,61	0,44	0,28	0,39	0,39	0,44	0,56	0,56	0,56	0,28	
PC	CCCPC3362	F	A081	0,44	0,33	0,56	0,39	0,39	0,56	0,56	0,50	0,44	0,44	0,50	0,33	0,56	0,56	0,61	0,44	0,33	0,50	0,61	0,33	0,39	0,56	0,39	0,39	
PC	CCCPC3388	F	A083	0,44	0,39	0,39	0,61	0,67	0,39	0,61	0,56	0,56	0,56	0,50	0,50	0,56	0,50	0,50	0,56	0,44	0,56	0,61	0,39	0,56	0,39	0,56	0,67	
PC	CCCPC3391	F	A084	0,44	0,44	0,44	0,50	0,44	0,50	0,44	0,56	0,39	0,39	0,50	0,50	0,39	0,56	0,61	0,56	0,39	0,56	0,78	0,44	0,44	0,56	0,44	0,56	
PC	CCCPC3394	F	A085	0,39	0,39	0,61	0,56	0,50	0,56	0,56	0,33	0,56	0,56	0,44	0,44	0,56	0,44	0,56	0,39	0,39	0,33	0,39	0,50	0,39	0,50	0,39	0,39	
PC	CCCPC3395	F	A089	0,44	0,44	0,56	0,44	0,44	0,50	0,39	0,39	0,39	0,39	0,56	0,33	0,44	0,50	0,61	0,56	0,28	0,39	0,39	0,44	0,44	0,56	0,44	0,44	
PC	CPC32799	F	A091	0,44	0,33	0,44	0,61	0,61	0,44	0,67	0,50	0,61	0,61	0,44	0,44	0,67	0,50	0,44	0,33	0,56	0,39	0,50	0,61	0,39	0,50	0,39	0,50	
PC	CPC243	F	A093	0,33	0,33	0,50	0,61	0,56	0,44	0,72	0,44	0,61	0,61	0,44	0,44	0,56	0,39	0,39	0,39	0,39	0,50	0,39	0,50	0,56	0,33	0,44	0,33	0,50
PC	CCCPC2564	F	A094	0,61	0,50	0,72	0,44	0,56	0,61	0,61	0,56	0,61	0,67	0,67	0,44	0,72	0,44	0,72	0,44	0,39	0,39	0,44	0,50	0,50	0,67	0,56	0,33	
PC	CPC599	F	A095	0,44	0,50	0,50	0,61	0,67	0,56	0,56	0,50	0,56	0,50	0,56	0,50	0,61	0,44	0,61	0,39	0,56	0,39	0,56	0,56	0,50	0,67	0,50	0,67	

## Anexo 1 (B1). Continuação.

POP		CE	CE	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC												
ANILHA		U 05945	U 05954	U 05861	U 22504	U 25133	U 05959	U 05984	U 03682	U 25106	U 05834	U 05849	8387	CPC 1159	CPC 1118	CPC 1158	CPC 77200	U 03686	CPC 70301	CPC 1121	CCCP C2127	CCCP C3389	CCCP C3390	CCCP C3393		
S		M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	
ID		A002	A004	A005	A007	A009	A012	A013	A016	A017	A020	A023	A024	A061	A064	A067	A068	A070	A075	A076	A082	A086	A087	A088		
PC	CCCPC3355	F	A097	0,22	0,33	0,28	0,28	0,39	0,33	0,28	0,28	0,50	0,33	0,28	0,50	0,56	0,33	0,50	0,50	0,33	0,44	0,39	0,50	0,28	0,50	0,56
PC	CPC556	F	A098	0,39	0,50	0,50	0,44	0,44	0,39	0,39	0,33	0,56	0,39	0,33	0,44	0,39	0,28	0,28	0,50	0,28	0,50	0,50	0,33	0,22	0,28	0,44
PC	CCPC2444	F	A100	0,44	0,33	0,50	0,56	0,39	0,44	0,39	0,44	0,50	0,39	0,28	0,33	0,39	0,17	0,44	0,44	0,39	0,50	0,50	0,44	0,33	0,22	0,39
CR	CraxBR9703	F	A190	0,44	0,33	0,44	0,61	0,44	0,39	0,39	0,44	0,39	0,44	0,22	0,28	0,39	0,44	0,50	0,44	0,67	0,33	0,39	0,50	0,61	0,44	0,44
CR	CraxBR00001	F	A192	0,61	0,72	0,44	0,39	0,44	0,50	0,44	0,56	0,44	0,50	0,56	0,61	0,56	0,39	0,50	0,56	0,39	0,56	0,61	0,67	0,44	0,56	0,44
CR	TRO2201	F	A193	0,56	0,56	0,56	0,50	0,67	0,56	0,50	0,56	0,61	0,44	0,44	0,56	0,50	0,56	0,50	0,39	0,44	0,33	0,50	0,39	0,50	0,56	0,56
CR	CraxBR5301	F	A195	0,44	0,44	0,33	0,61	0,39	0,50	0,39	0,33	0,44	0,56	0,39	0,44	0,44	0,39	0,56	0,50	0,67	0,50	0,39	0,56	0,56	0,50	0,50
TR	TRO.DH1XM	F	A330	0,39	0,44	0,50	0,67	0,44	0,50	0,56	0,39	0,44	0,50	0,44	0,50	0,44	0,44	0,50	0,56	0,61	0,39	0,39	0,44	0,50	0,39	0,56
TR	TRO.08.58	F	A332	0,50	0,50	0,50	0,67	0,56	0,61	0,44	0,39	0,56	0,61	0,44	0,56	0,44	0,50	0,56	0,44	0,61	0,50	0,33	0,33	0,56	0,44	0,61
TR	TRO.C	F	A334	0,44	0,44	0,67	0,72	0,61	0,56	0,61	0,44	0,56	0,56	0,44	0,50	0,39	0,56	0,44	0,50	0,56	0,44	0,39	0,28	0,50	0,33	0,61
TR	TRO.1086	F	A335	0,56	0,56	0,33	0,50	0,61	0,67	0,39	0,44	0,61	0,67	0,50	0,61	0,56	0,33	0,50	0,56	0,44	0,61	0,39	0,44	0,39	0,50	0,44
TR	TRO DB 0500	F	A337	0,33	0,28	0,56	0,72	0,61	0,44	0,50	0,44	0,61	0,56	0,39	0,39	0,56	0,61	0,56	0,44	0,78	0,39	0,28	0,44	0,67	0,56	0,61
TR	4345R	F	A340	0,33	0,39	0,67	0,72	0,61	0,44	0,61	0,44	0,61	0,56	0,44	0,44	0,22	0,56	0,39	0,33	0,56	0,28	0,28	0,11	0,50	0,39	0,56
TR	4342R	F	A341	0,50	0,44	0,28	0,44	0,56	0,61	0,33	0,39	0,56	0,61	0,39	0,56	0,61	0,50	0,67	0,50	0,61	0,44	0,39	0,50	0,56	0,67	0,61
TR	TRO.0865	F	A342	0,50	0,44	0,44	0,61	0,72	0,61	0,56	0,56	0,72	0,72	0,56	0,50	0,56	0,39	0,39	0,56	0,44	0,67	0,44	0,50	0,44	0,56	0,33
TR	TRO.0864	F	A343	0,50	0,56	0,50	0,56	0,61	0,56	0,61	0,56	0,61	0,61	0,61	0,61	0,61	0,56	0,50	0,61	0,56	0,50	0,61	0,61	0,56	0,67	0,50
TR	TRO DB 00	F	A345	0,44	0,44	0,67	0,67	0,56	0,50	0,56	0,44	0,50	0,44	0,39	0,39	0,50	0,67	0,56	0,44	0,61	0,39	0,33	0,39	0,61	0,44	0,72
TR	TRO BR40	F	A351	0,22	0,33	0,39	0,44	0,33	0,33	0,39	0,17	0,39	0,33	0,28	0,44	0,50	0,56	0,50	0,50	0,50	0,39	0,33	0,44	0,50	0,44	0,67
TR	TRO.08.53	F	A353	0,50	0,56	0,50	0,67	0,44	0,61	0,56	0,39	0,44	0,61	0,50	0,61	0,28	0,50	0,56	0,50	0,61	0,33	0,44	0,28	0,56	0,44	0,61
TR	TRO 4711	F	A357	0,44	0,50	0,44	0,44	0,56	0,50	0,44	0,44	0,50	0,44	0,44	0,56	0,56	0,50	0,44	0,50	0,44	0,39	0,39	0,44	0,44	0,50	0,50
TR	TRO P13	F	A358	0,28	0,28	0,61	0,67	0,56	0,39	0,56	0,39	0,50	0,50	0,39	0,39	0,39	0,72	0,50	0,39	0,72	0,22	0,28	0,28	0,67	0,50	0,67
GA	T004	F	A364	0,56	0,61	0,50	0,61	0,39	0,61	0,61	0,39	0,39	0,67	0,61	0,67	0,56	0,61	0,56	0,67	0,67	0,56	0,61	0,61	0,67	0,56	0,61
GA	0014	F	A365	0,56	0,50	0,39	0,61	0,67	0,61	0,50	0,56	0,61	0,67	0,50	0,56	0,56	0,44	0,50	0,56	0,67	0,50	0,44	0,61	0,56	0,61	0,39
GA	0043	F	A366	0,33	0,44	0,44	0,61	0,39	0,44	0,50	0,33	0,39	0,44	0,39	0,50	0,33	0,39	0,44	0,44	0,56	0,33	0,33	0,39	0,44	0,33	0,50
GA	0053	F	A367	0,56	0,50	0,56	0,83	0,61	0,67	0,61	0,56	0,61	0,67	0,50	0,56	0,50	0,39	0,56	0,61	0,67	0,61	0,50	0,56	0,56	0,44	0,50
GA	0045	F	A369	0,50	0,50	0,28	0,50	0,56	0,61	0,44	0,44	0,56	0,61	0,44	0,61	0,61	0,39	0,56	0,56	0,56	0,50	0,44	0,61	0,50	0,61	0,44
GA	1341	F	A371	0,61	0,56	0,50	0,67	0,50	0,67	0,56	0,44	0,50	0,72	0,56	0,61	0,61	0,50	0,50	0,67	0,61	0,72	0,56	0,61	0,61	0,50	0,50
GA	0065	F	A373	0,56	0,56	0,50	0,56	0,44	0,67	0,61	0,39	0,39	0,56	0,56	0,61	0,39	0,56	0,44	0,61	0,61	0,50	0,50	0,44	0,50	0,33	0,50
GA	001	F	A377	0,44	0,50	0,56	0,72	0,50	0,50	0,61	0,44	0,50	0,56	0,50	0,50	0,39	0,50	0,50	0,56	0,67	0,44	0,50	0,50	0,56	0,44	0,56
GA	1338	F	A378	0,44	0,50	0,44	0,56	0,56	0,44	0,61	0,56	0,50	0,67	0,61	0,56	0,50	0,39	0,67	0,61	0,44	0,50	0,50	0,61	0,56	0,61	0,33
GA	0052	F	A379	0,39	0,44	0,39	0,56	0,56	0,50	0,56	0,50	0,50	0,61	0,56	0,56	0,44	0,50	0,44	0,56	0,61	0,33	0,39	0,50	0,56	0,61	0,39
GA	0060	F	A385	0,72	0,67	0,39	0,56	0,61	0,78	0,50	0,56	0,56	0,72	0,61	0,67	0,72	0,44	0,61	0,61	0,56	0,72	0,67	0,72	0,56	0,67	0,50
GA	0064	F	A386	0,61	0,56	0,56	0,78	0,56	0,61	0,67	0,56	0,50	0,72	0,56	0,56	0,39	0,44	0,39	0,56	0,61	0,56	0,50	0,50	0,61	0,44	0,33
GA	0015	F	A389	0,67	0,72	0,67	0,61	0,72	0,61	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,56	0,44	0,39	0,67	0,39	0,72	0,72	0,56	0,39	0,50	0,44
GA	0U01333	F	A390	0,39	0,39	0,50	0,56	0,56	0,50	0,44	0,39	0,50	0,50	0,39	0,50	0,44	0,61	0,44	0,44	0,61	0,28	0,33	0,33	0,56	0,50	0,61
GA	2	F	A393	0,50	0,56	0,56	0,67	0,44	0,56	0,67	0,44	0,39	0,61	0,56	0,61	0,33	0,44	0,28	0,56	0,50	0,44	0,44	0,39	0,50	0,33	0,33
GA	6	F	A396	0,39	0,39	0,33	0,44	0,44	0,44	0,33	0,33	0,44	0,50	0,33	0,50	0,61	0,44	0,39	0,50	0,50	0,50	0,33	0,56	0,50	0,50	0,44
GA	5 (s/ viveiro)	F	A397	0,56	0,50	0,56	0,72	0,56	0,56	0,50	0,56	0,50	0,56	0,39	0,39	0,44	0,44	0,50	0,44	0,72	0,39	0,33	0,50	0,61	0,44	0,44

Anexo 1 (B2). Continuação.

POP			PC	PC	PC	PC	CR	CR	CR	CR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR		
ANILHA			ZMN 0183	CPC 1105	CPC 1122	CPC 29399	Prov77 verm.	CraxBR 00002	TRO 2301	Prov81 verm.	TRO.Q	TRO. 08.66	TRO. M11	TRO. 0863	TRO 1087	TRO. 0862	TRO. DH2	TRO BR 43	4328R	TRO BR60	TRO BR63	TRO BR38	TRO. 08.69	TRO. 08.97	4333R	TRO 0852	
S	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	
ID	A090	A092	A096	A099	A189	A191	A194	A196	A329	A331	A333	A336	A338	A339	A344	A346	A347	A348	A349	A350	A352	A354	A355	A356			
PC	CCCPC3355	F	A097	0,56	0,33	0,39	0,22	0,56	0,33	0,39	0,44	0,39	0,50	0,67	0,44	0,56	0,56	0,50	0,44	0,33	0,33	0,44	0,44	0,67	0,44	0,56	0,67
PC	CPC556	F	A098	0,44	0,39	0,56	0,22	0,44	0,39	0,44	0,56	0,56	0,50	0,44	0,50	0,39	0,56	0,44	0,56	0,44	0,44	0,56	0,44	0,44	0,50	0,39	0,44
PC	CCPC2444	F	A100	0,44	0,50	0,61	0,44	0,44	0,39	0,56	0,50	0,72	0,50	0,50	0,56	0,50	0,61	0,33	0,61	0,22	0,56	0,39	0,33	0,44	0,61	0,44	0,39
CR	CraxBR9703	F	A190	0,39	0,44	0,44	0,50	0,39	0,28	0,33	0,33	0,61	0,39	0,56	0,44	0,44	0,50	0,28	0,39	0,22	0,33	0,33	0,28	0,44	0,39	0,50	0,50
CR	CraxBR00001	F	A192	0,50	0,56	0,33	0,33	0,39	0,44	0,44	0,28	0,50	0,61	0,61	0,67	0,61	0,67	0,50	0,72	0,56	0,61	0,61	0,72	0,61	0,44	0,78	0,67
CR	TRO2201	F	A193	0,56	0,56	0,33	0,39	0,44	0,50	0,28	0,44	0,33	0,39	0,72	0,50	0,39	0,50	0,61	0,39	0,61	0,28	0,72	0,56	0,56	0,44	0,72	0,56
CR	CraxBR5301	F	A195	0,50	0,50	0,56	0,50	0,50	0,28	0,56	0,28	0,67	0,44	0,33	0,44	0,50	0,56	0,11	0,50	0,28	0,44	0,39	0,33	0,44	0,33	0,44	0,33
TR	TRO.DH1XM	F	A330	0,39	0,44	0,56	0,44	0,39	0,33	0,50	0,50	0,56	0,44	0,39	0,33	0,39	0,39	0,22	0,33	0,22	0,33	0,39	0,22	0,39	0,44	0,28	0,39
TR	TRO.08.58	F	A332	0,67	0,56	0,67	0,61	0,67	0,44	0,50	0,44	0,56	0,39	0,39	0,50	0,50	0,56	0,28	0,33	0,50	0,33	0,61	0,39	0,44	0,28	0,39	0,22
TR	TRO.C	F	A334	0,56	0,50	0,61	0,56	0,56	0,50	0,56	0,61	0,44	0,44	0,33	0,39	0,33	0,39	0,33	0,17	0,50	0,22	0,61	0,33	0,28	0,33	0,28	0,28
TR	TRO.1086	F	A335	0,72	0,61	0,56	0,44	0,72	0,39	0,33	0,39	0,56	0,50	0,56	0,67	0,61	0,67	0,44	0,56	0,50	0,44	0,61	0,39	0,61	0,50	0,50	0,39
TR	TRODB0500	F	A337	0,50	0,50	0,61	0,56	0,50	0,39	0,50	0,50	0,44	0,22	0,50	0,28	0,39	0,39	0,33	0,28	0,33	0,33	0,33	0,39	0,44	0,39	0,50	0,33
TR	4345R	F	A340	0,50	0,50	0,44	0,56	0,50	0,50	0,56	0,67	0,50	0,28	0,44	0,39	0,22	0,39	0,39	0,33	0,56	0,17	0,56	0,39	0,28	0,44	0,44	0,39
TR	4342R	F	A341	0,72	0,56	0,44	0,44	0,72	0,33	0,33	0,28	0,50	0,33	0,61	0,56	0,50	0,61	0,44	0,39	0,50	0,22	0,61	0,44	0,67	0,39	0,72	0,44
TR	TRO.0865	F	A342	0,61	0,61	0,56	0,44	0,61	0,44	0,50	0,56	0,33	0,56	0,56	0,50	0,50	0,56	0,50	0,56	0,50	0,61	0,50	0,44	0,50	0,61	0,33	0,50
TR	TRO.0864	F	A343	0,50	0,56	0,44	0,39	0,44	0,44	0,56	0,44	0,22	0,44	0,50	0,28	0,39	0,50	0,56	0,50	0,56	0,56	0,50	0,61	0,39	0,44	0,50	0,56
TR	TRO DB 00	F	A345	0,44	0,44	0,50	0,44	0,39	0,50	0,44	0,56	0,28	0,33	0,50	0,39	0,28	0,22	0,39	0,17	0,50	0,22	0,61	0,39	0,33	0,22	0,44	0,33
TR	TRO BR40	F	A351	0,44	0,22	0,56	0,33	0,44	0,28	0,44	0,50	0,39	0,39	0,44	0,28	0,39	0,39	0,33	0,22	0,33	0,22	0,44	0,39	0,50	0,22	0,28	0,50
TR	TRO.08.53	F	A353	0,56	0,56	0,50	0,61	0,56	0,44	0,61	0,50	0,67	0,44	0,33	0,50	0,39	0,56	0,33	0,39	0,50	0,22	0,67	0,39	0,39	0,39	0,44	0,33
TR	TRO 4711	F	A357	0,50	0,44	0,39	0,33	0,44	0,39	0,22	0,44	0,28	0,39	0,72	0,44	0,44	0,56	0,39	0,44	0,33	0,56	0,44	0,56	0,44	0,56	0,39	0,56
TR	TRO P13	F	A358	0,44	0,44	0,44	0,56	0,44	0,44	0,50	0,61	0,44	0,22	0,56	0,28	0,22	0,28	0,44	0,22	0,44	0,11	0,44	0,39	0,39	0,39	0,56	0,50
GA	T004	F	A364	0,50	0,50	0,67	0,56	0,50	0,44	0,78	0,50	0,61	0,61	0,22	0,39	0,44	0,61	0,33	0,50	0,44	0,50	0,56	0,50	0,50	0,44	0,44	0,39
GA	0014	F	A365	0,56	0,61	0,39	0,44	0,56	0,28	0,44	0,22	0,39	0,44	0,50	0,28	0,56	0,67	0,28	0,44	0,39	0,44	0,39	0,44	0,44	0,44	0,44	0,56
GA	0043	F	A366	0,33	0,39	0,44	0,39	0,33	0,22	0,50	0,44	0,56	0,39	0,44	0,33	0,33	0,50	0,17	0,39	0,28	0,28	0,44	0,33	0,39	0,39	0,39	0,50
GA	0053	F	A367	0,44	0,61	0,72	0,61	0,56	0,39	0,67	0,56	0,72	0,56	0,44	0,50	0,56	0,61	0,28	0,56	0,33	0,56	0,50	0,39	0,44	0,61	0,39	0,39
GA	0045	F	A369	0,56	0,50	0,44	0,33	0,56	0,17	0,39	0,22	0,39	0,39	0,50	0,28	0,50	0,67	0,28	0,44	0,39	0,39	0,44	0,44	0,50	0,44	0,50	0,56
GA	1341	F	A371	0,61	0,56	0,83	0,61	0,61	0,44	0,72	0,56	0,72	0,61	0,22	0,44	0,56	0,67	0,39	0,61	0,44	0,61	0,44	0,39	0,44	0,56	0,33	0,33
GA	0065	F	A373	0,44	0,56	0,61	0,61	0,44	0,44	0,72	0,61	0,61	0,67	0,33	0,44	0,44	0,50	0,44	0,39	0,50	0,44	0,67	0,44	0,44	0,50	0,28	0,44
GA	001	F	A377	0,44	0,50	0,50	0,50	0,44	0,39	0,67	0,44	0,56	0,50	0,28	0,33	0,39	0,50	0,17	0,39	0,33	0,39	0,44	0,39	0,33	0,39	0,39	0,39
GA	1338	F	A378	0,44	0,56	0,33	0,44	0,44	0,33	0,56	0,39	0,39	0,50	0,61	0,39	0,50	0,61	0,44	0,50	0,44	0,50	0,39	0,61	0,50	0,50	0,61	0,78
GA	0052	F	A379	0,39	0,56	0,28	0,44	0,39	0,33	0,50	0,44	0,28	0,50	0,72	0,33	0,50	0,56	0,50	0,44	0,44	0,44	0,50	0,56	0,56	0,50	0,56	0,78
GA	0060	F	A385	0,67	0,67	0,61	0,44	0,61	0,44	0,56	0,33	0,44	0,56	0,39	0,50	0,50	0,67	0,44	0,67	0,56	0,67	0,61	0,50	0,50	0,50	0,56	0,33
GA	0064	F	A386	0,50	0,56	0,61	0,61	0,50	0,33	0,67	0,44	0,61	0,50	0,28	0,39	0,44	0,67	0,17	0,50	0,39	0,50	0,44	0,44	0,33	0,50	0,39	0,39
GA	0015	F	A389	0,72	0,61	0,56	0,44	0,67	0,61	0,61	0,50	0,44	0,61	0,39	0,61	0,50	0,61	0,50	0,61	0,67	0,61	0,67	0,67	0,39	0,50	0,56	0,39
GA	0U01333	F	A390	0,50	0,44	0,39	0,44	0,50	0,33	0,39	0,50	0,39	0,33	0,56	0,33	0,33	0,44	0,44	0,22	0,44	0,11	0,56	0,39	0,50	0,39	0,56	0,50
GA	2	F	A393	0,33	0,44	0,56	0,50	0,33	0,33	0,67	0,61	0,56	0,56	0,33	0,33	0,39	0,61	0,33	0,50	0,39	0,44	0,50	0,44	0,39	0,56	0,33	0,50
GA	6	F	A396	0,50	0,33	0,56	0,33	0,50	0,11	0,33	0,39	0,50	0,33	0,56	0,39	0,44	0,61	0,33	0,44	0,33	0,33	0,39	0,44	0,61	0,44	0,56	0,56
GA	5 (s/ viveiro)	F	A397	0,17	0,56	0,44	0,44	0,28	0,33	0,50	0,44	0,56	0,44	0,67	0,44	0,50	0,56	0,33	0,56	0,33	0,50	0,50	0,44	0,56	0,56	0,61	0,56

Anexo 1 (B3). Continuação.

POP			TR	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA	GA										
ANILHA			CRAX 1515	0048	1235	046	T005	0022	0058	4900	5 viv. 11	1337	1342	0054	004/95	0066	T010	0042	0063	1340	0049	1	4	9	8	7	
S	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	
ID	A359	A360	A361	A362	A363	A368	A370	A372	A374	A375	A376	A380	A381	A382	A383	A384	A387	A388	A391	A392	A394	A395	A398	A399			
PC	CCCPC3355	F	A097	0,50	0,50	0,56	0,33	0,44	0,61	0,33	0,44	0,39	0,28	0,61	0,33	0,56	0,56	0,78	0,50	0,28	0,50	0,61	0,28	0,56	0,72	0,56	0,44
PC	CPC556	F	A098	0,39	0,33	0,44	0,61	0,50	0,50	0,61	0,44	0,50	0,50	0,44	0,44	0,39	0,56	0,44	0,56	0,50	0,56	0,56	0,50	0,39	0,50	0,39	0,72
PC	CCPC2444	F	A100	0,39	0,22	0,44	0,61	0,50	0,44	0,61	0,44	0,50	0,61	0,28	0,50	0,44	0,56	0,44	0,50	0,50	0,50	0,56	0,56	0,22	0,39	0,22	0,61
CR	CraxBR9703	F	A190	0,39	0,33	0,44	0,44	0,50	0,50	0,44	0,33	0,50	0,50	0,39	0,33	0,61	0,50	0,56	0,39	0,33	0,39	0,39	0,50	0,39	0,50	0,39	0,44
CR	CraxBR00001	F	A192	0,61	0,56	0,61	0,44	0,33	0,61	0,50	0,56	0,33	0,39	0,56	0,44	0,56	0,56	0,67	0,44	0,50	0,50	0,44	0,67	0,61	0,67	0,50	
CR	TRO2201	F	A193	0,61	0,72	0,67	0,44	0,67	0,67	0,50	0,67	0,56	0,44	0,78	0,50	0,72	0,56	0,67	0,67	0,44	0,61	0,61	0,44	0,67	0,83	0,72	0,44
CR	CraxBR5301	F	A195	0,17	0,11	0,28	0,39	0,17	0,39	0,44	0,22	0,22	0,33	0,22	0,33	0,44	0,39	0,39	0,39	0,44	0,28	0,22	0,22	0,22	0,22	0,50	
TR	TRO.DH1XM	F	A330	0,28	0,22	0,33	0,50	0,39	0,33	0,39	0,33	0,28	0,39	0,39	0,44	0,50	0,56	0,39	0,44	0,33	0,44	0,39	0,17	0,39	0,22	0,56	
TR	TRO.08.58	F	A332	0,28	0,28	0,28	0,39	0,44	0,44	0,61	0,44	0,44	0,44	0,39	0,44	0,56	0,39	0,39	0,50	0,61	0,61	0,33	0,22	0,33	0,33	0,67	
TR	TRO.C	F	A334	0,33	0,33	0,22	0,56	0,61	0,33	0,50	0,50	0,44	0,44	0,44	0,50	0,50	0,50	0,50	0,39	0,56	0,50	0,56	0,50	0,22	0,44	0,33	0,67
TR	TRO.1086	F	A335	0,39	0,39	0,44	0,22	0,33	0,61	0,56	0,56	0,39	0,39	0,44	0,39	0,50	0,56	0,56	0,33	0,67	0,78	0,22	0,39	0,50	0,44	0,56	
TR	TRODB0500	F	A337	0,33	0,39	0,50	0,50	0,56	0,56	0,50	0,33	0,50	0,39	0,56	0,39	0,72	0,44	0,50	0,22	0,50	0,44	0,44	0,33	0,28	0,44	0,39	0,44
TR	4345R	F	A340	0,44	0,39	0,39	0,56	0,67	0,44	0,67	0,56	0,61	0,61	0,50	0,50	0,56	0,50	0,61	0,44	0,56	0,44	0,50	0,56	0,39	0,56	0,44	0,56
TR	4342R	F	A341	0,39	0,56	0,56	0,17	0,39	0,72	0,50	0,50	0,44	0,33	0,56	0,33	0,61	0,39	0,67	0,56	0,28	0,67	0,67	0,17	0,56	0,61	0,61	0,39
TR	TRO.0865	F	A342	0,39	0,39	0,44	0,50	0,39	0,61	0,44	0,50	0,39	0,39	0,56	0,50	0,56	0,61	0,56	0,33	0,39	0,61	0,72	0,39	0,33	0,50	0,39	0,50
TR	TRO.0864	F	A343	0,56	0,61	0,56	0,50	0,50	0,67	0,39	0,44	0,39	0,33	0,78	0,56	0,67	0,67	0,61	0,50	0,44	0,56	0,50	0,44	0,56	0,61	0,61	0,44
TR	TRO DB 00	F	A345	0,39	0,50	0,39	0,56	0,67	0,50	0,50	0,50	0,50	0,44	0,61	0,50	0,67	0,44	0,56	0,33	0,56	0,44	0,50	0,50	0,39	0,61	0,50	0,67
TR	TRO BR40	F	A351	0,28	0,33	0,33	0,44	0,44	0,50	0,33	0,22	0,39	0,28	0,56	0,33	0,56	0,44	0,56	0,28	0,33	0,44	0,44	0,33	0,33	0,50	0,39	0,61
TR	TRO.08.53	F	A353	0,39	0,33	0,28	0,44	0,50	0,39	0,61	0,56	0,44	0,56	0,33	0,56	0,39	0,44	0,56	0,61	0,50	0,50	0,56	0,50	0,33	0,39	0,39	0,61
TR	TRO 4711	F	A357	0,56	0,61	0,61	0,33	0,56	0,61	0,39	0,56	0,44	0,33	0,72	0,39	0,67	0,56	0,72	0,56	0,33	0,50	0,61	0,33	0,56	0,78	0,61	0,44
TR	TRO P13	F	A358	0,44	0,56	0,50	0,50	0,72	0,56	0,56	0,50	0,61	0,50	0,61	0,44	0,67	0,44	0,72	0,39	0,50	0,39	0,44	0,50	0,50	0,67	0,56	0,44
GA	T004	F	A364	0,28	0,39	0,39	0,61	0,33	0,33	0,56	0,39	0,33	0,44	0,33	0,56	0,33	0,33	0,33	0,56	0,56	0,50	0,50	0,50	0,39	0,22	0,33	0,56
GA	0014	F	A365	0,44	0,39	0,50	0,28	0,33	0,44	0,33	0,28	0,33	0,28	0,56	0,28	0,67	0,44	0,61	0,44	0,28	0,44	0,50	0,28	0,44	0,50	0,44	0,22
GA	0043	F	A366	0,33	0,22	0,39	0,44	0,39	0,28	0,44	0,33	0,33	0,44	0,33	0,33	0,39	0,39	0,61	0,44	0,33	0,28	0,39	0,44	0,28	0,44	0,22	0,44
GA	0053	F	A367	0,33	0,17	0,39	0,61	0,44	0,22	0,44	0,39	0,44	0,56	0,28	0,50	0,33	0,50	0,44	0,44	0,50	0,39	0,61	0,50	0,17	0,33	0,11	0,56
GA	0045	F	A369	0,39	0,39	0,56	0,22	0,28	0,56	0,39	0,22	0,39	0,33	0,61	0,28	0,61	0,44	0,61	0,50	0,17	0,56	0,50	0,22	0,44	0,50	0,44	0,33
GA	1341	F	A371	0,22	0,28	0,28	0,50	0,33	0,39	0,67	0,28	0,44	0,50	0,22	0,50	0,33	0,33	0,28	0,50	0,56	0,61	0,67	0,44	0,28	0,22	0,22	0,61
GA	0065	F	A373	0,33	0,39	0,28	0,56	0,50	0,39	0,61	0,56	0,44	0,56	0,33	0,61	0,33	0,44	0,56	0,61	0,50	0,44	0,56	0,61	0,39	0,39	0,39	0,67
GA	001	F	A377	0,33	0,22	0,33	0,61	0,39	0,28	0,39	0,33	0,28	0,39	0,39	0,44	0,50	0,50	0,39	0,39	0,50	0,33	0,39	0,50	0,28	0,28	0,28	0,50
GA	1338	F	A378	0,61	0,50	0,56	0,44	0,39	0,44	0,28	0,44	0,28	0,28	0,50	0,33	0,50	0,56	0,78	0,44	0,33	0,33	0,39	0,44	0,50	0,61	0,50	0,17
GA	0052	F	A379	0,61	0,56	0,56	0,39	0,50	0,50	0,28	0,56	0,33	0,33	0,61	0,44	0,56	0,56	0,89	0,44	0,28	0,33	0,50	0,44	0,50	0,72	0,50	0,22
GA	0060	F	A385	0,33	0,50	0,50	0,39	0,28	0,67	0,50	0,44	0,33	0,39	0,56	0,56	0,56	0,50	0,39	0,61	0,44	0,72	0,72	0,33	0,50	0,33	0,44	0,56
GA	0064	F	A386	0,33	0,17	0,39	0,61	0,33	0,22	0,56	0,28	0,44	0,56	0,28	0,39	0,44	0,39	0,28	0,44	0,44	0,44	0,44	0,56	0,22	0,17	0,22	0,44
GA	0015	F	A389	0,56	0,44	0,50	0,67	0,44	0,44	0,44	0,56	0,39	0,39	0,56	0,44	0,56	0,67	0,39	0,61	0,61	0,67	0,56	0,50	0,50	0,39	0,44	0,56
GA	0U01333	F	A390	0,44	0,56	0,50	0,39	0,61	0,50	0,44	0,50	0,50	0,39	0,61	0,33	0,56	0,39	0,72	0,50	0,39	0,44	0,56	0,39	0,50	0,67	0,56	0,39
GA	2	F	A393	0,39	0,28	0,39	0,61	0,44	0,22	0,56	0,39	0,44	0,56	0,33	0,44	0,33	0,39	0,50	0,56	0,44	0,33	0,50	0,61	0,28	0,33	0,28	0,50
GA	6	F	A396	0,33	0,39	0,61	0,33	0,33	0,56	0,50	0,22	0,50	0,39	0,50	0,11	0,50	0,33	0,56	0,44	0,22	0,50	0,50	0,28	0,44	0,50	0,44	0,39
GA	5 (s/ viveiro)	F	A397	0,44	0,39	0,61	0,56	0,56	0,33	0,50	0,44	0,56	0,61	0,44	0,44	0,50	0,33	0,61	0,44	0,44	0,22	0,50	0,56	0,39	0,56	0,33	0,44

Anexo 2. Pareamento de fêmeas e machos da população da CESP utilizando-se a medida de (1-Ps).

POP			CE	CE											
	ANILHA		U05945	U05954	U05861	U22504	U25133	U05959	U05984	U03682	U25106	U05834	U05849	8387	
	S		M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	
	ID		A002	A004	A005	A007	A009	A012	A013	A016	A017	A020	A023	A024	
CE	U05848	F	A001	0,17	0,22	0,44	0,28	0,28	0,28	0,33	0,17	0,44	0,11	0,22	0,39
CE	U25124	F	A003	0,33	0,39	0,17	0,22	0,33	0,44	0,28	0,17	0,44	0,44	0,33	0,50
CE	U03667	F	A006	0,33	0,39	0,56	0,44	0,28	0,33	0,44	0,33	0,11	0,39	0,33	0,50
CE	U25138	F	A008	0,50	0,50	0,39	0,28	0,50	0,61	0,44	0,33	0,50	0,44	0,56	0,61
CE	U25145	F	A010	0,33	0,22	0,50	0,39	0,33	0,28	0,28	0,33	0,44	0,28	0,17	0,28
CE	U03695	F	A011	0,39	0,33	0,22	0,22	0,28	0,39	0,11	0,17	0,44	0,33	0,22	0,33
CE	U05830	F	A014	0,39	0,44	0,11	0,22	0,22	0,50	0,33	0,17	0,39	0,44	0,44	0,56
CE	U25159	F	A015	0,39	0,44	0,28	0,11	0,22	0,39	0,28	0,22	0,39	0,33	0,39	0,56
CE	U05835	F	A018	0,22	0,28	0,39	0,39	0,28	0,28	0,33	0,17	0,39	0,22	0,17	0,33
CE	U03669	F	A019	0,61	0,61	0,44	0,44	0,50	0,61	0,56	0,50	0,44	0,44	0,56	0,56
CE	U22505	F	A021	0,28	0,33	0,33	0,22	0,17	0,28	0,22	0,06	0,33	0,22	0,22	0,33
CE	U05810	F	A022	0,28	0,33	0,33	0,22	0,28	0,28	0,22	0,17	0,44	0,22	0,22	0,33
CE	U22507	F	A025	0,33	0,39	0,39	0,17	0,22	0,33	0,28	0,11	0,39	0,17	0,28	0,39
CE	U05946	F	A026	0,39	0,50	0,33	0,33	0,39	0,44	0,39	0,33	0,33	0,44	0,39	0,56
CE	U22502	F	A027	0,33	0,28	0,28	0,28	0,39	0,39	0,28	0,33	0,56	0,39	0,28	0,44

POP: População, S: Sexo, ID: Identificação. Vermelho: como os casais estão pareados neste plantel. Azul: uma indicação de melhores acasalamentos buscando parear indivíduos com a menor proporção de alelos compartilhados, ou seja, que apresentam maiores valores de (1-Ps). Verde: quando a melhor sugestão de pareamento tiver o mesmo valor do pareamento atual.

Anexo 3. Pareamento de fêmeas e machos da população de Poços de Caldas utilizando-se a medida de (1-Ps).

POP			PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	PC	
			CPC 1159	CPC 1118	CPC 1158	CPC 77200	U03686	CPC 70301	CPC 1121	CCCPC2127	CCCPC3389	CCCPC3390	CCCPC3393	ZMN 0183	CPC 1105	CPC 1122	CPC 29399	
		S	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	
		ID	A061	A064	A067	A068	A070	A075	A076	A082	A086	A087	A088	A090	A092	A096	A099	
PC	CPC221	F	A062	0,39	0,22	0,22	0,39	0,33	0,50	0,39	0,33	0,28	0,39	0,17	0,44	0,56	0,39	0,28
PC	CPC1148	F	A063	0,28	0,39	0,33	0,22	0,50	0,39	0,17	0,22	0,44	0,33	0,39	0,44	0,44	0,50	0,56
PC	CPC1116	F	A065	0,17	0,39	0,22	0,22	0,50	0,33	0,22	0,17	0,44	0,33	0,28	0,39	0,50	0,39	0,50
PC	CPC223	F	A066	0,50	0,50	0,28	0,28	0,50	0,44	0,28	0,44	0,56	0,50	0,33	0,28	0,56	0,39	0,33
PC	CPC32299	F	A069	0,22	0,50	0,28	0,39	0,67	0,17	0,33	0,33	0,56	0,39	0,33	0,17	0,44	0,28	0,44
PC	CPC31599	F	A071	0,39	0,33	0,39	0,39	0,61	0,28	0,22	0,39	0,50	0,50	0,33	0,28	0,56	0,28	0,33
PC	CPC32899	F	A072	0,39	0,50	0,33	0,39	0,56	0,22	0,28	0,28	0,44	0,28	0,50	0,28	0,33	0,44	0,33
PC	CPC921	F	A073	0,33	0,50	0,28	0,33	0,50	0,28	0,22	0,28	0,44	0,33	0,44	0,17	0,33	0,33	0,22
PC	CPC1152	F	A074	0,17	0,39	0,22	0,22	0,50	0,33	0,22	0,17	0,44	0,33	0,28	0,39	0,50	0,39	0,50
PC	CPC1154	F	A077	0,17	0,50	0,33	0,22	0,61	0,33	0,22	0,17	0,56	0,44	0,39	0,50	0,56	0,39	0,61
PC	CCCPC3363	F	A078	0,44	0,33	0,39	0,50	0,33	0,56	0,44	0,39	0,28	0,17	0,56	0,50	0,39	0,67	0,39
PC	CCCPC3360	F	A079	0,44	0,44	0,28	0,33	0,61	0,33	0,17	0,33	0,50	0,44	0,33	0,28	0,56	0,33	0,33
PC	CCCPC3359	F	A080	0,44	0,33	0,33	0,50	0,50	0,44	0,39	0,56	0,50	0,61	0,17	0,33	0,56	0,22	0,28
PC	CCCPC3362	F	A081	0,44	0,22	0,33	0,39	0,39	0,56	0,33	0,39	0,28	0,39	0,28	0,56	0,56	0,44	0,39
PC	CCCPC3388	F	A083	0,28	0,39	0,28	0,33	0,33	0,39	0,39	0,22	0,33	0,11	0,44	0,39	0,39	0,50	0,44
PC	CCCPC3391	F	A084	0,50	0,33	0,33	0,61	0,22	0,61	0,50	0,44	0,28	0,39	0,39	0,56	0,50	0,50	0,28
PC	CCCPC3394	F	A085	0,39	0,39	0,39	0,39	0,61	0,28	0,33	0,44	0,56	0,50	0,33	0,22	0,44	0,44	0,39
PC	CCCPC3395	F	A089	0,44	0,39	0,33	0,56	0,44	0,33	0,50	0,50	0,44	0,33	0,39	0,28	0,39	0,39	0,28
PC	CPC32799	F	A091	0,22	0,44	0,22	0,28	0,56	0,39	0,28	0,22	0,50	0,33	0,28	0,39	0,56	0,44	0,56
PC	CPC243	F	A093	0,28	0,39	0,17	0,28	0,50	0,39	0,28	0,22	0,44	0,28	0,22	0,28	0,50	0,50	0,44
PC	CCCPC2564	F	A094	0,28	0,44	0,44	0,28	0,67	0,17	0,22	0,28	0,61	0,61	0,39	0,33	0,61	0,17	0,44
PC	CPC599	F	A095	0,44	0,44	0,44	0,39	0,39	0,39	0,33	0,39	0,39	0,28	0,61	0,33	0,33	0,44	0,28
PC	CCCPC3355	F	A097	0,56	0,33	0,50	0,50	0,33	0,44	0,39	0,50	0,28	0,50	0,56	0,56	0,33	0,39	0,22
PC	CPC556	F	A098	0,39	0,28	0,28	0,50	0,28	0,50	0,50	0,33	0,22	0,28	0,44	0,44	0,39	0,56	0,22
PC	CCPC2444	F	A100	0,39	0,17	0,44	0,44	0,39	0,50	0,50	0,44	0,33	0,22	0,39	0,44	0,50	0,61	0,44

POP: População, S: Sexo, ID: Identificação. Vermelho: como os casais estão pareados neste plantel. Azul: uma indicação de melhores acasalamentos buscando parear indivíduos com a menor proporção de alelos compartilhados, ou seja, que apresentam maiores valores de (1-Ps). Verde: quando a melhor sugestão de pareamento tiver o mesmo valor do pareamento atual.

Anexo 4. Pareamento de fêmeas e machos da população da Crax Brasil utilizando-se a medida de (1-Ps).

POP		CR	CR	CR	CR		
ANILHA		Prov. 77 (vermelha)	CRA XBRASIL 00002	TRO2301	Prov. 81 (vermelha)		
		S	M	M	M	M	
		ID	A189	A191	A194	A196	
CR	CRA XBRASIL9703	F	A190	0,39	0,28	0,33	0,33
CR	CRA XBRASIL00001	F	A192	0,39	0,44	0,44	0,28
CR	TRO2201	F	A193	0,44	0,50	0,28	0,44
CR	CRA XBRASIL5301	F	A195	0,50	0,28	0,56	0,28

POP: População, S: Sexo, ID: Identificação. Vermelho: como os casais estão pareados neste plantel. Azul: uma indicação de melhores acasalamentos buscando parear indivíduos com a menor proporção de alelos compartilhados, ou seja, que apresentam maiores valores de (1-Ps). Verde: quando a melhor sugestão de pareamento tiver o mesmo valor do pareamento atual.

Anexo 5. Pareamento de fêmeas e machos da população do Criadouro Tropicus utilizando-se a medida de (1-Ps).

POP			TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	TR	
ANILHA			TRO.Q	TRO.08.66	TRO.M11	TRO.0863	TRO 1087	TRO.0862	TRO.DH2	TRO BR 43	4328R	TRO BR60	TRO BR63	TRO BR38	TRO.08.69	TRO.08.97	4333R	TRO 0852	CRAX 1515	
	S		M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M	M
	ID		A329	A331	A333	A336	A338	A339	A344	A346	A347	A348	A349	A350	A352	A354	A355	A356	A359	
TR	TRO.DH1XM	F	A330	0,56	0,44	0,39	0,33	0,39	0,39	0,22	0,33	0,22	0,33	0,39	0,22	0,39	0,44	0,28	0,39	0,28
TR	TRO.08.58	F	A332	0,56	0,39	0,39	0,50	0,50	0,56	0,28	0,33	0,50	0,33	0,61	0,39	0,44	0,28	0,39	0,22	0,28
TR	TRO.C	F	A334	0,44	0,44	0,33	0,39	0,33	0,39	0,33	0,17	0,50	0,22	0,61	0,33	0,28	0,33	0,28	0,28	0,33
TR	TRO.1086	F	A335	0,56	0,50	0,56	0,67	0,61	0,67	0,44	0,56	0,50	0,44	0,61	0,39	0,61	0,50	0,50	0,39	0,39
TR	TRO DB 0500	F	A337	0,44	0,22	0,50	0,28	0,39	0,39	0,33	0,28	0,33	0,33	0,33	0,39	0,44	0,39	0,50	0,33	0,33
TR	4345R	F	A340	0,50	0,28	0,44	0,39	0,22	0,39	0,39	0,33	0,56	0,17	0,56	0,39	0,28	0,44	0,44	0,39	0,44
TR	4342R	F	A341	0,50	0,33	0,61	0,56	0,50	0,61	0,44	0,39	0,50	0,22	0,61	0,44	0,67	0,39	0,72	0,44	0,39
TR	TRO.0865	F	A342	0,33	0,56	0,56	0,50	0,50	0,56	0,50	0,56	0,50	0,61	0,50	0,44	0,50	0,61	0,33	0,50	0,39
TR	TRO.0864	F	A343	0,22	0,44	0,50	0,28	0,39	0,50	0,56	0,50	0,56	0,56	0,50	0,61	0,39	0,44	0,50	0,56	0,56
TR	TRO DB 00	F	A345	0,28	0,33	0,50	0,39	0,28	0,22	0,39	0,17	0,50	0,22	0,61	0,39	0,33	0,22	0,44	0,33	0,39
TR	TRO BR40	F	A351	0,39	0,39	0,44	0,28	0,39	0,39	0,33	0,22	0,33	0,22	0,44	0,39	0,50	0,22	0,28	0,50	0,28
TR	TRO.08.53	F	A353	0,67	0,44	0,33	0,50	0,39	0,56	0,33	0,39	0,50	0,22	0,67	0,39	0,39	0,39	0,44	0,33	0,39
TR	TRO 4711	F	A357	0,28	0,39	0,72	0,44	0,44	0,44	0,56	0,39	0,44	0,33	0,56	0,44	0,56	0,39	0,56	0,56	0,56
TR	TRO P13	F	A358	0,44	0,22	0,56	0,28	0,22	0,28	0,44	0,22	0,44	0,11	0,44	0,39	0,39	0,39	0,56	0,50	0,44

POP: População, S: Sexo, ID: Identificação. Vermelho: como os casais estão pareados neste plantel. Azul: uma indicação de melhores acasalamentos buscando parear indivíduos com a menor proporção de alelos compartilhados, ou seja, que apresentam maiores valores de (1-Ps). Verde: quando a melhor sugestão de pareamento tiver o mesmo valor do pareamento atual.

Anexo 6. Pareamento de fêmeas e machos da população do Criadouro Guaratuba utilizando-se a medida de (1-Ps).

POP		GA																		
ANILHA		T004	0014	0043	0053	0045	1341	0065	001	1338	0052	0060	0064	0015	0U01333	2	6	5 (s/viveiro)		
S		F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F		
ID		A364	A365	A366	A367	A369	A371	A373	A377	A378	A379	A385	A386	A389	A390	A393	A396	A397		
GA	0048	M	A360	0,39	0,39	0,22	0,17	0,39	0,28	0,39	0,22	0,50	0,56	0,50	0,17	0,44	0,56	0,28	0,39	0,39
GA	1235	M	A361	0,39	0,50	0,39	0,39	0,56	0,28	0,28	0,33	0,56	0,56	0,50	0,39	0,50	0,50	0,39	0,61	0,61
GA	046	M	A362	0,61	0,28	0,44	0,61	0,22	0,50	0,56	0,61	0,44	0,39	0,39	0,61	0,67	0,39	0,61	0,33	0,56
GA	T005	M	A363	0,33	0,33	0,39	0,44	0,28	0,33	0,50	0,39	0,39	0,50	0,28	0,33	0,44	0,61	0,44	0,33	0,56
GA	0022	M	A368	0,33	0,44	0,28	0,22	0,56	0,39	0,39	0,28	0,44	0,50	0,67	0,22	0,44	0,50	0,22	0,56	0,33
GA	0058	M	A370	0,56	0,33	0,44	0,44	0,39	0,67	0,61	0,39	0,28	0,28	0,50	0,56	0,44	0,44	0,56	0,50	0,50
GA	4900	M	A372	0,39	0,28	0,33	0,39	0,22	0,28	0,56	0,33	0,44	0,56	0,44	0,28	0,56	0,50	0,39	0,22	0,44
GA	5 (viveiro 11)	M	A374	0,33	0,33	0,33	0,44	0,39	0,44	0,44	0,28	0,28	0,33	0,33	0,44	0,39	0,50	0,44	0,50	0,56
GA	1337	M	A375	0,44	0,28	0,44	0,56	0,33	0,50	0,56	0,39	0,28	0,33	0,39	0,56	0,39	0,39	0,56	0,39	0,61
GA	1342	M	A376	0,33	0,56	0,33	0,28	0,61	0,22	0,33	0,39	0,50	0,61	0,56	0,28	0,56	0,61	0,33	0,50	0,44
GA	0054	M	A380	0,56	0,28	0,33	0,50	0,28	0,50	0,61	0,44	0,33	0,44	0,56	0,39	0,44	0,33	0,44	0,11	0,44
GA	004/95	M	A381	0,33	0,67	0,39	0,33	0,61	0,33	0,33	0,50	0,50	0,56	0,56	0,44	0,56	0,56	0,33	0,50	0,50
GA	0066	M	A382	0,33	0,44	0,39	0,50	0,44	0,33	0,44	0,50	0,56	0,56	0,50	0,39	0,67	0,39	0,39	0,33	0,33
GA	T010	M	A383	0,33	0,61	0,61	0,44	0,61	0,28	0,56	0,39	0,78	0,89	0,39	0,28	0,39	0,72	0,50	0,56	0,61
GA	0042	M	A384	0,56	0,44	0,44	0,44	0,50	0,50	0,61	0,39	0,44	0,44	0,61	0,44	0,61	0,50	0,56	0,44	0,44
GA	0063	M	A387	0,56	0,28	0,33	0,50	0,17	0,56	0,50	0,50	0,33	0,28	0,44	0,44	0,61	0,39	0,44	0,22	0,44
GA	1340	M	A388	0,50	0,44	0,28	0,39	0,56	0,61	0,44	0,33	0,33	0,33	0,72	0,44	0,67	0,44	0,33	0,50	0,22
GA	0049	M	A391	0,50	0,50	0,39	0,61	0,50	0,67	0,56	0,39	0,39	0,50	0,72	0,44	0,56	0,56	0,50	0,50	0,50
GA	1	M	A392	0,50	0,28	0,44	0,50	0,22	0,44	0,61	0,50	0,44	0,44	0,33	0,56	0,50	0,39	0,61	0,28	0,56
GA	4	M	A394	0,39	0,44	0,28	0,17	0,44	0,28	0,39	0,28	0,50	0,50	0,50	0,22	0,50	0,50	0,28	0,44	0,39
GA	9	M	A395	0,22	0,50	0,44	0,33	0,50	0,22	0,39	0,28	0,61	0,72	0,33	0,17	0,39	0,67	0,33	0,50	0,56
GA	8	M	A398	0,33	0,44	0,22	0,11	0,44	0,22	0,39	0,28	0,50	0,50	0,44	0,22	0,44	0,56	0,28	0,44	0,33
GA	7	M	A399	0,56	0,22	0,44	0,56	0,33	0,61	0,67	0,50	0,17	0,22	0,56	0,44	0,56	0,39	0,50	0,39	0,44

POP: População, S: Sexo, ID: Identificação. Vermelho: como os casais estão pareados neste plantel. Azul: uma indicação de melhores acasalamentos buscando parear indivíduos com a menor proporção de alelos compartilhados, ou seja, que apresentam maiores valores de (1-Ps). Verde: quando a melhor sugestão de pareamento tiver o mesmo valor do pareamento atual. Cinza: Esse indivíduo foi a óbito após a coleta.

Anexo 7. Ranking de heterozigose individual (MLH) indicando os indivíduos aptos para a reintrodução.

Ranking	ID	MLH	Sexo	Anilha	Criatório	Viveiro	Situação no momento da coleta	Decisão	Motivo
1°	A019	0,889	F	U03669	CE	D1	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
1°	A089	0,889	F	CCCPC3395	PC	68	Adulto	INAPTO	ELEVADO MLH
2°	A189	0,778	M	Prov. 77 (vermelha)	CR	39C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.P.
2°	A192	0,778	F	CRAXBRAZIL00001	CR	37C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO//P.P.
2°	A366	0,778	F	0043	GA	4	Adulto	INAPTO	ELEVADO MLH
3°	A006	0,667	F	U03667	CE	D8	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A017	0,667	M	U25106	CE	D2	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A022	0,667	F	U05810	CE	G10	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A026	0,667	F	U05946	CE	PS4	Adulto	INAPTO	P.A.R.
3°	A066	0,667	F	CPC223	PC	139	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A067	0,667	M	CPC1158	PC	139	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A069	0,667	F	CPC32299	PC	142	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A071	0,667	F	CPC31599	PC	37	Trio Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A073	0,667	F	CPC921	PC	91	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A080	0,667	F	CCCPC3359	PC	67	Adulto	APTO	
3°	A083	0,667	F	CCCPC3388	PC	68	Adulto	APTO	
3°	A090	0,667	M	ZMN0183	PC	240	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A092	0,667	M	CPC1105	PC	237	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A095	0,667	F	CPC599	PC	220	Adulto	APTO	
3°	A096	0,667	M	CPC1122	PC	220	Adulto	APTO	
3°	A098	0,667	F	CPC556	PC	220	Adulto	INAPTO	P.A.R.
3°	A099	0,667	M	CPC29399	PC	127	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
3°	A190	0,667	F	CRAXBRAZIL9703	CR	39C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.P.
3°	A191	0,667	M	CRAXBRAZIL00002	CR	37C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.P.
3°	A329	0,667	M	TRO.Q	TR	M4V6	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A330	0,667	F	TRO.DH1XM	TR	M4V6	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A344	0,667	M	TRO.DH2	TR	M9V5	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A345	0,667	F	TRO DB 00	TR	M9V5	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
3°	A352	0,667	M	TRO.08.69	TR	NI	Filhote	INAPTO	P.A.R.
3°	A374	0,667	M	5 (viveiro 11)	GA	11	Adulto	APTO	
3°	A397	0,667	F	5 (s/ viveiro inf.)	GA	NI	Jovem	INAPTO	P.A.R.
4°	A009	0,556	M	U25133	CE	D6	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A018	0,556	F	U05835	CE	D2	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A061	0,556	M	CPC1159	PC	113	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
4°	A064	0,556	M	CPC1118	PC	137	Trio Pareado	INAPTO	PAREADO*

4°	A070	0,556	M	U03686	PC	37	Trio Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A072	0,556	F	CPC32899	PC	37	Trio Pareado	INAPTO	PAREADO*
4°	A079	0,556	F	CCCPC3360	PC	67	Adulto	APTO	
4°	A087	0,556	M	CCCPC3390	PC	68	Adulto	APTO	
4°	A088	0,556	M	CCCPC3393	PC	68	Adulto	APTO	
4°	A094	0,556	F	CCCPC2564	PC	220	Adulto	APTO	
4°	A100	0,556	F	CCPC2444	PC	127	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
4°	A194	0,556	M	TRO2301	CR	36C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO//P.P.
4°	A195	0,556	F	CRAXBRA5301	CR	35C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO//P.P.
4°	A196	0,556	M	Prov. 81 (vermelha)	CR	35C	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.P.
4°	A336	0,556	M	TRO.0863	TR	NI	Filhote	INAPTO	P.A.R.
4°	A338	0,556	M	TRO 1087	TR	NI	Filhote	APTO	
4°	A343	0,556	F	TRO.0864	TR	M8V3	Filhote	APTO	
4°	A351	0,556	F	TRO BR40	TR	NI	Filhote	APTO	
4°	A354	0,556	M	TRO.08.97	TR	NI	Filhote	INAPTO	P.A.R.
4°	A355	0,556	M	4333R	TR	NI	Filhote	APTO	
4°	A357	0,556	F	TRO 4711	TR	NI	Filhote	INAPTO	P.A.R.
4°	A360	0,556	M	0048	GA	1	Adulto	APTO	
4°	A361	0,556	M	1235	GA	2	Adulto	INAPTO	P.A.R.
4°	A363	0,556	M	T005	GA	3	Adulto	APTO	
4°	A365	0,556	F	0014	GA	4	Adulto	INAPTO	P.A.R.
4°	A368	0,556	M	0022	GA	4	Adulto	APTO	
4°	A369	0,556	F	0045	GA	5	Adulto	INAPTO	P.A.R.
4°	A370	0,556	M	0058	GA	8	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A372	0,556	M	4900	GA	10	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A377	0,556	F	001	GA	13	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO*
4°	A378	0,556	F	1338	GA	14	Adulto	APTO	
4°	A379	0,556	F	0052	GA	14	Adulto	APTO	
4°	A385	0,556	F	0060	GA	18	Casal Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A388	0,556	M	1340	GA	20	Quarteto Pareado	INAPTO	PAREADO/P.A.R.
4°	A393	0,556	F	2	GA	21	Jovem	APTO	
4°	A398	0,556	M	8	GA	NI	Jovem	INAPTO	P.A.R.
5°	A011	0,444	F	U03695	CE	D5	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A014	0,444	F	U05830	CE	D4	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A015	0,444	F	U25159	CE	D3	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A020	0,444	M	U05834	CE	D1	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A021	0,444	F	U22505	CE	G3	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A023	0,444	M	U05849	CE	G10	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A024	0,444	M	8387	CE	PS8	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH

5°	A062	0,444	F	CPC221	PC	113	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A065	0,444	F	CPC1116	PC	137	Trio Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A068	0,444	M	CPC77200	PC	142	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A074	0,444	F	CPC1152	PC	87	Trio Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A075	0,444	M	CPC70301	PC	91	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A078	0,444	F	CCCPC3363	PC	67	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A084	0,444	F	CCCPC3391	PC	68	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A085	0,444	F	CCCPC3394	PC	68	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A086	0,444	M	CCCPC3389	PC	68	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A093	0,444	F	CPC243	PC	237	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A097	0,444	F	CCCPC3355	PC	220	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A193	0,444	F	TRO2201	CR	36C	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A333	0,444	M	TRO.M11	TR	MCV1	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A334	0,444	F	TRO.C	TR	MCV1	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A347	0,444	M	4328R	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A350	0,444	M	TRO BR38	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A359	0,444	M	CRA X 1515	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A364	0,444	F	T004	GA	4	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A373	0,444	F	0065	GA	10	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A375	0,444	M	1337	GA	12	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A380	0,444	M	0054	GA	14	Óbito	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A381	0,444	M	004/95	GA	15	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A384	0,444	M	0042	GA	18	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A386	0,444	F	0064	GA	19	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A387	0,444	M	0063	GA	19	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A389	0,444	F	0015	GA	20	Quarteto Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A390	0,444	F	0U01333	GA	20	Quarteto Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A391	0,444	M	0049	GA	20	Quarteto Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A394	0,444	M	4	GA	NI	Jovem	INAPTO	BAIXO MLH
5°	A396	0,444	F	6	GA	NI	Jovem	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A001	0,333	F	U05848	CE	D10	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A003	0,333	F	U25124	CE	D9	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A007	0,333	M	U22504	CE	D7	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A012	0,333	M	U05959	CE	D5	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A013	0,333	M	U05984	CE	D4	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A016	0,333	M	U03682	CE	D3	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A025	0,333	F	U22507	CE	PS3	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A063	0,333	F	CPC1148	PC	137	Trio Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A076	0,333	M	CPC1121	PC	87	Trio Pareado	INAPTO	BAIXO MLH

6°	A081	0,333	F	CCCPC3362	PC	67	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A082	0,333	M	CCCPC2127	PC	67	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A091	0,333	F	CPC32799	PC	240	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A339	0,333	M	TRO.0862	TR	M8V3	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A342	0,333	F	TRO.0865	TR	M8V3	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A346	0,333	M	TRO BR 43	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A348	0,333	M	TRO BR60	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A349	0,333	M	TRO BR63	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A353	0,333	F	TRO.08.53	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A367	0,333	F	0053	GA	4	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A371	0,333	F	1341	GA	8	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A376	0,333	M	1342	GA	13	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A382	0,333	M	0066	GA	16	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A395	0,333	M	9	GA	NI	Jovem	INAPTO	BAIXO MLH
6°	A399	0,333	M	7	GA	NI	Jovem	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A002	0,222	M	U05945	CE	D10	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A004	0,222	M	U05954	CE	D9	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A005	0,222	M	U05861	CE	D8	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A010	0,222	F	U25145	CE	D6	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A027	0,222	F	U22502	CE	PS4	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A077	0,222	F	CPC1154	PC	87	Trio Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A331	0,222	M	TRO.08.66	TR	M4V5	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A332	0,222	F	TRO.08.58	TR	M4V5	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A335	0,222	F	TRO.1086	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A340	0,222	F	4345R	TR	M8V3	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A356	0,222	M	TRO 0852	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A362	0,222	M	046	GA	2	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A383	0,222	M	T010	GA	17	Adulto	INAPTO	BAIXO MLH
7°	A392	0,222	M	1	GA	21	Jovem	INAPTO	BAIXO MLH
8°	A008	0,111	F	U25138	CE	D7	Casal Pareado	INAPTO	BAIXO MLH
8°	A337	0,111	F	TRO DB 0500	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
8°	A341	0,111	F	4342R	TR	M8V3	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH
8°	A358	0,111	F	TRO P13	TR	NI	Filhote	INAPTO	BAIXO MLH

Legenda: CE: CESP, PC: Poços de Caldas, CR: Crax Brasil, TR: Tropicus, GA: Guaratuba, NI: Não Informado, P.A.R.: Portador de Alelo Raro, P.P.: População Pequena. O plantel da Crax Brasil não foi considerado em relação a análise de alelos raros, pois sua população amostrada é muito pequena. (\*): Indica indivíduos que se após a nova reestruturação de casais não forem priorizados na reprodução podem ser utilizados na reintrodução.

Anexo 8. Histograma de frequência de heterozigose individual (MLH) para todos os indivíduos da população de cativeiro de *A. jacutinga*.

