



Universidade
Federal de
Uberlândia

PROFLIN - EXAME DE PROFICIÊNCIA EM LÍNGUA
ESTRANGEIRA E LÍNGUA PORTUGUESA PARA
ESTRANGEIROS

GABARITO

EXAMES DE JULHO DE 2025

LÍNGUA INGLESA

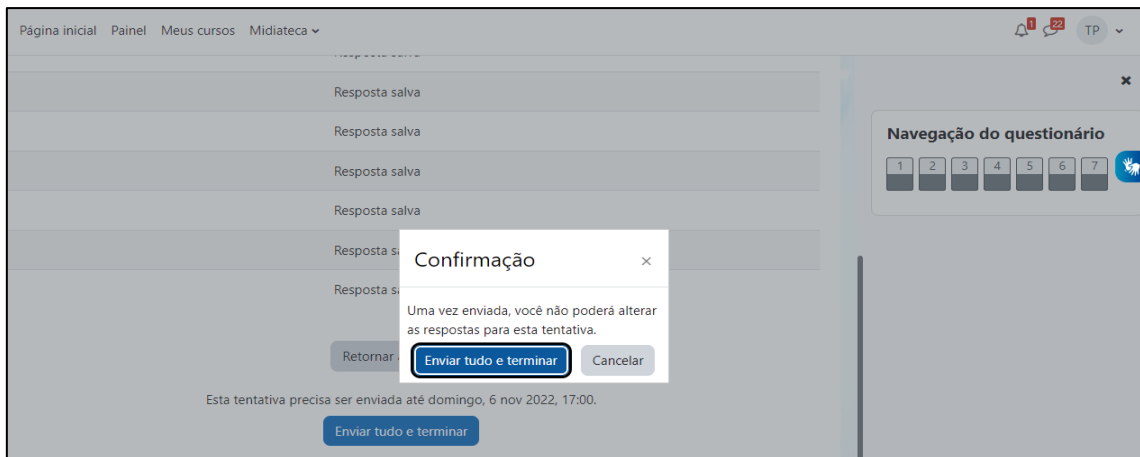
BIOMÉDICAS

Esta é a compilação do gabarito do exame PROFLIN de língua inglesa aplicado em JULHO/2025. Neste documento, você terá acesso a:

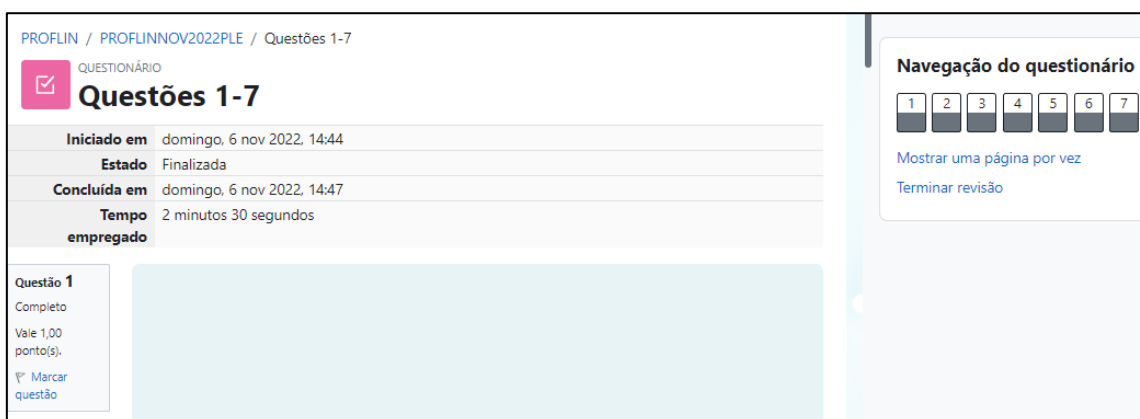
- Explicação de como acessar as questões da tentativa do(a) participante do exame, na plataforma Moodle
- Texto-base disponibilizado na plataforma Moodle, para resolução das questões;
- Questões da forma como disponibilizadas na plataforma Moodle;
- Gabarito indicando as respostas corretas para as questões de múltipla escolha, seguidas de justificativas tanto para a alternativa correta como para os distratores; respostas esperadas para as questões discursivas.

ATENÇÃO! ESTE NÃO É UM ESPELHO DO SEU EXAME PROFLIN! ESTE É UM GABARITO COM AS RESPOSTAS ESPERADAS DE TODOS OS CANDIDATOS E PODERÁ EMBASAR RECURSOS, DE ACORDO COM O QUE CONSTA EM EDITAL.

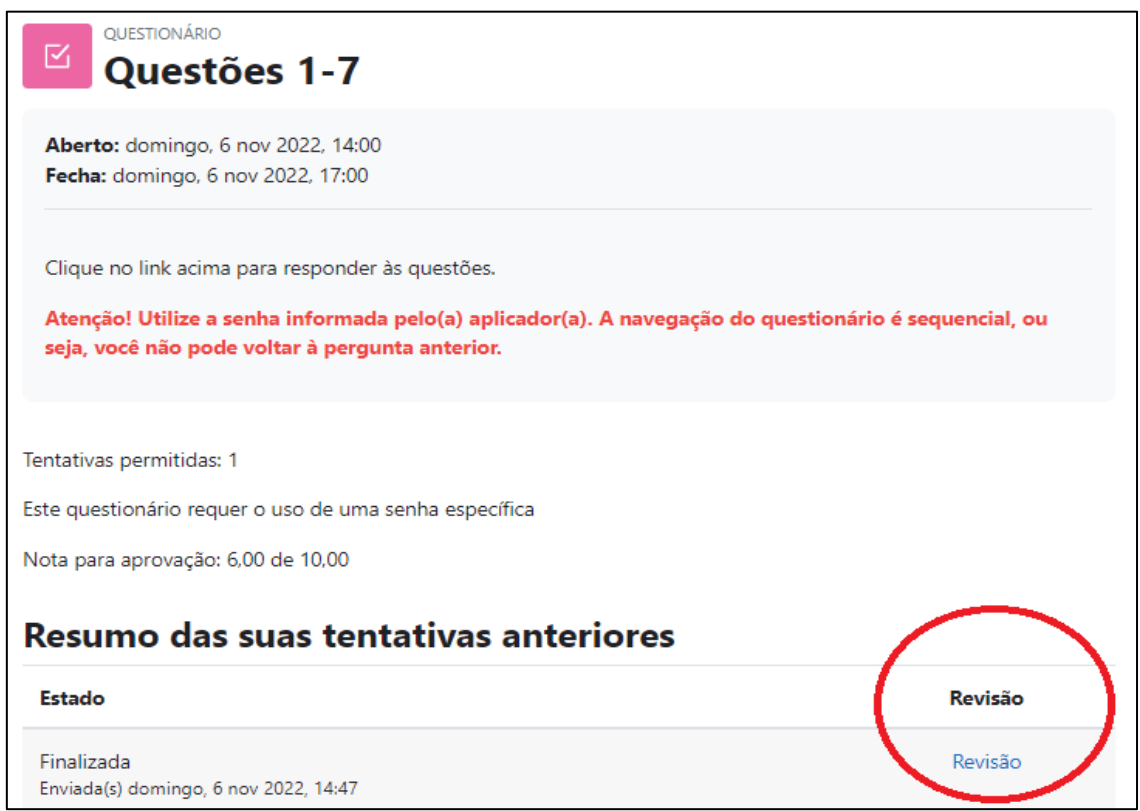
Após salvar todas as respostas da Prova, clique em “**Enviar tudo e terminar**”:



Após confirmar “**Enviar tudo e terminar**”, será aberta uma página de revisão com todas as respostas que foram salvas.



Você poderá salvar ou imprimir essa página com todas as respostas que você preencheu e finalizar clicando em “**Terminar revisão**”. Caso queira novamente ter acesso à página de revisão, mesmo após o término da prova, basta clicar no link “**Revisão**” estará localizado abaixo de **Resumo das suas tentativas anteriores** dentro do questionário com as Questões 1-7.





Genetic diversity and population structure of natural populations of the endangered grass *Paspalum rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls (Paspaleae, Poaceae)

Jéssica Mena Barreto de Freitas¹ · Liliana Essi¹ · Solange Bosio Tedesco¹

Received: 1 May 2020 / Revised: 10 January 2021 / Accepted: 12 January 2021
© Botanical Society of Sao Paulo 2021

Abstract

The objective of this study was to evaluate the genetic diversity and population structure of natural subpopulations of *Paspalum rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls using inter-simple sequence repeat (ISSR) molecular markers. Four natural subpopulations from State of Rio Grande do Sul, Brazil, were evaluated, using six ISSR primers. A total of 131 fragments were amplified, 34 of which were polymorphic. The genetic diversity (h) for the subpopulations was considered low, with values ranging from 0.130 to 0.217. The Vacaria subpopulation presented the lowest diversity among populations. The Shannon (I) diversity indices were also low, with values ranging from 0.187 to 0.334, with the Vacaria subpopulation also presenting the lowest values. The molecular variance (AMOVA) analysis showed, in general, the highest variation occurred within subpopulations rather than between subpopulations. The Bayesian Inference analysis separated the individuals into four genetic clusters, mixing individuals from different municipalities in the clusters. The results indicate that the species has low genetic diversity and low population structure, requiring conservation plans. Ex situ conservation becomes a necessary effort, since populations of this species are found in grasslands remnants affected by fires and implantation of crops, and is not present in any protected area of the Brazilian Conservation Units system.

Keywords Brazilian grasslands · Conservation · ISSR · Population structure

1 Introduction

Paspalum L. (Poaceae) is a grass genus with approximately 400 species and wide distribution, from tropical to subtropical regions of America (Oliveira and Valls 2002; Zuloaga and Morrone 2005). These species are found in different types of habitat, such as savannas, forests, saline sites, dry locations, and wetlands (Denham and Zuloaga 2007). Primary morphological features of this group are unilateral, partially racemose inflorescences bearing paired or solitary flat-convex spikelets, with the lower glume usually absent (Souza-Chies et al. 2006; Rua et al. 2010).

Some species of *Paspalum* have high forage potential, and great economic and agronomic importance (Batista and Godoy 2000), especially in the southern region of Brazil.

Research studies on breeding and hybridization are conducted using plants of this group to produce a high-quality pasture resistant to field pests (Pereira 2013; Motta et al. 2016). In the State of Rio Grande do Sul, there are 60 species of *Paspalum* (Maciel et al. 2020), from 548 grass species belonging to 130 genera (Poaceae in Flora do Brasil 2020). This is about 10% of the grass species for the State. Thus, this taxon contributes significantly to the biodiversity of the grasses in Rio Grande do Sul and is an important object of study in programs focusing on germplasm characterization, analyzing on genetic diversity and population structure, and on the genetic improvement of plants (Batista and Godoy 2000; Sawasato et al. 2008; Pereira et al. 2012).

In recent years, research focusing on studying the population structure of *Paspalum* species has been conducted using molecular markers, such as inter-simple sequence repeats (ISSR) (Cidade et al. 2008; Reyno et al. 2012). ISSR markers are used for the genetic analysis of all types of organisms (Rodrigues 2010). They have highly reproducible band levels and abundant polymorphism, differentiating related individuals and evaluating the genetic variability of accessions

✉ Liliana Essi
liliana.essi@ufsm.br

¹ Departamento de Biologia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brazil

(Zietkiewicz et al. 1994). This type of marker also provides quick information on the genetic diversity of populations when compared to other methods without prior knowledge of the species genome. Population studies with molecular markers are particularly important, especially for species that are threatened. ISSRs markers are widely used to analyze the genetic diversity and population structure of plants, serving as a support for conservation plans for declining species (Liu et al. 2013; Rodrigues et al. 2013).

Poaceae is one of the ten Brazilian angiosperm families with the largest number of endangered species (Martinelli and Moraes 2013). There are *Paspalum* species that present a great population reduction and are considered threatened. This is the case with *Paspalum rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls, which is on the list of endangered species of the flora of Rio Grande do Sul (Rio Grande do Sul 2014) as endangered (EN) and on the national list of endangered species (Brazil 2014). Since there is little information on this species, studies on genetic variability and population structure are urgent.

There is a general agreement in the scientific community that genetic studies of endangered species are uttermost important to species conservation plans, because genetic diversity is the raw material for species evolution (Wu et al. 2015). Low levels of genetic diversity can reduce the range of possibilities to the species response to changes in environment. Drastic reductions in population size and habitat fragmentation that prevents gene flow frequently result in such reduction of genetic diversity that can lead to bottlenecks (Jangjoo et al. 2016; Pavlova et al. 2017). This reduces dramatically the chances of a species to recover natural populations from negative stochastic events and other natural or anthropogenic threats.

In this way, the objective of this work was to evaluate the genetic diversity of natural populations of *P. rawitscheri* using ISSR markers to understand the biology of the species, thus contributing relevant information for conservation programs.

2 Materials and methods

Sampled sites and species identification in field – The distribution area of *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls is restricted to the High Altitude Grasslands of Southern Brazil, in the “Atlantic Forest” Brazilian Biome (Maciel et al. 2020). The species inhabits rocky places (Setubal and Boldrini 2010; Oliveira and Valls 2015), and it is distributed in an occupation area of less than 500 km², in places where more than 50% of the original vegetation is degraded, according to the evaluation of the Brazilian National Flora Conservation Center (CNC Flora) in the year 2012. It is a perennial, caespitose grass, with short rhizomes and erect stems of 70–80 cm in length. The most remarkable morphological characteristics of this plant are the inflorescences with a winged rachis, fibrous and long leaf blades, with the sheaths bearing pungent and deciduous trichomes, as well as paired spikelets (Rua and Valls 2012). Herbarium records show an original distribution of the species in the States of Rio Grande do Sul, Santa Catarina and Paraná. However, the most recent collections confirm only specimens in Rio Grande do Sul and Paraná States, separated 600 km each other. Field trips to these three States were performed in the years 2016/2017, but the species was only found in the State of Rio Grande do Sul. Most grasslands close to the areas referred visited in the States of Paraná and Santa Catarina were already converted into crops. Then, the team opted to focus the genetic analysis of the species in Rio Grande do Sul State, the southernmost populations, better preserved today, including locations newly identified by the team.

Plant material – One hundred and five (105) samples of *P. rawitscheri* were collected from four municipalities in the State of Rio Grande do Sul, Brazil: Campestre da Serra, Santa Maria (newly recorded), São Martinho da Serra (newly recorded), and Vacaria (Table 1 and Fig. 1). The pairs of municipalities of Santa Maria and São Martinho da Serra,

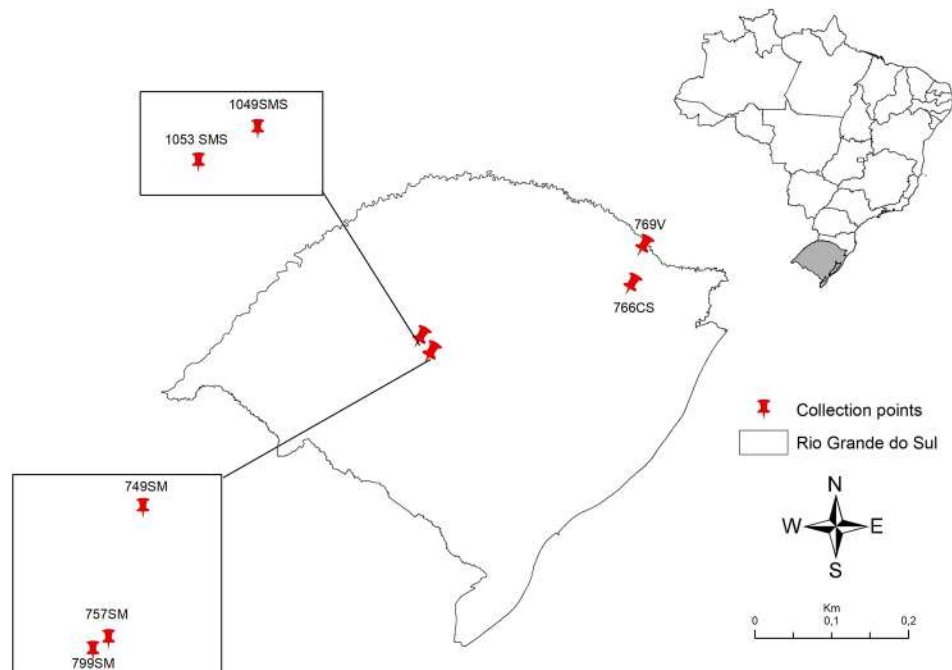
Table 1 List of accessions of *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls used in the study. All vouchers are deposited in the SMDB herbarium

Municipality	N1	N2	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)	Voucher*
Santa Maria	7	4	29°37'37.5"	53°52'27.1"	222	L. Essi et al. 749
	7	5	29°37'51.3"	53°52'30.7"	222	L. Essi and J.M.B. Freitas 757
São Martinho da Serra	10	6	29°37'52.53"	53°52'32.35"	268	L. Essi et al. 799
	18	12	29°24'54.8"	54°01'09.6"	311	L. Essi et al. 1049
Campestre da Serra	8	6	29°24'53.4"	54°01'07.1"	305	L. Essi et al. 1053
	46	36	28°40'42.7"	51°03'50.3"	770	L. Essi and J.M.B. Freitas 766
Vacaria	9	5	28°08'15.9"	50°53'54.5"	869	L. Essi and J.M.B. Freitas 769

N1 Number of individuals collected per locality. N2 Number of individuals included in final analysis.

*Collectors and number of the collection

Fig. 1 Geographic position of *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls subpopulations in Rio Grande do Sul State, Brazil, included in this study. *SM* Santa Maria, *SMS* São Martinho da Serra, *CS* Campestre da Serra, *V* Vacaria



and Vacaria and Campestre da Serra are the closest to each other (approximately 30 and 70 km respectively). Santa Maria and São Martinho da Serra are located in the central region of the State, approximately 400 km distant from Vacaria and Campestre da Serra, which are located in the northern region of the State.

Fresh leaves from different specimens were collected about 50 cm distance between clumps, to avoid clones, and stored in plastic bags with silica gel. The sampling considered all the individuals detected in every area, excluding only specimens not clearly distinct (clumps closer than 50 cm to each other). The samples were maintained in these bags, at room temperature, up to DNA extraction. Vouchers were deposited in the SMDB herbarium (Universidade Federal de Santa Maria) (Table 1). There was not a predetermined minimum or maximum number of individuals per locality. The number of individuals collected varied according to the actual sizes of the natural a priori subpopulations (7–46 samples per site), which vary greatly. This variation is because the species occupies remnants of natural grasslands. We opted to include individuals of every location found by the team, since a single individual may have an important effect on the survival of a threatened species. In Santa Maria, specimens were collected at three different sites inside the same rural property, and the coordinates were recorded separately in the pilot project, as well the vouchers (Table 1). In the final analysis, all the sites were grouped in a single geographic sampling unit. The same procedure was adopted for the two sites of São Martinho da Serra.

DNA extraction and polymerase chain reaction (PCR) – Total DNA was extracted from 30–50 mg of silica gel dried leaves by the CTAB method (Doyle and Doyle 1987) adapted to microcentrifuge tubes. Isolated DNA was quantified by 0.8% agarose gel electrophoresis, stained with GelRed, through a comparison with standard DNA (lambda). Standardized aliquots (20–25 ng of DNA) were prepared in ultrapure sterile water for PCR reactions. From the 105 samples collected and extracted, 72 were suitable for amplification. The number of individuals successfully included in the ISSR analysis varied from four to 36 per population.

ISSR amplifications were performed in final volumes of 25 µL. Each PCR reaction contained 20–50 ng of total genomic DNA, buffer 1X, 4.6 mM MgCl₂, 0.4 µM of primer, 400 µM of dNTP mixture, 4% DMSO, and 1.25 U Taq DNA polymerase, sterile ultrapure H₂O to complete 25 µL. The reactions were conducted in the thermal cycler (Minicycle TM, Marshall Scientific, New Hampshire, EUA) using the following cycles: initial denaturation of 94 °C for 5 min, 40 cycles at 94 °C for 45 s, 50 °C for 1 min (annealing), 72 °C for 1.5 min, and final extension at 72 °C for 10 min. For this study, six different primers were used, chosen from 15 tested (Table 2), having presented amplification in a larger number of samples tested, with band polymorphism, as well as amplification stability. Nine primers were excluded, due to lack of amplification or amplification of small number of samples or blurred bands.

Table 2 List of ISSR primers tested (selected and excluded) for this study

Primer code	Primer sequence
Primer selected	
F4	GAGAGAGAGAGAGAGAYC
i5	AGAGAGAGAGAGAGAGTA
O4	ACACACACACACACACC
P3	CTCCTCCTCCTCRC
P4	CTCTCTCTCTCTCTCTG
P7	CTCTCTCTCTCTCTCTT
Primers excluded	
F11	GACAGACAGACAGACA
F7	GTGTGTGTGTGTGTGTA
I1	AGAGAGAGAGAGAGAGT
I2	AGAGAGAGAGAGAGAGCA
I3	ACACACACACACACACCT
I4	GACACGACACGACAC
O1	ATATATATATATATATC
O3	CACACACACACACAT
O5	TGTGTGTGTGTGTGTGC

PCR products obtained were separated on 1.5% agarose gel stained with GelRed. The electrophoresis run for two hours and 30 min, with TBE buffer 0.5 X, 100 V. The size of the amplified fragments was estimated by comparison with the 100 bp and 1 kbp Ladder DNA molecular marker (Ludwig Biotec Brazil). The gels were viewed in UV transilluminator and photographed.

The amplified fragments for each primer were treated as dominant markers and were evaluated as presence (1) and absence (0) of a band. From the band patterns obtained by the ISSR technique, genetic parameters such as population structure, polymorphism content, genetic diversity, and an effective number of populations were evaluated.

Statistical analysis – Binary matrices of presence (1) and absence (0) of bands were elaborated for the results of each primer in different Excel spreadsheets, excluding missing data. Each municipality was treated as a subpopulation a priori, thus totaling four subpopulations. The percentage of polymorphic loci (P), Shannon genetic diversity index (I), genetic diversity (h), number of different alleles (Na), effective number of alleles (Ne), and number of private bands for each population were obtained using the GenAlEx 6.5 software (Peakall and Smouse 2012). The analyses of molecular variance (AMOVA), Principal Coordinate Analysis (PCoA) and Mantel Test were performed jointly.

For a summary, the means of the genetic diversity values described above for each subpopulation studied were calculated. Bayesian cluster inference (K) was performed using

the STRUCTURE (Pritchard et al. 2000) and STRUCTURE Harvester (Earl and vonHoldt 2012) software in a unified matrix of all primers, with missing data encoded.

3 Results

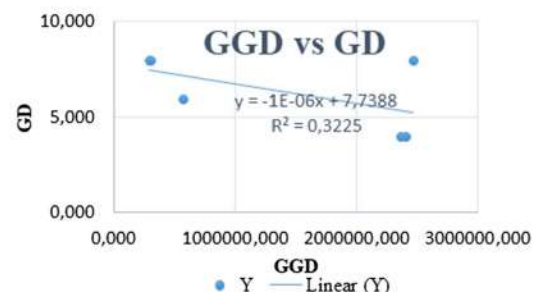
Genetic diversity and population structure – The genetic diversity of 72 *P. rawitscheri* individuals was analyzed using ISSR markers. The six ISSR primers used resulted in a total of 131 fragments, of which 34 were polymorphic. The number of bands ranged from 16 to 26, with an average of 21.4 per primer and with size ranging from 250 bp to 5 kbp.

The percentage of polymorphism varied greatly according to the location sampled, with low values (29.28%) for the Vacaria a priori subpopulation and high values (67.48%) for the Campestre da Serra subpopulation (Table 3). The subpopulation of Campestre da Serra presented the highest genetic diversity ($h=0.217$) and the highest Shannon diversity index ($I=0.334$), while Vacaria presented the lowest values for genetic diversity and Shannon diversity ($h=0.130$ and $I=0.187$). (Table 3). The genetic diversity indices showed similar values, $h=0.192$ and $h=0.187$, between the subpopulations of Santa Maria and São Martinho da Serra, respectively. Mantel Test showed significant correlation

Table 3 Means of the genetic diversity indices, calculated with GenAlEx for six ISSR primers

Subpopulation	P (%)	Na	Ne	I	h
Santa Maria	50.22	1.005	1.329	0.284	0.192
São Martinho da Serra	54.40	1.086	1.312	0.282	0.187
Campestre da Serra	67.48	1.350	1.366	0.334	0.217
Vacaria	29.28	0.605	1.234	0.187	0.130

P Percentage of polymorphic loci, Na Number of different alleles, Ne Effective number of alleles, I Shannon index, h Genetic diversity

**Fig. 2** XY Graph produced in GenAlEx showing the correlation between genetic (GD) and geographic distance (GGD) for four subpopulations of *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls, based on banding pattern of primer P3. $R_{xy} = -0.568$

between genetic distance and geographic distance for all primers (e.g., primer P3, Fig. 2).

The highest variation occurred within subpopulations instead of between subpopulations, for all primer standards when performing an AMOVA for splitting the genetic variation at two levels within subpopulations and between subpopulations (Table 4). Values within subpopulations ranged from 89 to 98%, while between subpopulations

there were very small values, between 2 and 11%. PCoA analyses revealed low structuring; however it is possible to notice some genetic differentiation among subpopulations (e.g., primers F4 and P3, Fig. 3), especially between the subpopulations of North (Campestre da Serra and Vacaria) and Central Depression (São Martinho da Serra and Santa Maria).

The Bayesian cluster inference performed by the Structure and Structure Harvester software revealed $K=4$ (Fig. 4), with a noticeable genetic mix between a priori subpopulations in the clusters.

Table 4 Molecular analysis of variance (AMOVA) chart for four subpopulations of *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls with the data of six ISSR primers

Primer	Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Variance components	Variance (%)	<i>p</i> value
F4	Between the populations	3	8.929	0.151	6	0.061
	Within the populations	14	32.571	2.327	94	0.061
	Total	17	41.500	2.478	100	
i.5	Between the populations	2	6.497	0.062	2	0.023
	Within the populations	25	67.003	2.680	98	0.023
	Total	27	73.500	2.742	100	
O4	Between the populations	2	7.712	0.152	6	0.056
	Within the populations	26	66.150	2.544	94	0.056
	Total	28	73.862	2.696	100	
P3	Between the populations	3	12.736	0.116	3	0.034
	Within the populations	35	114.238	3.264	97	0.034
	Total	38	126.974	3.379	100	
P4	Between the populations	2	8.067	0.278	11	0.113
	Within the populations	23	50.241	2.184	89	0.113
	Total	25	58.308	2.462	100	
P7	Between the populations	2	9.050	0.306	10	0.105
	Within the populations	17	44.400	2.612	90	0.105
	Total	19	53.450	2.918	100	

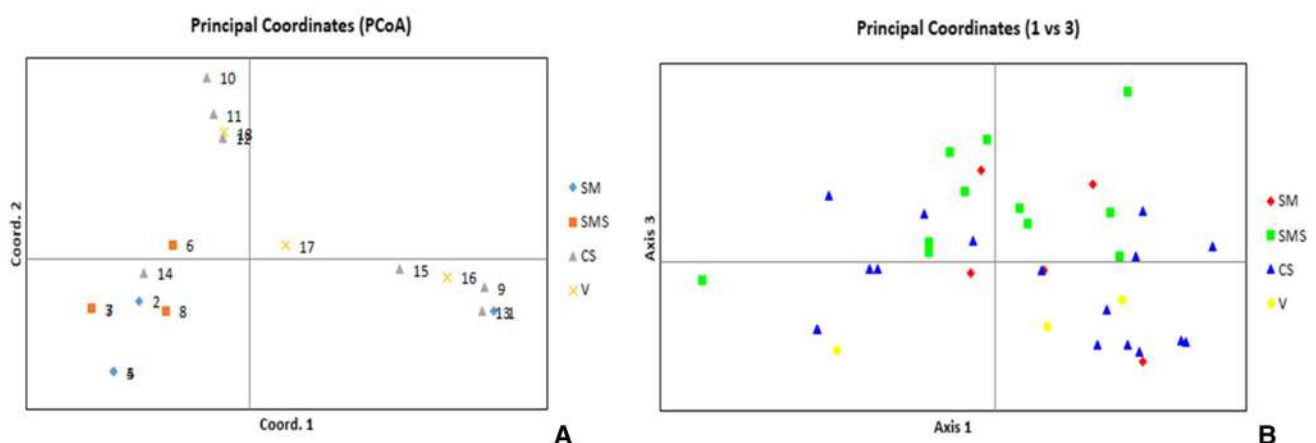


Fig. 3 Two examples of Principal Coordinate Analysis produced in GenAlEx for *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls subpopulations. A. PCoA with banding pattern of primer F4. B. Comparison between axes 3×1 with banding pattern of primer P3. SM Santa Maria, SMS São Martinho da Serra, CS Campestre da Serra, V Vacaria

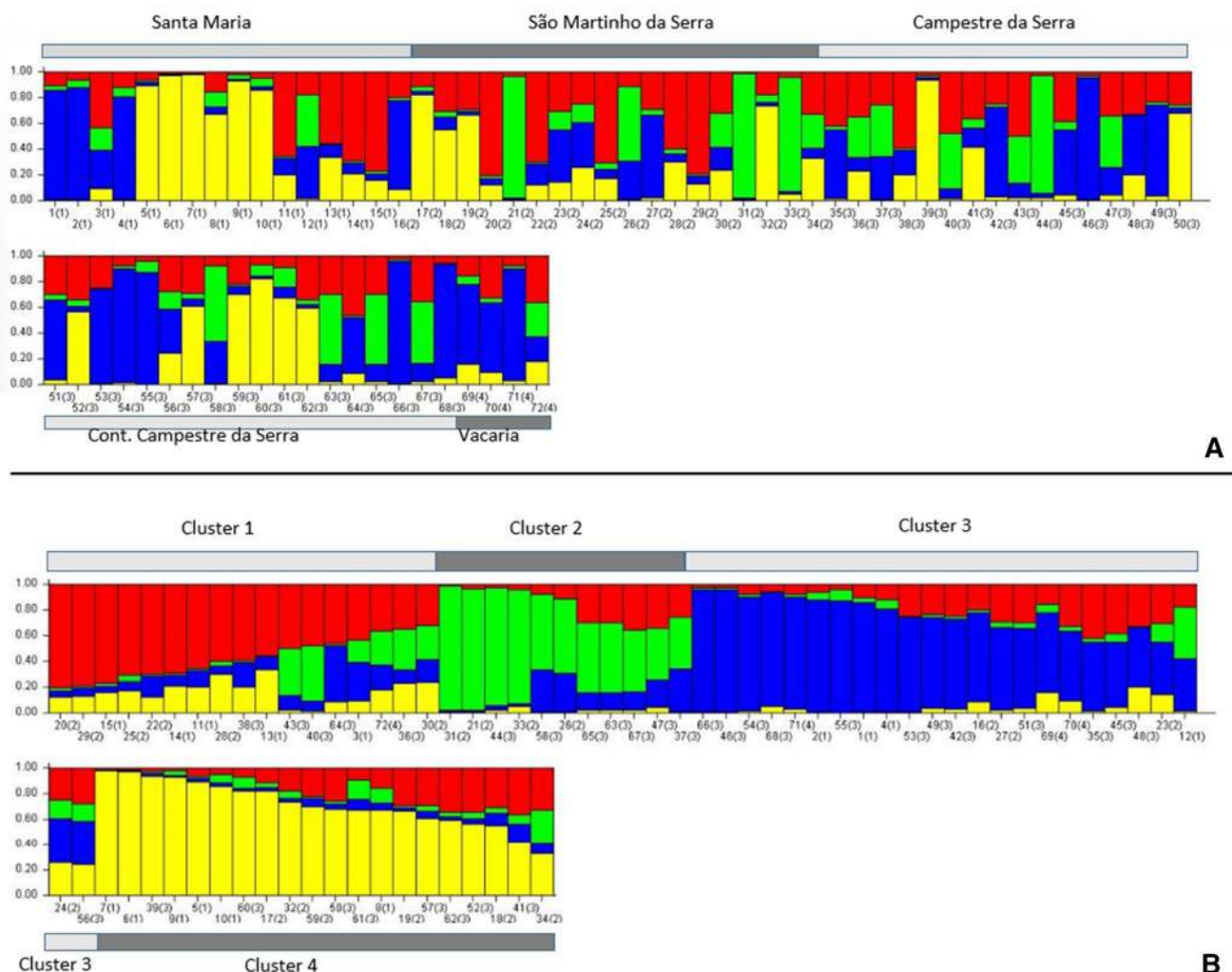


Fig. 4 Bar graph representation of the Bayesian analysis of the genetic grouping between subpopulations of *P. rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls obtained by the STRUCTURE software ($K=4$). Numbers outside parenthesis correspond to individuals (order in the matrix). Numbers inside parenthesis correspond to the following subpopulation: 1 (Santa Maria); 2 (São Martinho da Serra); 3 (Campestre da Serra); 4 (Vacaria). **a.** Bar graph with samples ordered by municipality. **b.** Bar graph ordered according to the four genetic clusters recovered

4 Discussion

Genetic diversity and population structure – ISSR molecular markers are very useful tool for assessing the genetic diversity and population structure of *Paspalum* species, as also observed by previous authors in similar studies (Zilli et al. 2014; Singh 2016).

The means of polymorphic loci for *P. rawitscheri* a priori subpopulations varied greatly. The highest percentage was of 67.48% for Campestre da Serra sample site. A similar result was found when analyzing the polymorphism by ISSR markers for the endangered species *Oryza granulata* Nees et Am. ex Watt., from Asia. The rate of polymorphism among 14 populations of *O. granulata* analyzed was of 64% and, of the

114 amplified fragments in this study, 73 were polymorphic (Wu et al. 2004).

As mentioned before, Campestre da Serra presented the highest genetic diversity ($h=0.217$) and the highest Shannon diversity index ($I=0.334$), while Vacaria presented the lowest values for genetic diversity and Shannon diversity ($h=0.130$ and $I=0.187$) (Table 3). This difference reflects the differentiation between individuals, and differences in subpopulation size, which influenced the sampling. The genetic diversity indices showed similar values, $h=0.192$ and $h=0.187$, for the subpopulations of Santa Maria and São Martinho da Serra, respectively. This similar diversity values can be explained by the fact that Santa Maria and São Martinho da Serra are neighboring municipalities with a small geographical distance (circa 30 km), probably presenting

genetic similarities between the individuals. Mantel Test result is in agreement with this hypothesis, showing overall significant correlation between genetic distance and geographic distance for all primers (e.g., primer P3, Fig. 2).

In contrast, when the polymorphism of 95 accessions of *Paspalum notatum* Flügge from South America was analyzed by Cidade et al. (2008), the means of polymorphic loci were high, between 100 and 94.4%. Of the 94 amplified fragments, 84 were polymorphic (Cidade et al. 2008). This difference is expected, since *P. notatum* is a common species and widely distributed, in natural grasslands or used as forage.

In the present study, the means of the genetic diversity indexes for the endangered *P. rawitscheri* were low: the Shannon index (*I*) ranged from 0.187 to 0.334 and genetic diversity (*h*) ranged from 0.130 to 0.217. Similar pattern was observed for *Paspalum scrobiculatum* L., which presented values between 0.08 and 0.28 for genetic diversity (*h*) and 0.04 and 0.37 for the Shannon index (*I*) (Yadav et al. 2016). This low genetic diversity may be related to the reduced population size, causing individuals to be very similar to each other and risking population viability in the face of environmental adversities.

When analyzing the molecular variance (AMOVA) for *P. rawitscheri*, there is a much greater variation within subpopulations than between subpopulations, suggesting a low population structure for this species. A similar result was presented for the endangered American orchid, *Piperia yadonii* Rand. Morgan and Ackerman (George et al. 2009). In this research, the authors evaluated the population structure using AMOVA in two different periods, 2006 and 2007 and resulted in approximately 40% of the total variation being between populations and 60% attributed to differences between individuals within the populations.

In contrast, Alam et al. (2008) obtained different results when analyzing the genetic diversity of populations of the endangered species *Podophyllum hexandrum* Royle, native of the Himalayas. While conducting analysis with ISSR, the authors found that this species presented high levels of diversity between populations and that such variations (48%) were greater than those within populations (23%), also finding that populations of the same forest division showed greater genetic diversity, indicating that gene flow occurred mainly among populations inserted in the same forest divisions.

The clustering analysis evidenced that there is not a strong population structure for *P. rawitscheri*, and admixture is present. The four genetic clusters do not correspond perfectly to a priori subpopulations, as we could expect due to the result of Mantel test, which evidenced correlation between geographic and genetic distance. However, there is some pattern of genetic differentiation in the species. There is a higher frequency of individuals from Campestre da Serra

in the genetic group with predominance of blue and yellow color (Clusters 3 and 4). The group with predominant green color (cluster 2) presents a considerable number of individuals from the São Martinho da Serra, whereas the individuals from Santa Maria and Vacaria are spread over the genetic clusters. In the case of Vacaria, the small sample size may have important influence in the results. This population is well known and has been recorded by agrostologists for decades, and the reduction of its size is remarkable. It was not possible to identify yet possible sources/causes for this overall genetic pattern for *P. rawitscheri*, and further studies may be necessary, especially concerning reproductive traits for the species.

Implications for conservation – The distinction between populations is not only due to genetic factors, but is also related to climate differences, ecological factors, and soil differentiation (Reisch et al. 2003; Valle et al. 2013). However, genetic diversity is a crucial factor in terms of species conservation and should be maintained and prioritized for future generations. Although there are several studies published on genetic diversity of endangered plants, there are few studies on Brazilian plants (Essi et al., Pinheiro et al. 2012; Ribeiro et al. 2013). This gap represents an important difficulty in defining conservation strategies for endangered plant species in Brazil.

P. rawitscheri is exposed to several factors that lead to the decline of the populations as (1) the subpopulations are inserted in locations that present traces of burns or degradation of anthropic origin (by the implantation of crops, mainly soybean and forestry, or by the influence of activities in the roads, in the case of roadsides subpopulations), (2) the species is not found in protected areas in Rio Grande do Sul, not even in other states of Brazil (Ribeiro et al. 2018), (3) low genetic diversity averages were detected in the sampled areas and (4) the number of individuals in each area is low (always less than 50) and varies greatly.

Zhang et al. (2005) related low genetic variation to evolutionary processes of the past and the recent loss of individuals in populations caused by human action when they evaluated the genetic diversity of *Pinus squamata* X.W. Li. These authors also reported that the in situ conservation of subpopulations for species with small population size is extremely necessary to preserve genetic variation.

According to Liu et al. (2013), ex situ conservation becomes interesting for endangered species and should be connected to in situ conservation through seed propagation to establish new generations both in cultivation and in the natural environment.

In conclusion, the conservation of *P. rawitscheri* in Rio Grande do Sul is extremely urgent since a low genetic diversity was detected, and the species is not protected by the

Brazilian National System of Conservation Units. Ex situ conservation becomes important given that natural populations are located in areas where there is imminent risk of degradation, such as roadside and hydroelectric development areas. Therefore, the attempt to cultivate *P. rawitscheri* in different habitats and protection sites is a relevant alternative that could help to prevent the species extinction.

Acknowledgements The authors thank the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) for the fellowship for the first author, and the Department of Biology of the Universidade Federal de Santa Maria for the financial support on the field trips. We also thank Prof. Dr. Zaida Ines Antonioli and her lab team for their support.

Author contributions All authors contributed to the study conception and design. Plant collection, material preparation, data collection and analysis were performed by the first and second authors. The first draft of the manuscript was written by the first author and all authors commented on previous versions of the manuscript. All authors read and approved the final manuscript.

References

- Alam A, Naik PK, Gulati P, Gulati AK, Mishra GP (2008) Characterization of genetic structure of *Podophyllum hexandrum* populations, an endangered medicinal herb of Northwestern Himalaya, using ISSR-PCR markers and its relatedness with podophyllotoxin content. *Afr J Biotechnol* 7:1028–1040. <https://doi.org/10.4314/ajb.v7i8.58599>
- Batista LAR, Godoy R (2000) Caracterização preliminar e seleção de germoplasma do gênero *Paspalum* para a produção de forragem. *R Bras Zoot* 29:23–32. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982000001010004>
- Brasil. 2014. Lista Nacional Oficial de Espécies da Flora Ameaçadas de Extinção. Diário Oficial, Decreto 6.101. http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/static/pdf/portaria_mma_443_2014.pdf. Accessed 9 Mar 2020
- CidadeDall'Agnol FWM, Bered F, Souza-Chies TT (2008) Genetic diversity of the complex *Paspalum notatum* Flüggé (Paniceae: Panicoideae). *Genet Resour Crop Ev* 55:235–246. <https://doi.org/10.1007/s10722-007-9231-8>
- CNC Flora (Centro Nacional de Conservação da Flora). <http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/pt-br> Accessed 29 Aug 2020
- Denham SS, Zuloaga FO (2007) Phylogenetic Relationships of the Decumbentes Group of *Paspalum*, *Thrasya*, and *Thrasyopsis* (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). *J Syst Evol Bot* 23:545–562. <https://doi.org/10.5642/aliso.20072301.41>
- Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull* 19:11–15
- Earl DA, von Holdt BM (2012) Structure Harvester: a website and program for visualizing Structure output and implementing the Evanno method. *Conserv Genet Resour* 4:359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Essi L, Lima MFRC, Leite LGL, Wolf MM. Threatened and understudied: the lack of genetic data of endangered Brazilian plant species. *CeN*. (in press)
- George S, Sharma J, Yadon VL (2009) Genetic diversity of the endangered and narrow endemic *Piperia yadonii* (Orchidaceae) assessed with ISSR polymorphisms. *Am J Bot* 96:2022–2030. <https://doi.org/10.3732/ajb.0800368>
- Jangjoo M, Matter SF, Roland J, Keyghobadi N (2016) Connectivity rescues genetic diversity after a demographic bottleneck in a butterfly population network. *PNAS* 113:10914–10919. <https://doi.org/10.1073/pnas.1600865113>
- Liu J, Shi S, Chang E, Yang W, Jiang Z (2013) Genetic diversity of the critically endangered *Thuja sutchuenensis* revealed by ISSR markers and the implications for conservation. *Int J Mol Sci* 14:14860–14871. <https://doi.org/10.3390/ijms140714860>
- Maciel JR, Oliveira RC, Sousa MWDS, Pimenta KM, Moura CO, Rua GH, Valls JFM. 2020. *Paspalum* in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB127893> Accessed 15 Jul 2020
- Martinelli G, Moraes MA (2013) Livro Vermelho da flora do Brasil. Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro
- Motta EAM, Dall'Agnol M, Nascimento FL et al (2016) Forage performance of *Paspalum* hybrids from an interspecific cross. *Cienc Rural* 46:1025–1031. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20150232>
- Oliveira RC, Valls JFM. 2015. *Paspalum* em Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB127893>. 09 de março de 2020.
- Oliveira RC, Valls JFM (2002) Taxonomia de *Paspalum* L., grupo Linearia (Gramineae—Paniceae) do Brasil. *Rev Bras Bot* 25:371–389. <https://doi.org/10.1590/S0100-84042002012000001>
- Pavlova A, Beheregaray LB, Coleman R et al (2017) Severe consequences of habitat fragmentation on genetic diversity of an endangered Australian freshwater fish: a call for assisted gene flow. *Evol Appl* 10:531–550. <https://doi.org/10.1111/eva.12484>
- Peakall R, Smouse PE (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-na update. *Bioinform* 28:2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Pereira EA (2013) Melhoramento genético por meio de hibridizações interespecíficas no grupo Plicatula - gênero *Paspalum* Tese de doutorado. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre
- Pereira EA, Barros T, Volkmann GK, Battisti GK, Silva JAG, SimioniDall'Agnol CM (2012) Variabilidade genética de caracteres forrageiros em *Paspalum*. *Rev Agropec Bras* 47:1533–1540. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012001000017>
- Pinheiro LR, Rabbani ARC, Silva AVC, Léo AS, Pereira KLG, Diniz LEC (2012) Genetic diversity and population structure in the Brazilian *Cattleya labiata* (Orchidaceae) using RAPD and ISSR markers. *Plant Syst Evol* 298:1815–1825. <https://doi.org/10.1007/s00606-012-0682-9>
- Poaceae in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB193> Accessed 29 Aug 2020.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–959
- Reisch C, Poschlod P, Wingender R (2003) Genetic differentiation among populations of *Sesleria albicans* Kit. ex Schultes (Poaceae) from ecologically different habitats in central Europe. *Heredity* 91:519–527. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800350>
- Reyno R, Narancio R, Speranza P, Canto J, López-Carro B, Hernández P, Burgueño J, Real D, Rizza MD (2012) Molecular and cytogenetic characterization of a collection of bahiagrass (*Paspalum notatum* Flüggé) native to Uruguay. *Genet Resour Crop Ev* 59:1823–1832. <https://doi.org/10.1007/s10722-012-9806-x>
- Ribeiro BR, Martins E, Martinelli G, Loyola R (2018) The effectiveness of protected areas and indigenous lands in representing threatened plant species in Brazil. *Rodriguésia* 69:1539–1546. <https://doi.org/10.1590/2175-7860201869404>
- Ribeiro PCC, Pinheiro LC, Domingues R, Forzza RC, Machado MA, Viccini LF (2013) Genetic diversity of *Vriesea cacinis*

Situação Finalizada

Iniciado sexta-feira, 4 jul. 2025, 11:16

Concluído sexta-feira, 4 jul. 2025, 17:41

Duração 6 horas 25 minutos

Questão 1

Não respondido

Vale 1,00
ponto(s).

v10 (mais recente)

Considerando os principais aspectos discutidos no artigo, mais especificamente sobre o gênero *Paspalum* e suas subpopulações, analise as proposições a seguir e assinale a alternativa **INCORRETA**:

Escolha uma opção:

- ☐ A *Paspalum rawitscheri* é uma espécie ameaçada e está inserida no sistema brasileiro de Unidades de Conservação, o que contribui para a sua preservação em áreas protegidas. A inclusão da espécie nesses espaços é fundamental para mitigar os impactos causados por atividades humanas, como a implantação de lavouras e queimadas, que têm reduzido significativamente o tamanho de suas populações.
- ☐ Estudos sobre a diversidade genética de espécies ameaçadas, como a *Paspalum rawitscheri*, são considerados prioritários, pois a variabilidade genética é essencial para a adaptação das espécies às mudanças ambientais. A utilização de marcadores ISSR tem se mostrado particularmente eficaz para avaliar a estrutura populacional e a diversidade genética, fornecendo informações fundamentais para o desenvolvimento de estratégias de conservação.
- ☐ O gênero *Paspalum* desempenha um papel relevante para a biodiversidade das gramíneas no Estado do Rio Grande do Sul, onde aproximadamente 10% das espécies de gramíneas pertencem a esse gênero. Além disso, suas espécies têm sido foco de programas de melhoramento genético que visam aumentar a resistência a pragas e produzir pastagens de alta qualidade, destacando sua importância econômica e agrônômica.
- ☐ As espécies do gênero *Paspalum* possuem uma ampla distribuição geográfica, abrangendo regiões tropicais e subtropicais das Américas, e ocupam diversos habitats, como savanas, florestas e áreas úmidas. Essa versatilidade ecológica é acompanhada por características morfológicas marcantes, como inflorescências racemosas e espiguetas achatadas, adaptadas a diferentes condições ambientais.



Questão 2

Não respondido

Vale 1,00
ponto(s).

v14 (mais recente)

Analise as proposições a seguir e assinale a sequência **CORRETA** de V para as verdadeiras e F para as falsas:

1. [] A subpopulação de Santa Maria apresentou o menor número de indivíduos coletados entre todas as localidades avaliadas no estudo.
2. [] A distância geográfica entre Santa Maria e São Martinho da Serra é de aproximadamente 400 km, enquanto Campestre da Serra e Vacaria estão separados por cerca de 70 km.
3. [] A amostragem em Santa Maria foi realizada em três locais diferentes dentro de uma única propriedade rural, enquanto em São Martinho da Serra houve coleta em dois locais distintos.
4. [] A subpopulação de Vacaria foi a única localizada em altitudes superiores a 800 metros, conforme os dados registrados na Tabela 1.

Escolha uma opção:

- ☐ F, V, V, F
- ☐ F, V, V, V
- ☐ V, V, F, V
- ☐ F, F, V, V

Questão 3

Não respondido

Vale 1,00 ponto(s).

v11 (mais recente)

Acerca dos resultados da pesquisa, analise as proposições a seguir e assinale a alternativa **CORRETA**:

- I. A subpopulação de Vacaria apresentou a menor diversidade genética, tanto no índice de Shannon quanto na porcentagem de locos polimórficos em relação às outras subpopulações.
- II. Os marcadores ISSR utilizados produziram um total de 131 fragmentos, dos quais mais de 50% foram considerados polimórficos, demonstrando alta eficiência na análise genética.
- III. A maior parte da variação genética identificada na análise de variância molecular (AMOVA) foi encontrada entre as subpopulações, evidenciando forte estruturação populacional.
- IV. A análise de agrupamento baseada na inferência bayesiana revelou quatro grupos genéticos distintos, mas houve mistura genética significativa entre os indivíduos das diferentes subpopulações geográficas.

Escolha uma opção:

- ☐ Estão corretas apenas as proposições I e IV.
- ☐ Estão corretas apenas as proposições I e III.
- ☐ Estão corretas apenas as proposições II e IV.
- ☐ Estão corretas apenas as proposições II e III.

Questão 4

Não respondido

Vale 1,00 ponto(s).

v5 (mais recente)

Analise as proposições a seguir e assinale a alternativa **CORRETA**:

- ☐ A Tabela 4 indica que o marcador P4 apresentou a maior porcentagem de variação genética entre as subpopulações, enquanto os marcadores F4 e O4 tiveram variação semelhante dentro e entre subpopulações.
- ☐ A Figura 4 mostra que a mistura genética entre os indivíduos das diferentes subpopulações foi insignificante, confirmando a forte correspondência entre os agrupamentos genéticos e as subpopulações geográficas.
- ☐ A análise bayesiana de agrupamento genético identificou quatro grupos distintos, e os indivíduos das subpopulações de Santa Maria e São Martinho da Serra formaram um único grupo genético homogêneo.
- ☐ A análise de variância molecular (AMOVA) indicou que a maior parte da variação genética ocorre dentro das subpopulações, inclusive com valores superiores a 90% para todos os marcadores utilizados.



Questão 5

Não respondido

Vale 3,00 ponto(s).

v11 (mais recente)

Explique as características da distribuição geográfica e ecológica de *Paspalum rawitscheri* e descreva as estratégias utilizadas pelos pesquisadores para coletar e identificar as amostras da espécie, abordando (i) o ambiente natural e as condições de habitat da espécie; (ii) as áreas geográficas abrangidas pelo estudo e as razões para focar no Rio Grande do Sul; e (iii) os critérios adotados na coleta e no armazenamento das amostras.

Questão 6

Não respondido

Vale 3,00 ponto(s).

v10 (mais recente)

Com base nas discussões dos resultados, aponte e explique as implicações dos resultados encontrados no estudo em questão para a conservação de *Paspalum rawitscheri*. Em sua resposta, aborde pelo menos dois dos três aspectos a seguir: (i) a importância da diversidade genética para a adaptação da espécie a mudanças ambientais; (ii) a relação entre a estrutura populacional da espécie e os fatores ecológicos e antropogênicos que influenciam sua distribuição e (iii) a necessidade de estratégias de conservação para essa espécie ameaçada.



LÍNGUA INGLESA

BIOMÉDICAS

GABARITO

TEXTO-BASE: Freitas, J. M. B. et al. Genetic diversity and population structure of natural populations of the endangered grass *Paspalum rawitscheri* (Parodi) Chase ex G.H. Rua & Valls (Paspaleae, Poaceae). *Brazilian Journal of Botany*, 44, 2021, pp. 401-409.

QUESTÃO 1:

Enunciado: Considerando os principais aspectos discutidos no artigo, mais especificamente sobre o gênero *Paspalum* e suas subpopulações, analise as proposições a seguir e assinale a alternativa **INCORRETA:**

Gabarito:

a) A *Paspalum rawitscheri* é uma espécie ameaçada e está inserida no sistema brasileiro de Unidades de Conservação, o que contribui para a sua preservação em áreas protegidas. A inclusão da espécie nesses espaços é fundamental para mitigar os impactos causados por atividades humanas, como a implantação de lavouras e queimadas, que têm reduzido significativamente o tamanho de suas populações.

Justificativa: O texto, na sua introdução, afirma que a *Paspalum rawitscheri* não está presente em áreas protegidas: “*is not present in any protected area of the Brazilian Conservation Units system.*” Além disso, o texto destaca os impactos negativos das atividades humanas sobre suas populações. Portanto, a alternativa satisfaz o enunciado da questão.

Distratores:

b) O gênero *Paspalum* desempenha um papel relevante para a biodiversidade das gramíneas no Estado do Rio Grande do Sul, onde aproximadamente 10% das espécies de gramíneas pertencem a esse gênero. Além disso, suas espécies têm sido foco de programas de

melhoramento genético que visam aumentar a resistência a pragas e produzir pastagens de alta qualidade, destacando sua importância econômica e agrônômica.

Justificativa: A importância do gênero *Paspalum* é descrita na introdução do artigo: “*In the State of Rio Grande do Sul, there are 60 species of Paspalum... This is about 10% of the grass species for the State.*” Além disso, destaca-se sua relevância econômica no seguinte trecho: “*Some species of Paspalum have high forage potential and great economic and agronomic importance.*”. Portanto, a alternativa não satisfaz o enunciado da questão.

c) As espécies do gênero *Paspalum* possuem uma ampla distribuição geográfica, abrangendo regiões tropicais e subtropicais das Américas, e ocupam diversos habitats, como savanas, florestas e áreas úmidas. Essa versatilidade ecológica é acompanhada por características morfológicas marcantes, como inflorescências racemosas e espiguetas achatadas, adaptadas a diferentes condições ambientais.

Justificativa: A ampla distribuição geográfica e a diversidade de habitats são descritas na introdução do artigo: “*These species are found in different types of habitat, such as savannas, forests, saline sites, dry locations, and wetlands.*” As características morfológicas também são mencionadas: “*Primary morphological features of this group are unilateral, partially racemose inflorescences bearing paired or solitary flat-convex spikelets.*”. Portanto, a alternativa não satisfaz o enunciado da questão.

d) Estudos sobre a diversidade genética de espécies ameaçadas, como a *Paspalum rawitscheri*, são considerados prioritários, pois a variabilidade genética é essencial para a adaptação das espécies às mudanças ambientais. A utilização de marcadores ISSR tem se mostrado particularmente eficaz para avaliar a estrutura populacional e a diversidade genética, fornecendo informações fundamentais para o desenvolvimento de estratégias de conservação.

Justificativa: A relevância de estudos genéticos é destacada na introdução do artigo: “*Genetic studies of endangered species are uttermost important to species conservation plans, because genetic diversity is the raw material for species evolution.*”. Os marcadores ISSR são citados como ferramenta essencial para análises de diversidade genética: “*ISSR markers are widely used to analyze the genetic diversity and population structure of plants.*”. Portanto, a alternativa não satisfaz o enunciado da questão.

QUESTÃO 2:

Enunciado: Analise as proposições a seguir e assinale a sequência **CORRETA** de V para as verdadeiras e F para as falsas:

1. () A subpopulação de Santa Maria apresentou o menor número de indivíduos coletados entre todas as localidades avaliadas no estudo.
2. () A distância geográfica entre Santa Maria e São Martinho da Serra é de aproximadamente 400 km, enquanto Campestre da Serra e Vacaria estão separados por cerca de 70 km.
3. () A amostragem em Santa Maria foi realizada em três locais diferentes dentro de uma única propriedade rural, enquanto em São Martinho da Serra houve coleta em dois locais distintos.
4. () A subpopulação de Vacaria foi a única localizada em altitudes superiores a 800 metros, conforme os dados registrados na Tabela 1.

Gabarito:

a) F, V, V, V

Justificativa:

Proposição	Julgamento	Justificativa
1	F	<i>“The number of individuals collected varied according to the actual sizes of the natural a priori subpopulations (7–46 samples per site)”</i> . A menor coleta foi realizada em Santa Maria (7 amostras), mas o maior número foi registrado em Campestre da Serra (46).
2	V	<i>“Santa Maria and São Martinho da Serra are located in the central region of the State, approximately 400 km distant from Vacaria and Campestre da Serra, which are located in the northern region of the State.”</i>
3	V	<i>“In Santa Maria, specimens were collected at three different sites inside the same rural property... The same procedure was adopted for the two sites of São Martinho da Serra.”</i>
4	V	Conforme a Tabela 1, apenas Vacaria apresenta altitudes acima de 800 m: “869 m”. As demais localidades estão entre 222 m e 770 m.

Distratores:

b) F, F, V, V

c) F, V, F, V

d) F, V, V, F

QUESTÃO 3:

Enunciado: Com base nos resultados da pesquisa, analise as proposições a seguir e assinale a alternativa **CORRETA**:

I. A subpopulação de Vacaria apresentou a menor diversidade genética, tanto no índice de Shannon quanto na porcentagem de locos polimórficos em relação às outras subpopulações.

II. Os marcadores ISSR utilizados produziram um total de 131 fragmentos, dos quais mais de 50% foram considerados polimórficos, demonstrando alta eficiência na análise genética.

III. A maior parte da variação genética identificada na análise de variância molecular (AMOVA) foi encontrada entre as subpopulações, evidenciando forte estruturação populacional.

IV. A análise de agrupamento baseada na inferência bayesiana revelou quatro grupos genéticos distintos, mas houve mistura genética significativa entre os indivíduos das diferentes subpopulações geográficas.

Gabarito:

a) Estão corretas apenas as proposições I e IV.

Gabarito:

Proposição	Julgamento	Justificativa
I	V	<i>“The subpopulation of Campestre da Serra presented the highest genetic diversity ($h = 0.217$) and the highest Shannon diversity index ($I = 0.334$), while Vacaria presented the lowest values for genetic diversity and Shannon diversity ($h = 0.130$ and $I = 0.187$).”</i>
II	F	<i>“The six ISSR primers used resulted in a total of 131 fragments, of which 34 were polymorphic.”</i> Apenas cerca de 26% dos fragmentos foram polimórficos, não mais de 50%.
III	F	<i>“The highest variation occurred within subpopulations instead of between subpopulations... Values within subpopulations ranged from 89 to 98%, while between subpopulations there were very small values, between 2 and 11%.”</i>
IV	V	<i>“The Bayesian cluster inference performed by the Structure and Structure Harvester software revealed $K = 4$... The four genetic clusters do not correspond perfectly to a priori subpopulations, as we could expect due to the result of Mantel test.”</i>

Distratores:

- b) Estão corretas apenas as proposições I e III.
- c) Estão corretas apenas as proposições II e IV.
- d) Estão corretas apenas as proposições II e III.

QUESTÃO 4:

Enunciado: Analise as proposições a seguir e assinale a alternativa **CORRETA:**

Gabarito:

a) A análise de variância molecular (AMOVA) indicou que a maior parte da variação genética ocorre dentro das subpopulações, inclusive com valores superiores a 90% para todos os marcadores utilizados.

Justificativa: De acordo com a Tabela 4, a AMOVA revelou que a maior parte da variação genética ocorre dentro das subpopulações. Para todos os marcadores, os valores de variação dentro das subpopulações variaram de 89% a 98%: “*The highest variation occurred within subpopulations instead of between subpopulations.*”. Portanto, a alternativa está correta.

Distratores:

b) A análise bayesiana de agrupamento genético identificou quatro grupos distintos, e os indivíduos das subpopulações de Santa Maria e São Martinho da Serra formaram um único grupo genético homogêneo.

Justificativa: A Figura 4 mostra que os indivíduos de Santa Maria e São Martinho da Serra estão distribuídos em diferentes grupos genéticos, evidenciando mistura genética, como indica o trecho: “*The four genetic clusters do not correspond perfectly to a priori subpopulations.*”. Portanto, a alternativa está incorreta.

c) A Figura 4 mostra que a mistura genética entre os indivíduos das diferentes subpopulações foi insignificante, confirmando a forte correspondência entre os agrupamentos genéticos e as subpopulações geográficas.

Justificativa: A Figura 4 mostra significativa mistura genética entre os indivíduos de diferentes subpopulações, como aponta o trecho: “*The Bayesian cluster inference revealed a noticeable genetic mix between a priori subpopulations.*”. Portanto, a alternativa está incorreta.

d) A Tabela 4 indica que o marcador P4 apresentou a maior porcentagem de variação genética entre as subpopulações, enquanto os marcadores F4 e O4 tiveram variação semelhante dentro e entre subpopulações.

Justificativa: A Tabela 4 revela que o marcador P4 apresentou a maior variação entre as subpopulações (11%), mas os marcadores F4 e O4 não apresentaram variação semelhante. F4, por exemplo, mostrou apenas 6% de variação entre subpopulações, com a maior variação ocorrendo dentro das subpopulações. O texto indica: “*Between the populations: P4 = 11%, F4 = 6%, O4 = 6%*”. Portanto, a alternativa está incorreta.

QUESTÃO 5:

Enunciado: Explique as características da distribuição geográfica e ecológica de *Paspalum rawitscheri* e descreva as estratégias utilizadas pelos pesquisadores para coletar e identificar as amostras da espécie, abordando (i) o ambiente natural e as condições de habitat da espécie; (ii) as áreas geográficas abrangidas pelo estudo e a justificativa para o foco no Rio Grande do Sul; e (iii) os critérios adotados na coleta e no armazenamento das amostras.

Resposta esperada: Espera-se que o candidato demonstre conseguir compreender e sintetizar informações específicas acerca de partes cruciais do método da pesquisa. De acordo com o estudo, a *Paspalum rawitscheri* é uma gramínea endêmica dos campos de altitude do sul do Brasil, localizada no bioma Mata Atlântica. A espécie habita áreas rochosas e apresenta uma distribuição restrita, com menos de 500 km² de ocupação, em locais onde mais de 50% da vegetação original foi degradada por queimadas e agricultura. O estudo foi focado no estado do Rio Grande do Sul devido à ausência de espécimes em Santa Catarina e Paraná, apesar de coletas nesses estados. As amostras foram coletadas em quatro municípios: Santa Maria, São Martinho da Serra, Campestre da Serra e Vacaria e os pesquisadores adotaram critérios rigorosos na coleta para evitar clones, coletando folhas frescas a pelo menos 50 cm de distância entre plantas. As amostras foram armazenadas em sacos com gel de sílica e levadas ao herbário SMDB e tal abordagem assegurou a representatividade genética e a preservação do material coletado.

QUESTÃO 6:

Enunciado: Com base nas discussões dos resultados, aponte e explique as implicações dos resultados encontrados no estudo em questão para a conservação de *Paspalum rawitscheri*. Em sua resposta, aborde pelo menos dois dos três aspectos a seguir: (i) a importância da diversidade

genética para a adaptação da espécie a mudanças ambientais; (ii) a relação entre a estrutura populacional da espécie e os fatores ecológicos e antropogênicos que influenciam sua distribuição e (iii) a necessidade de estratégias de conservação para essa espécie ameaçada.

Resposta esperada: Espera-se que o candidato demonstre a capacidade de relacionar informações e de sintetizá-las de modo a contemplar pelo menos dos seguintes aspectos: (i) A conservação de *Paspalum rawitscheri* está diretamente relacionada à sua diversidade genética e estrutura populacional. Primeiramente, a baixa diversidade genética observada nas populações, especialmente em locais como Vacaria, compromete a capacidade de adaptação da espécie a mudanças ambientais. A diversidade genética é essencial para a resposta da espécie a estressores ambientais, como mudanças climáticas e degradação do habitat, pois a falta de diversidade pode tornar a espécie mais vulnerável a doenças e eventos ambientais extremos. (ii) Em relação à estrutura populacional, o estudo mostrou que a maior variação genética ocorre dentro das subpopulações, sugerindo que fatores ecológicos e antropogênicos, como a fragmentação do habitat e a falta de conectividade entre populações, limitam o fluxo gênico. A expansão agrícola, queimadas e outros impactos humanos têm fragmentado ainda mais o habitat de *Paspalum rawitscheri*, exacerbando o risco de extinção. (iii) Portanto, é essencial adotar estratégias de conservação para garantir a sobrevivência da espécie, incluindo a criação de áreas protegidas, programas de restauração ecológica e conservação ex situ. Estratégias como essas têm a capacidade de ajudar a preservar a diversidade genética e de promover o fluxo gênico entre as populações.