

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
DEPARTAMENTO DE APOIO A PESQUISA
PROGRAMA INSTITUCIONAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Desenvolvimento e caracterização de primers para a amplificação de locos
microsatelites cloroplastidiais cpSSR em palmeiras do gênero *Euterpe*,
Astrocarym e *Bactris*.

BOLSISTA: THIAGO WILLIAN MOREIRA CAMPELO

Manaus
2013

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
DEPARTAMENTO DE APOIO A PESQUISA
PROGRAMA INSTITUCIONAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

RELATÓRIO PARCIAL
PIB-B/0106/2012

Desenvolvimento e caracterização de primers para a amplificação de locos
microsatelites cloroplastidiais cpSSR em palmeiras do gênero *Euterpe*,
Astrocarym e *Bactris*.

Bolsista: THIAGO WILLIAN MOREIRA CAMPELO
Orientador: Prof.^a Dr.^a Doriane Picanço Rodrigues

Manaus
2013

SUMÁRIO

1. RESUMO
2. INTRODUÇÃO
3. MATERIAL E MÉTODOS
4. RESULTADOS
5. DISCUSSÃO
6. REFERÊNCIAS
7. CRONOGRAMA DE ATIVIDADES
 - Anexo I Síntese do Banco de Dados de cpDNA
 - Anexo II Fotos amplificação de PCR
 - Anexo III Tabela das característica das sequências de regiões de DNA

1 Resumo

Este projeto buscou desenvolver e caracterizar marcadores microssatélites de regiões cpDNA de cloroplastos para apoiar os estudos sobre a variabilidade e estrutura genética de espécies do gênero *Euterpe*, *Astrocaryum* e *Bactris*, entender a dinâmica evolutiva das mesmas para apoiar sua conservação, tanto in situ como ex situ e seu manejo. Foram utilizadas 20 plantas de cada espécie de diferentes localidades para os testes de amplificação. O DNA foi extraído com o método CTAB 2% e quantificado do DNA genômico foi realizada em gel de agarose 0,8 % (p/v) corado com Brometo de Etídio. Os “primers” foram desenvolvidos a partir de 8 regiões cpDNA, as quais foram amplificadas para as espécies: *Euterpe precatória*, *Astrocaryum aculeatum*, *Astrocaryum murumuru*, *Astrocaryum jauari* e *Bactris gasiapes*, *Mauritia flexuosa*. Após a obtenção da sequências, as mesmas foram alinhadas e selecionadas quanto a presença de microssatélites. Foram desenhados 20 primers microssatélites de 5 regiões cpDNA.

Palavras-chaves : cpDNA , Marcadores SSR, Arecaceae, Filogeografia.

2. Introdução

A filogeografia tem sido utilizada como uma poderosa ferramenta no entendimento da estrutura de populações e da evolução de espécies, possibilitando fortes inferências sobre a distribuição de genes em função da distribuição geográfica das espécies (AVISE, 2000). Além disso, emprega padrões de diferenciação e similaridade para entender as localizações e disjunções que populações tiveram no passado, bem como a história biogeográfica que pode ter determinado os padrões que observamos atualmente (HEWITT, 2001).

Dentre as regiões mais informativas do genoma de cloroplasto destacam-se os DNA microssatélites (cpSSR), que são repetições relativamente curtas e seu tamanho varia de 1 a 6pb. A natureza desses marcadores provavelmente está relacionada a erros ocorridos na replicação do DNA causados pela DNA polimerase (NAHUM, 2004). Os marcadores cpSSR tem-se demonstrado uma ferramenta alternativa importante para a estimativa de diversidade genética e descrição da estrutura genética e fluxo gênico histórico em populações de plantas, especialmente por apresentar herança uniparental (MORGANTE & OLIVIERI, 1993; PROVAN et al., 2001).

A compreensão da estrutura genética de uma espécie é fundamental para orientar a prospecção de recursos genéticos, o manejo e o melhoramento genético. Esta informação está começando a ser gerada na Amazônia para espécies como: mandioca, caiaué, guaraná, pupunha, cacau, açaí-do-pará etc., mas a maioria das espécies ainda carece de qualquer informação genética. Dentre estas se destacam o açaí-do-amazonas (*Euterpe precatoria*), pupunha (*Bactris gasipaes*) e o tucumã-do-Amazonas (*Astrocaryum aculeatum*).

O açaí-do-amazonas é comum na Amazônia Central e Ocidental, incluindo as fronteiras entre Brasil, Peru e Colômbia (CASTRO e BOVI, 1993). É uma espécie de relevância econômica, social e ambiental para a região pelo uso de seus frutos na alimentação das populações tradicionais, e ultimamente como fonte de renda, fato este observado pelo aumento da exportação. Essa característica vem aumentando o consumo do produto para além da fronteira amazônica e consolidando perspectivas promissoras nos mercados nacional e internacional, atraindo o interesse de produtores e empresários pelo seu cultivo. Além dos frutos, o palmito poderá ampliar o sistema de produção familiar dessas comunidades. Diversos projetos de extração com centros de processamento estão sendo montados ao longo do Rio Solimões e a avaliação

da variabilidade e da estrutura genética de suas populações contribuirão para futuros projetos de manejo e conservação.

O tucumã-do-Amazonas é nativo da Amazônia Central e a demanda por seu fruto – rico em amido, óleo e beta-caroteno, com bom sabor para consumo in natura – está em franca expansão em Manaus. A Embrapa Agroenergia o considere uma prioridade, e a UFAM iniciou um programa de melhoramento, apoiado pelo CNPq e FAPEAM. A avaliação da variabilidade e da estrutura genética de tucumã-do-Amazonas na Amazônia Central ajudará orientar futuras prospecções pela Embrapa Amazônia Ocidental e a UFAM, e tentará identificar o centro de diversidade da espécie.

A pupunha foi domesticada nos Neotrópicos e hoje é um agronegócio para seu palmito. Sua origem como cultivo (*B. gasipaes* var. *gasipaes*) tem sido debatida por mais de um século, com três hipóteses atualmente em discussão: um evento único de domesticação no sudoeste da Amazônia (CLEMENT, 1995) ou noroeste da Colômbia (MORCOTE-RIOS & BERNAL, 2001); ou múltiplos eventos de domesticação na distribuição das populações silvestres (MORA-URPÍ, 1993, 1999). Clement defendeu a opção parcimoniosa, pois a maioria das domesticações surgiu de eventos únicos, e o sudoeste da Amazônia por causa da proposta de Huber (1904). MORCOTE-RIOS & BERNAL trabalharam a partir de informações arqueológicas e da distribuição de var. *chichagui* tipo 3 para defender uma domesticação no noroeste. Mora-Urpí defendeu vários eventos, dada a ampla distribuição das populações silvestres, e as frequentes semelhanças fenotípicas entre populações silvestres e cultivadas adjacentes, demonstrado a ser parcialmente devido à hibridização (COUVREUR et al., 2006).

Uma análise com duas sequências do genoma do cloroplasto, que tem herança materna e, portanto, sendo mais apropriado para testar a hipótese, sugere que a pupunha cultivada foi domesticada duas vezes, ambos os eventos, aparentemente, no sudoeste da Amazônia. Um evento provavelmente ocorreu na bacia do Rio Ucayali, no sudeste do Peru, e a pupunha cultivada foi dispersa por todo o oeste da Amazônia, e noroeste da América do Sul até América Central. Um outro evento provavelmente ocorreu na bacia alta do Rio Madeira ou em áreas imediatamente adjacentes e a pupunha cultivada foi dispersa ao longo do Rio Madeira para Amazônia Oriental (CRISTO-ARAÚJO, 2012 Comunic. Pessoal). No entanto para que estes resultados sejam confirmados se torna necessário a utilização de um número maior de

marcadores.

Nas plantas em geral e nas espécies tropicais, em particular, estudos envolvendo análise filogeográfica são recentes e considerados muito importantes devido ao grande interesse em elucidar os fatores que determinam a estrutura genética atual das populações de plantas (HEWITT, 2000, DICK et al., 2007).

Para isso, marcadores moleculares para estudos populacionais e filogeográficos que sejam altamente polimórficos e com altas taxas de mutações estão cada vez mais sendo requeridos. Entre os mais utilizados estão marcadores moleculares baseados em sequências polimórficas de genoma de cloroplasto (cpDNA) que são especialmente úteis na compreensão da variabilidade e estrutura genética das populações, gerando informação para a conservação e melhoramento genético (PROVAN et al., 2001).

Dentre as regiões mais informativas do genoma de cloroplasto destacam-se os DNA microssatélites (cpSSR), que tem-se demonstrado uma ferramenta alternativa importante para a estimativa de diversidade genética e descrição da estrutura genética e fluxo gênico histórico em populações de plantas, especialmente por apresentar herança uniparental (MORGANTE & OLIVIERI, 1993; PROVAN et al., 2001).

As regiões VNTRs têm um grande potencial para estudos de genética de população e delimitação de espécies de palmeiras. Eles já foram utilizados com sucesso em vários estudos, como por exemplo,, o mini-satélite dodecanucleotideo da região psbZ-trnfM mostrou haplótipos privados fixos que permitiu a separação de espécies estreitamente relacionadas de *Phoenix* e hibridação interespecífica de rastreamento.

Portanto, esta proposta desenvolveu e caracterizou marcadores microssatélites para amplificação de microssatélites cloroplastidiais (cpSSR) de oito regiões cpDNA para testar amplificação em palmeiras do gênero *Euterpe*, *Astrocarym* e *Bactris*, para aplicar em estudos filogeográficos e conseqüentemente apoiar os estudos sobre variabilidade e estrutura genética deste conjunto de espécies amazônicas, bem como obterá informação visando entender a dinâmica evolutiva das mesmas para apoiar sua conservação, tanto in situ como ex situ, e seu manejo nas comunidades da Amazônia Central.

2. Material e Métodos

2.1 Material

Foram amostradas 20 plantas amostradas de cada espécie (*Euterpe precatoria*, *Astrocaryum aculeatum* e *Bactris gasiapes*) diferentes localidades da região Amazônica para os testes de caracterização dos primers desenvolvidos ssR cpDNA. Amostras de DNA de *Astrocaryum murumuru*, *Astrocaryum jauari* e *Mauritia flexuosa* foram utilizadas para obtenção de sequências, que foram utilizadas para desenho de primers em regiões consensos destas espécies, o que permite uma amplificação em várias espécies do gênero ou até entre espécies dos locos desenvolvidos. As folhas foram armazenadas em sacos com sílica gel a 20 °C em freezer. A amostragem foi realizada com apoio do Projeto Evolução Aplicada aos Cultivos Amazônicos (CT/AMAZÔNIA 575588/08-0) e foram mantidas no Laboratório de Evolução Aplicada na Universidade Federal do Amazonas.

2.2 Extração, Quantificação do DNA

O DNA genômico total foi extraído a partir de amostras das folhas usando o método CTAB (DOYLE & DOYLE, 1987), com modificações. A quantificação do DNA genômico foi realizada em gel de agarose 0,8 % (p/v) corado com Brometo de Etídio, por comparações visuais de sua fluorescência com aquelas de padrões de massa molecular conhecida de DNA do fago lambda. Incluiu-se as análises, amostras já extraídas de DNA com o mesmo método, são elas: *Astrocaryum murumuru*, *Mauritia flexuosa*, *Astrocaryum jauari*,

2.3 |Amplificação de regiões variáveis de cpDNA (VNTRs)

Foram testados para amplificação 8 pares de *primers* de segmentos de cpDNA desenvolvidos por Scarcelli *et al.* (2011) para estudos de genética de populações e filogenia em Monocotiledôneas, as quais foram selecionadas com base no seu conteúdo de informação de polimorfismo para a família Arecaceae, no que diz respeito as regiões VNTR (regiões de repetição do genoma). A amplificação foi realizada via Reação em Cadeia da Polimerase – PCR, segundo Williams *et al.* (1990), num volume total de 25µl contendo 2µl de cada *primer Forward e Reverse* (2pmol/µl); 0,2µl de Taq DNA Polimerase (5U/µl); 1,5µl de dNTP(2,5mM/µl); 2,5 µl Tampão 10X KCL; 2µl de BSA (Bovine Serum Albumin)(2,5mg/µl); 1,5µl de MgCl₂ (25mM/µl); 3µl de DNA(10ng/µl) e

9,8µl de água ultrapura.

As reações foram realizadas em termociclador Veriti (Applied Biosystems, German), nas seguintes condições: (1) desnaturação inicial a 94°C / 3 min, seguida de 30 ciclos de (2) desnaturação a 94°C / 30 s; (3) anelamento na temperatura específica de cada *primer* / 30 s; (4) extensão a 72°C / 1 min, e uma etapa de extensão final a 72°C / 10 min.

A amplificação dos locos foi confirmada pela análise dos produtos amplificados após eletroforese em gel de agarose 1% corado com Brometo de Etídio, em transiluminador sob luz ultravioleta e fotodocumentadas. As reações foram guardadas sob refrigeração para análises de sequenciamento.

2.3. Sequenciamento das regiões cpDNA

Foram testados para amplificação 20 pares de *primers* de segmentos de cpDNA desenvolvidos por Scarcelli *et al.* (2011) para estudos de genética de populações e filogenia em Monocotiledôneas, os quais foram selecionados com base no seu conteúdo de informação de polimorfismo para a família Arecaceae. A amplificação foi realizada via Reação em Cadeia da Polimerase – PCR, segundo Williams *et al.* (1990), num volume total de 25µl contendo 2µl de cada primer *Foward* e *Reverse* (2pmol/µl); 0,2µl de Taq DNA Polimerase (5U/µl); 1,5µl de dNTP (2,5mM/µl); 2,5 µl de Tampão 10x KCL; 2µl de BSA (Bovine Serum Albumin)(2,5mg/µl); 1,5µl de MgCl₂ (25mM/µl); 3µl de DNA(10ng/µl) e 8µl de água ultrapura. As reações foram realizadas no termociclador Veriti (Applied Biosystems, German), nas seguintes condições: (1) desnaturação inicial a 94°C por 3 minutos, seguida de 30 ciclos de (2) desnaturação a 94°C por 30 segundos; (3) anelamento na temperatura específica de cada primer por 30 segundos; (4) extensão a 72°C por 1 minuto, e uma etapa de extensão final a 72°C por 10 minutos.

2.4 Identificação dos marcadores, Alinhamento das sequencias e Desenho dos iniciadores de microssatélites cpSSR

Para identificação dos microssatélites dentro das seqüências obtidas será utilizada a ferramenta de edição de seqüências Genius disponível na página<<http://www.geneious.com/>>. Após a edição das seqüências utilizou o alinhamento das oito 8 regiões de cada espécie, obtidas a partir de download do Gene Bank (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/) e de seqüências obtidas pelo

projeto.

Os primers SSR cpDNA foram desenhados a partir das regiões consenso de cada região analisada, com o auxílio do programa Primer3, disponibilizado na internet, de acordo com os seguintes critérios: não conter bases redundantes; estar a uma distância adequada dos SSRs (entre 20 a 60 pb); ser constituídos por 18 a 22 nucleotídeos sem seqüências repetitivas; conter uma porcentagem de bases G e C entre 40 a 60%; começar em 5' e terminar em 3' com duas bases G, ou C, ou G e C, se possível; e ter temperatura de anelamento entre 45 e 60 °C, com diferença máxima de 1 °C entre as temperaturas dos iniciadores direto e reverso, de modo que possam ser usados na mesma reação e não hibridizarem entre si, ou se auto-hibridizarem.

2.5 Amplificação de locos de ssr cpDNA após o desenvolvimento

Os locos cpSSR serão amplificados e analisados sob eletroforese em gel de poliacrilamida 5% em um seqüenciador automático de DNA ABI Prism 377 (Applied Biosystems, Inc.). Um dos primers de cada par utilizado será previamente marcado com um fluorocromo específico (FAM, TET, HEX). As amostras serão preparadas da seguinte forma: 1 L do PCR previamente diluído, 1,5 L de tampão de carregamento Loading Buffer (200 L de formamida + 40 L de tampão Blue Dextran) e 0,5 L de marcador interno de peso molecular GeneScan N-500 TAMRA (Applied Biosystems, Inc.). Os produtos amplificados serão analisados por meio do programa GeneScan e Genotyper (Applied Biosystems, Inc., 1993; 1994), visando estimar o tamanho dos alelos.

2.6 Análise Genética

As frequências alélicas para cada locus microssatélite serão calculadas com auxílio do programa CONVERT (Glaubitz, 2004). As estimativas de diversidade genética [o número de alelos (A), a heterozigosidade observada (Ho) e esperada (He) com respectivos desvios padrão (SE), o coeficiente de endogamia (f)] serão calculadas para cada população utilizando o programa GENETIX (Belkhir et al., 2000). Para levar em conta as diferenças nos tamanhos amostrais calcularemos riqueza alélica (Petit et al., 1998), uma estimativa do número de alelos para um tamanho de amostra comparável. O

grau de diferenciação das populações será quantificado pela estimativa de F_{st} entre os pares com auxílio do Programa Arlequin v.3.01.

3. Resultados e Discussão

3.1 Extração e Quantificação do DNA

A extração do DNA genômico de uma amostra de cada espécie de palmeiras proposta, sendo elas : *Astrocaryum aculeatum*, *Bactris gasipaes*, *Euterpe precatória*, foi realizada com sucesso usando o método CTAB descrito por Doyle & Doyle (1987), com modificações. Apresentando concentração suficiente e qualidades para as análises posteriores de amplificação e sequenciamento.

3.2 Amplificação das sequências de cpDNA

A amplificação via PCR das sequências de cloroplastos (cpDNA), obteve-se sucesso para as 8 regiões desenvolvidas para monocotiledôneas. As análises da amplificação das sequências de cpDNA para as seis amostras (uma de cada espécie) testadas foi positiva. Obtendo-se produtos de PCR do tamanho estimado para as regiões de cpDNA conforme descrito na literatura. As temperaturas de anelamento otimizadas para cada par de *primers* e o tamanho aproximado dos fragmentos são apresentadas na Figura 1a e 1b.

3.3 Construção do Banco de Dados de Sequências de cpDNA

Também foram realizadas buscas no GenBank, para sequências de cpDNA das regiões analisadas acima, para tanto foi montado um banco de sequências cpDNA para futuro alinhamento e comparação com as que serão obtidas pelo projeto após o sequenciamento. Uma prévia do banco de dados é apresentada no anexo 1.

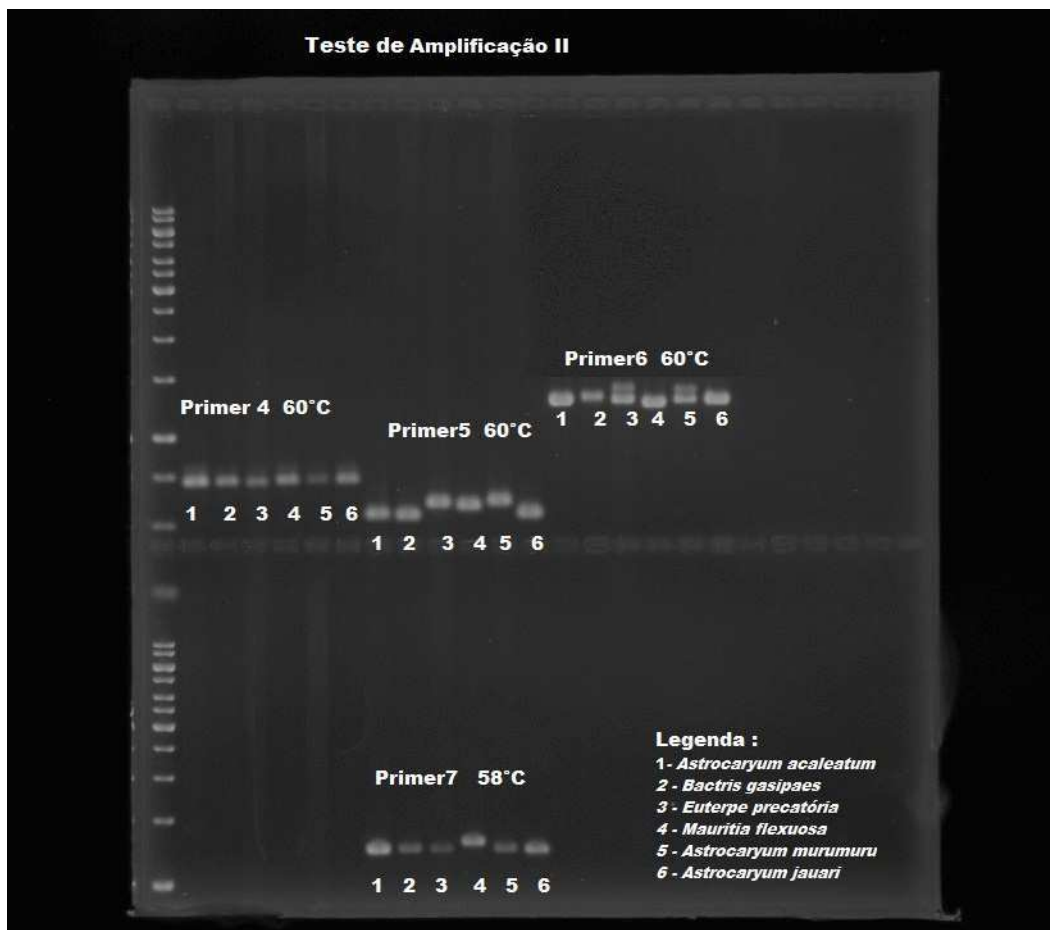
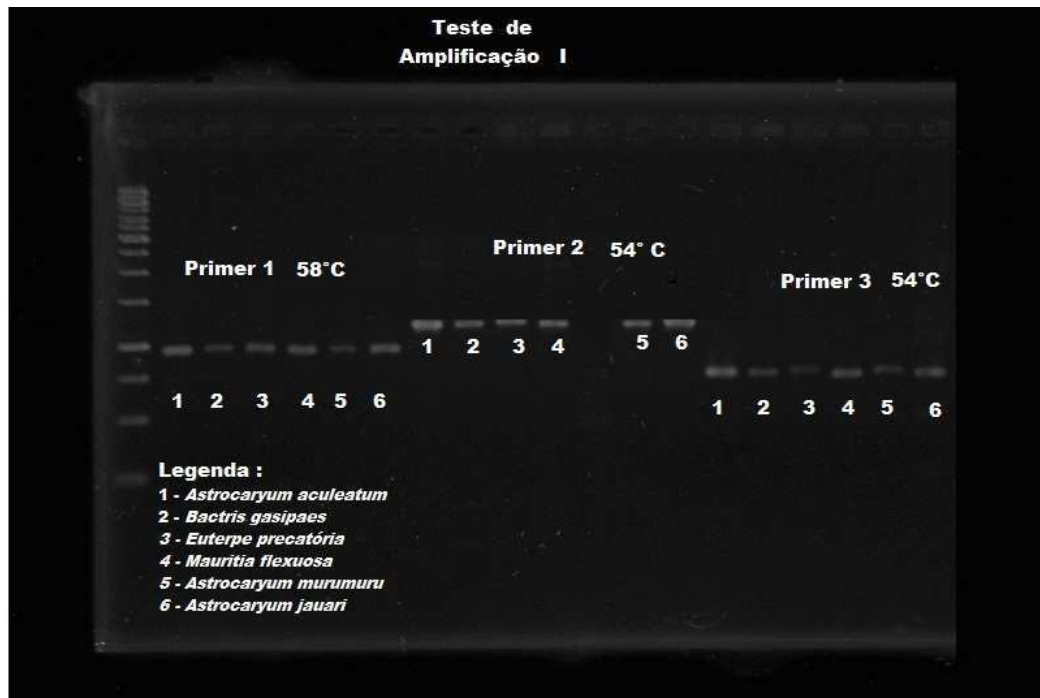


Figura 1(a) e (b). Teste de amplificação das regiões de cpDNA contra as seis espécies estudadas descritas acima.

3.4. Sequenciamento e Desenho dos primers SSR cpDNA.

Foram sequenciados 400-600pb de cada uma das oito regiões cpDNA cloroplastia, destas cinco regiões apresentaram melhor qualidade nos eletroferogramas, o que permitiu o alinhamento e a busca sequências repetitivas de microssatélites. A partir das sequências destas cinco regiões foram desenhados 20 pares de “primers” microssatélites, os estão descritos na tabela 1. Foi observado que para todos os primers desenhados as regiões que fraqueam os microssatélites foram conservados para as cinco espécies aqui avaliadas.

3.5. Caracterização dos SSR cpDNA

A caracterização dos SSR cpDNA ainda foram concluídas pois houve um atraso na síntese de oligos pela empresa Prodimol, o qual chegara na segunda semana de agosto, o que impediu que o projeto deixasse de concluir a ultima meta de caracterização dos locos microssatélites aqui desenvolvidos.

2. Referências

BELKHIR, K.; GOUDET, J.; CHIKHI, L.; BONHOMME, F. Genetix (ver. 4.01), logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations. Montpellier, France. 2000.

BORÉM, A.; LOPES, M.T.G.; CLEMENT, C.R. Domesticação e melhoramento de plantas – espécies amazônicas. Viçosa: Editora da Univ. Fed. Viçosa, 2009.

BOVI, M.L.A.; CASTRO, A. Assaí. In: CLAY, J.W.; CLEMENT, C.R. (Eds.). Selected species and strategies to enhance income generation from Amazonian forests. FO: Misc/93/6 Working Paper, Forestry Dept., FAO, Roma, 1993. pp. 58-67.

CLEMENT, C.R. 1492 and the loss of Amazonian crop genetic resources. I. The relation between domestication and human population decline. *Economic Botany*, New York, v.53, n.2, p.188-202, 1999

CLEMENT, C.R.; CORNELIUS, J.P.; PINEDO-PANDURO, M.H.; YUYAMA, K. Native fruit tree improvement in Amazonia. In: AKINNIFESI, F.K.; LEAKEY, R.R.B.; AJAYI, O.C.; SILESHI, G.; TCHOUNDJEU, Z.; MATAKALA, P.; KWESIGA, F.R. (Eds.). *Indigenous fruit trees in the tropics: Domestication, utilization and commercialization*. Wallingford, UK: CABI Publishing, 2008. pp. 110-119.

CLEMENT, C.R.; LLERAS PÉREZ, E.; VAN LEEUWEN, J. O potencial das palmeiras tropicais no Brasil: Acertos e fracassos das últimas décadas. *Agrociencias*, Montevideo, v.9, n.1-2, p.67-71, 2005.

COCKERHAM, C.C.; WEIR, B.S. Variance of actual inbreeding. *Theoretical Population Biology*, San Diego, v.23, n.1, p.85-109, 1983.

COSTA, J.R.; van LEEUWEN, J.; COSTA, J.A. Tucumã-do-amazonas, *Astrocaryum tucuma* Martius. In: SHANLEY, P.; MEDINA, G. (Eds.). *Frutíferas e plantas úteis na vida amazônica*. Belém: CIFOR, Imazon, 2005. p.215-222.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, v.19, p.11-15, 1987.

EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, v.1, p.47-50, 2005.

GAIOTTO, F.A.; BRONDANI, R.P.V.; GRATTAPAGLIA, D. 2001. Microsatellite markers for Heart of Palm—*Euterpe edulis* and *E. oleracea* Mart. (Arecaceae). *Molecular Ecology Notes*, v.1/2, p.86–88, 2001.

KAHN, F.; MOUSSA, F. Economic importance of *Astrocaryum aculeatum* (Palmae) in Central Brazilian Amazonia. *Acta Botanica Venezuelica*, Caracas, v.22, n.1, p.237-245, 1999.

LOPES, M.T.G.; MACÊDO, J.L.V.; LOPES, R.; van LEEUWEN, J.; RAMOS, S.L.F.; BERNARDES, L.G. Domesticação e melhoramento do Tucumã-do-amazonas. In: BORÉM, A.; LOPES, M.T.G.; CLEMENT, C.R. (Eds.). Domesticação e melhoramento de plantas – espécies amazônicas. Viçosa: Editora da Univ. Fed. Viçosa, 2009. pp.

NASS, L.L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). Recursos genéticos & melhoramento - plantas. Rondonópolis, MT: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso - Fundação MT, 2001. pp. 29-56.

PROVAN, J.; POWELL, W. and HOLLINGSWORTH, P. M. Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and evolution. *Trends in Ecology & Evolution*, v.16, n.3, p. 142-147, 2001.

RICE, W.R. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, v.43, p.223-225, 1989.

RITLAND, K. Multilocus mating system program – MLTR Version 3.0. Vancouver, 2004. Disponível em:

<http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. *Heredity*, v.47, p.35-52, 1981.

RITLAND, K. Marker-inferred relatedness as a tool for detecting heritability in nature. *Molecular Ecology*, Oxford, v.9, p.1195–1204, 2000.

COSTA, J.R.; van LEEUWEN, J.; COSTA, J.A. Tucumã-do-amazonas, *Astrocaryum tucuma* Martius. In: SHANLEY, P.; MEDINA, G. (Eds.). *Frutíferas e plantas úteis na vida amazônica*. Belém: CIFOR, Imazon, 2005. p.215-222.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, v.19, p.11-15, 1987.

EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, v.1, p.47-50, 2005.

GAIOTTO, F.A.; BRONDANI, R.P.V.; GRATTAPAGLIA, D. 2001. Microsatellite markers for Heart of Palm—*Euterpe edulis* and *E. oleracea* Mart. (*Arecaceae*). *Molecular Ecology Notes*, v.1/2, p.86–88, 2001.

KAHN, F.; MOUSSA, F. Economic importance of *Astrocaryum aculeatum* (*Palmae*) in Central Brazilian Amazonia. *Acta Botanica Venezuelica*, Caracas, v.22, n.1, p.237-245, 1999.

LOPES, M.T.G.; MACÊDO, J.L.V.; LOPES, R.; van LEEUWEN, J.; RAMOS, S.L.F.; BERNARDES, L.G. Domesticação e melhoramento do Tucumã-do-amazonas. In: BORÉM, A.; LOPES, M.T.G.; CLEMENT, C.R. (Eds.). *Domesticação e melhoramento de plantas – espécies amazônicas*. Viçosa: Editora da Univ. Fed. Viçosa, 2009. pp.

NASS, L.L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). *Recursos genéticos & melhoramento - plantas*. Rondonópolis, MT: Fundação

de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso - Fundação MT, 2001. pp. 29-56.

PROVAN, J.; POWELL, W. and HOLLINGSWORTH, P. M. Chloroplast microsatellites: new tools for studies in plant ecology and evolution. *Trends in Ecology & Evolution*, v.16, n.3, p. 142-147, 2001.

RICE, W.R. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, v.43, p.223-225, 1989.

RITLAND, K. Multilocus mating system program – MLTR Version 3.0. Vancouver, 2004. Disponível em:
<<http://genetics.forestry.ubc.ca/ritland/programs.html>>

RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. *Heredity*, v.47, p.35-52, 1981.

RITLAND, K. Marker-inferred relatedness as a tool for detecting heritability in nature. *Molecular Ecology*, Oxford, v.9, p.1195–1204, 2000.

Anexo 1 Síntese do Banco de Dados de cpDNA

1.1 Região Região ndhG_ndhI

>gi|340804015|gb|JF745749.1| *Astrocaryum murumuru* voucher A. Perez 718 (CAY) NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 6 (ndhG) and NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit I (ndhI) genes, partial cds; chloroplast

ACGGAAGATAAAAAATCTGTTGATAAAATGAATACCAATTTGTTGAATGTTACTTATTAGGTCCTGTTCCAT
AATCTGGCTTGATCTTGTAGTCCAAAAAATTCGGTACCATGACGTATCTGGGATAATAGTAATTAGTGAA
AAAAGAATACTTGTACAAACCAGTGAAGTGACCCCATCTCCAATGGTCCAAAAATAGGAATCATTGGAAT
ATTCTGAACCATTTCATGAACATTACAGCAAATATGATTAAGACATTTATAGCTCCAACATAAATAAGGAG
CTGTGCGGCAGCTACAAAAATAGGAATTCGATAGAATATAGAATAAGGATATACAAACAAGAACCAATCCC
AACGAAAAAGGCAGAAAAAATGGGATTGGTAAGTAATACTACTCCAGACCTCCTAATACAAGAACTGATC
CAAAAAATACTACAAGAATATCATGTATTGGTCCGGGTAAATCCATTATTAATAAATAAATAAATAAAT
AAGTCGAAATATTTTCATGACCTTACTGAATGGTCCAGGAAAGGAAAAGGGGTTGCCCATTTTTTTTCTTG
TCTTGTATATGATACATTCTAATTGAATTAAAACTTTTTTTTATATGGATTAATGTAGATATAGATAAAA
TTTTTCGAGAAAAGAGTAATGGGGATTGTATATTTTCGAAATCATCACGAAAAATATATTTCTCAGTTTAAAT
CAAAGATAAATCTCAACAATCAATAATTATTAGTTATTATTGTTAGTTACTGACCAAAACAATAAAAA
AGCTTGGGCTTTTTATATCAAAACAAAAATTTTAGTAATTGGTAATCGTTCCTTGAATCAAAGGGTTTATCT
TTGTCTATTTTGATTTGAGTCGAATTCATAACTGTTTGAATTGTATAATCTCCAATTATTGACATTGGTA
ACCGACCCAAAAGCAATTTGATTATAAATCAATTCGTGACGATCAGAAGTGGAAAGTTCATATTCTTCAGT
CATTGATAAACAGTTTGTGGACAATACTCGACACAATTACCACAAAATATACAGACCCCAAAATCAATA
CTATAATTAAGCAATTGTTTTTTTTTAAATATCTCTTTCAAATCTCCAATCTACAACGGGTAGAT

>gi|340804018|gb|JF745750.1| *Astrocaryum scopatum* voucher F. Kahn 2563 (P) NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 6 (ndhG) and NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit I (ndhI) genes, partial cds; chloroplast

ACGGAAGATAAAAAATCTGTTGATAAAATGAATACCAATTTGTTGAATGTTACTTATTAGGTCCTGTTCCAT
AATCTGGCTTGATCTTGTAGTCCAAAAAATTCGGTACCATGACGTATCTGGGATAATAGTAATTAGTGAA
AAAAGAATACTTGTACAAACCAGTGAAGTGACCCCATCTCCAATGGTCCAAAAATAGGAATCATTGGAAT
ATTCTGAACCATTTCATGAACATTACAGCAAATATGATTAAGACATTTATAGCTCCAACATAAATAAGGAG
CTGTGCGGCAGCTACAAAAATAGGAATTCGATAGAATATAGAATAAGGATATACAAACAAGAACCAATCCC
AACGAAAAGGCAGAAAAAATGGGATTGGTAAGTAATACTACTCCAGACCTCCTAATACAAGAACTGATC
CAAAAAATACTACAAGAATATCATGTATTGGTCCGGGTAAATCCATTATTAATAAATAAATAAATAAATAGTC
GAAATATTTTCATGACCTTACTGAATGGTCCAGGAAAGGAAAAGGGGTTGCCCATTTTTTTTCTTGTCTTG
TATATGATACATTCCCTAATTGAATTAAAACTTTTTTTTATATGGATTAATGTAGATATAGATAAAAATTTTC
GAGAAAAGAGTAATGGGGATTGTATATTTTCGAAATCATCACGAAAAATATATTTCTCAGTTTAAATCAAAG
AATAATTCTCAACAATCAATAATTATTAGTTATTATTTGTAGTTACTGACCAAAACAATAAAAAAGCTT
GGGTCTTTTATATCAAAACAAAAATTTTAGTAATTGGTAATCGTTCCTTGAATCAAAGGGGTTTATCTTTGTC
TATTTTGATTGAGTCGAATTCATAACTGTTTGAATTGTATAATCTCCAATTATTGACATTGGTAACCGA
CCCAAAGCAATTTGATTATAAATCAATTCGTGACGATCAGAAGTGGAAAGTTCATATTCTTCAGTCATTG
ATAAACAGTTTGTGGACAATACTCGACACAATTACCACAAAATATACAGACCCCAAAATCAATACTATA
ATTAAGCAATTGTTTTTTTTTAAATATCTCTTTCAAATCTCCAATCTACAACGGGTAGAT

>gi|340804024|gb|JF745752.1| *Ceroxylon echinulatum* voucher F. Borchsenius 639 (AAU) NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 6 (ndhG) and NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit I (ndhI) genes, partial cds; chloroplast

ACGGAAGATAAAAAATCTGTTGATAAAATGAATACCAATTTGTTGAATGTTACTTATTAGGTCCTGTTCTAT
AATCTGGCTTGATCTTGTAGTCCAAAAAATTCGGTACCATGACGTATCTGGGATAATAGTAATTAGTGAA
AAAAGAATACTTGTACAAACCAGTGAAGTGACCCCATCTCCAATGGTCCAAAAATGGGAATCATTGGAAT
ATTCTGAACCATTTCATGAACATTACAGCAAATATGATTAAGACATTTATGGCTCCAACATAAATAAGGAG
CTGTGCGGCAGCTACAAAAATAGGAATTCGATAGAATATAGAATAAGGATATACAAACAAGAACCAATCCC
AACGAAAAAGGCAGAAAAAATGGGATTGGTAAGTAATACTACTCCAGACCTCCTAATACAAGAACTGATC
CAAAAAATACTACAAGAATATCATGTATTGGTCCAGGTAAATCCATTATTAATAAATAAATAAATAAAT
AAGTCGAAATATTTTCATGACCTTACTAAATGGTCCAGGAAAGGAAAAGGGGTTGCCCATTTTTTTTTCT
TTGTATATGATACATTCTAATTGAATTATAAAACTTTTTTTTTATATGGATTAATGTAGATATAGATAAAA
ATTATCGAGAAAAGAGTAATGGGGATTGTATATTTTCGAAATCATCACGAAAAATATATTTCTCAGTTTAAAT

TCAAAGAAGAATTCTCAACAATCAATAATTATTAGTTATTATTTGTAGTTACTGACCAAACAAAAA
AAAAAGCTTGGGTCTTTTATATCAAACAATACTTAGTAATTGGTAATCGTTCTTGAATCAAAGGGTTTA
TCTTTGTCTATTTTGTATTTGAGTTCGAATTCATAACTGTTTGAATTGTGTAATCTCCAATTATTGACATTG
GTAACCGACCCAAAAGCAATTTGATTGTAATTCGAATTCGTGACGATCAGAAGTAGAAAGTTTCATATTCTTC
AGTCATTGATAAACAGTTTGTGGACAATACTCGACACAATACCACAAAATATACAGACCCCAAAATCA
ATACTATAATTAAGCAATTGTTTTTTTTAATATCTCTTTCAAATCTCCAATCAACAACGGGTAGAT

>gi|340804021|gb|JF745751.1| Ceroxylon echinulatum voucher F.
Borchsenius 647 (AAU) NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 6
(ndhG) and NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit I (ndhI) genes,
partial cds; chloroplast

ACGGAAGATAAAAAATCTGTTGATAAATGAATACCAATTTGTTGAATGTTACTTATTAGGTCCTGTTCTAT
AATCTGGCTTGATCTTGTAGTCCAAAAAATCCCGTACCATGACGTATCTGGGATAATAGTAATTAGTGAA
AAAAGAATACTTGTACAAACAGTGAAGTGACCCCATCTCCAATGGTCCAAAAATGGGAATCATTGGAAT
ATTCTGAACCATTCATGAACATTACAGCAAATATGATTAAGACATTTATGGCTCCAACATAAATAAGGAG
CTGTGCGGCAGCTACAAAATAGGAATTCGATAGAATATAGAATAAGGATATACAACAAGAACCAATCCC
AACGAAAAGGCAGAAAAAATGGGATTGGTAAGTAATACTACTCCCAGACCTCCTAATACAAGAACTGATC
CAAAAAATACTACAAGAATATCATGTATTGGTCCAGGTAAATCCATTATTAAAATGATAAATTAATAAAT
AAGTCGAAATATTTTCATGACCTTACTAAATGGTCCAGGAAAGGAAAGGGGTTGCCCATTTTTTTTTTTC
TTGTATATGATACATTCCTAATTGAATTATAAACTTTTTTTTTTATATGGATTAATGTAGATATAGATAAA
ATTATCGAGAAAAAGAGTAATGGGGATTGTATATTTTCGAAATCATCACGAAAAATATATTTCTCAGTTTAAA
TCAAAGAAGAATTCTCAACAATCAATAATTATTAGTTATTATTTGTAGTTACTGACCAAACAAAAA
AAAAGCTTGGGTCTTTTATATCAAACAATACTTAGTAATTGGTAATCGTTCTTGAATCAAAGGGTTTA
TCTTTGTCTATTTTGTATTTGAGTTCGAATTCATAACTGTTTGAATTGTGTAATCTCCAATTATTGACATTG
GTAACCGACCCAAAAGCAATTTGATTGTAATTCGAATTCGTGACGATCAGAAGTAGAAAGTTTCATATTCTTC
AGTCATTGATAAACAGTTTGTGGACAATACTCGACACAATACCACAAAATATACAGACCCCAAAATCA
ATACTATAATTAAGCAATTGTTTTTTTTAATATCTCTTTCAAATCTCCAATCAACAACGGGTAGAT

>gi|340804027|gb|JF745753.1| Phoenix canariensis voucher S. Barrow 75
(K) NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 6 (ndhG) and NADH-
plastoquinone oxidoreductase subunit I (ndhI) genes, partial cds;
chloroplast

ACGGAAGATAAAAAATCTGTTGATAAATGAATCCCAATTTGTTGAATGTTACTTATTAGGTCCTGTTCTAT
AATCTGGCTTGATCTTGTAGTCCAAAAAATCCCGTACCATGACGTATCTGGGATAATAGTAATTAGTGAA
AAAAGAATACTTGTACAAACAGTGAAGTAACCCCATCTCCAATGGTCCAAAAATAGGAATCATTGGAAT
ATTCTGAACCATTCATGAACATTACAGCAAATATGATTAAGACATTTATGGCTCCAACATAAATAAGGAG
CTGCGCGGCAGCTACAAAATAGGAATTCGATAGAATATAGAATAAGGATATACAACAAGAACCAATCCC
AACGAAAAGGCAGAAAAAATGGGATTGGTAAGTAATACTACTCCCAGACCTCCTAATACAAGAACTAATC
CAAAAAATACTACAAGAATATCATGTATTGGTCCAGGTAAATCCATTATTAAAATGATAAATTAATAAAT
AAGTCGAAATATTTTCATGACCTTACTGAATGGTCCAGGAAAGGAAAGGGGTTACCCCTTTTTTTTTCTTG
TATATGATACATTCCTAATTGAATTAAAACTTTTTTTTTATATGGATTAATGTAGATATAGATAAAATAT
CGAGAAAAAGAGTAATGGGGATTATATATTTTCGAAATCATCACGAAAAATATATTTCTCAGTTTAAATCAA
GAATAATTCTCAACAATCAATAATTATTAGTTATTATTTGTAGTTACTGACCAAACAAAAAATAAAGAGC
TTGGGTCTTTTATATCAAACAATACTTAGTAATTGGTAATCGTTCTTGAATCAAAGGGTTTATCTTTG
TCTATTTTGTATTTGAGTTCGAATTCATAACTGTTTGAATTGTGTAATCTCCAATTATTGACATTGGTAACC
GACCCAAAGCGATTTGATTATAATTCAATTCGTGACGATCAGAAGTAGAAAGTTTCATATTCTTCAGTCAT
TGATAAACAGTTTGTGGACAATACTCGACACAATACCACAAAATATACAGACCCCAAAATCAATACTA
TAATTAAGCAATTGTTTTTTTTAATATCTCTTTCAAATCTCCAATCAACAACGGGTAGAT

>gi|340804030|gb|JF745754.1| Phoenix dactylifera voucher S. Barrow 77
(K) NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 6 (ndhG) and NADH-
plastoquinone oxidoreductase subunit I (ndhI) genes, partial cds;
chloroplast

ACGGAAGATAAAAAATCTGTTGATAAATGAATCCCAATTTGTTGAATGTTACTTATTAGGTCCTGTTCTAT
AATCTGGCTTGATCTTGTAGTCCAAAAAATCCCGTACCATGACGTATCTGGGATAATAGTAATTAGTGAA
AAAAGAATACTTGTACAAACAGTGAAGTAACCCCATCTCCAATGGTCCAAAAATAGGAATCATTGGAAT
ATTCTGAACCATTCATGAACATTACAGCAAATATGATTAAGACATTTATGGCTCCAACATAAATAAGGAG
CTGCGCGGCAGCTACAAAATAGGAATTCGATAGAATATAGAATAAGGATATACAACAAGAACCAATCCC

AACGAAAAGGCAGAAAAAATGGGATTGGTAAGTAATACTACTCCCAGACCTCCTAATACAAGAACTAATC
CCAAAAATACTACAAGAATATCATGTATTGGTCCAGGTAAATCCATTATTTAAAATGATAAAATTAATAAAT
AAGTCGAAATATTTTCATGACCTTACTGAATGGTCCAGGAAAAGGGGTTACCCCTTTTTTTTTTCTT
GTATATGATACATTCCTAATTGAATTAAAACCTTTTTTTTTTATATGGATTAATGTAGATATAGATAAAATTA
TCGAGAAAAAGAGTAATGGGGATTATATATTTTCGAAATCATCACGAAAAATATATTTCTCAGTTTAAATCAA
AGAATAATTTCTCAACAATCAATAATTATTAGTTATTATTTGTAGTTACTGACCAAACAAAATAAAAAGAG
CTTGGGTCTTTTATATCAAAACAAAATCTTAGTAATTGGTAATCGTTCTTGAATCAAAGGTTTATCTTT
GTCTATTTTGATTTGAGTCGAATTCATAACTGTTTGAATTGTGTAATCTCCAATTATTGACATTGGTAAC
CGACCCAAAGCGATTTGATTATAATTCAATTCGTGACGATCAGAAGTAGAAAAGTTTCATATTTCTCAGTCA
TTGATAAACAGTTTGTGGACAATACTCGACACAATTACCACAAAATATACAGACCCCAAAATCAATACT
ATAATTAAGCAATTGTTTTTTTTTAAATATCTCTTTCAAATCTCCAATCAACAACGGGTAGAT

1.2 Região rbcL_accD

>gi|340803791|gb|JF745643.1| *Astrocaryum murumuru* voucher A. Perez 718
(CAY) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit
(rbcL) and acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase beta (accD)
genes, partial cds; chloroplast

ATGATTCCGTACTACAGTTTGGCGGAGGAACCTTAGGACACCCTTGGGGAAATGCACCCGGTGCAGTAGC
TAATCGGGTTTCTTTAGAAGCGTGTGTACAAGCTCGTAATGAAGGACGTGATCTTGCTCGTGAAGGTAAT
GAAATTATCCGTGAAGCTAGCAAATGGAGCCCTGAACTAGCTGCCGCTTGTGAAGTATGGAAGGAGATCA
AATTCGAATTCGAACCAGTAGATAAGCTGGATCAATGAAGAGATAAAAATAAGCGTGCATAATTCAGTAAT
TCCTGTTTGTCTTTTAATTGATTGCAATTAACTCGGCCCAATCTTTTCCATAAAAAAAGGATTGAGC
CGAACCGAATAAAAATAAGAATGAGCATCCTATACTATGTATTTGGTATTTGCATATATCTCTCATATGT
ACAGACCTTACTTATTTACTTATTTACTTACCTATTTTCCATACATAAGATCTAAATACAAGATAAGAT
CGAAGACTAAACAACCTCAATACTTCTATAACTCAATACTTCTATTGTTTATTGTTGAATCCATAATTAAT
CCTATGGATCTTGGGGTGTGGATCGTTTTATATCCCGTAGTTTCAGGCTATAGATCAAGCCAAAGGAG
GGGCTCTTTCTACCCATCCTGTATATTGTCTTTTCTTTCCGTGTCCGAATAGAACTTATTATTTGATTA
TACGATACAAGATTATACGAGAACGAATTCCTTATTTATAGGAAGAAACAACATTTTTCTTTTCGATGA
GAATTTGTAGTACATGACATGAGAGAAACCTGTCTTTATATTTTAAATTGAGAAAAAGATTCTATCAAT
ATATTGAAGTGATACTTTGGACTCCCCCCCCAAAAAATCAGTACTTTCAATACTCACTTGTACGTTATT
GTAATCTTATTAGTTAACAATTTTAAATGATTGGATTTCATATGCTTAATTCCTGATAGGAAATAAAATAGT
AAAACGATTATTCATGGAATGACTATTCATCTATTGTATTTTTCATCAAATAGGGGGCAAGAAGACTCTAT
GGAAAAATGGTGGTTCAATTCGATGTTGTCTAACGATAAGTTAGAACATAGGTGTGGACTAAATAAATCA
ATGGATAGTCTTGATGCTATTGGACATACCAGTGGAAAGTGAAGAACCATTCTAAATGGTACGGAGAAAA
ACATTCCTAGTCGGAGTAGATAGTGGCAGTTTATAGTTTTAGAAAATGTTGATTATTTATTTGATATCAGGGA
TATTTGGAGTTTGTATCTCTGATGACACTTTTTTTAGTTAGGGATAGTAATGGTGACAGTTTTCTGTGA

>gi|340803788|gb|JF745642.1| *Astrocaryum scopatum* voucher F. Kahn 2563
(P) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit
(rbcL) and acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase beta (accD)
genes, partial cds; chloroplast

ATGATTCCGTACTACAGTTTGGCGGAGGAACCTTAGGACACCCTTGGGGAAATGCACCCGGTGCAGTAGC
TAATCGGGTTTCTTTAGAAGCGTGTGTACAAGCTCGTAATGAAGGACGTGATCTTGCTCGTGAAGGTAAT
GAAATTATCCGTGAAGCTAGCAAATGGAGCCCTGAACTAGCTGCCGCTTGTGAAGTATGGAAGGAGATCA
AATTCGAATTCGAACCAGTAGATAAGCTGGATCAATGAAGAGATAAAAATAAGCGTGCATAATTCAGTAAT
TCCTGTTTGTCTTCTAATTGATTGCAATTAACTCGGCCCAATCTTTTCCATAAAAAAAGGATTGAGC
CGAACCGAATAAAAATAAGAATGAGCATCCTATACTATGTATTTGGTATTTGCATATATCTCTCATATGT
ACAGACCTTACTTATTTACTTATTTACTTATTTACTTACCTATTTTCCATACATAAGATCTAAATACAA
GATAAGATCGAAGACTAAACAACCTCAATACTTCTATAACTCAATACTTCTATTGTTTATTGTTGAATCCA
TAATTAATCCTATGGATCTTGGGGTGTGGATCATTTTTATATCCCGTAGTTTCAGGCTATAGATCAAGC
CAAAGGAGGGGCTCTTTCTACCCATCCTGTATATTGTCTTTTCTTTCCGTGTCCGAATAGAACTTATTA
TTTGATTATACGATACAAGATTATACGAGAACGAATTCCTTATTTATAGGAAGAAACAACATTTTTCTT
TTCGATGATAATTTGTAGTACATGACATGAGAGAAACCTGTCTTTTATATTTTTTAAATTGAGAAAAAGATT
CTATCAATATATTGAAGTACTTTGGACTCCCCCCCCAAAAAATCAGTACTTTTCAATACTCACTTGTGTTA
CGTTATTGTAATCTTATTAGTTAACAATCTTAAATGATTGGATTTCATATGCTTAATTCCTGATAGGAAATA
AAATAGTAAAAATGATTATTCATGGAAAGACTATTCATCTATTGTATTTTTCATCAAATAGGGGGCAAGAAG
ACTCTATGAAAAATGGTGGTTCAATTCGATGTTGTCTAACGATAAGTTAGAACATAGGTGTGGACTAAA
TAAATCAATGGATAGTCTTGATGCTATTGGACATACCAGTGGAAAGTGAAGAACCATTCTAAATGGTACG

GAGAAAAACATTCCCTAGTCGGAGTGATAGTGGCAGTTATAGTTTCAGAAATGTTGATTATTTATTTGATA
TCAGGGATATTTGGAGTTTGATCTCTGATGACACTTTTTTTAGTTAGGGATAGTAATGGTGACAGTTTTCT
GTA

>gi|340803776|gb|JF745638.1| Ceroxylon echinulatum voucher F.
Borchsenius 647 (AAU) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit (rbcL) and acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase
beta (accD) genes, partial cds; chloroplast
ATGATTCCGTACTACAGTTTGGCGGAGGAACTTTAGGACACCCCTGGGGAAATGCACCCGGTGCAGTAGC
TAATCGGGTGGCTTTAGAAAGCGTGTGTACAAGCTCGTAATGAAGGACGTGATCTTGCTCGTGAAGGTAAT
GAAATTATCCGTGAAGCTAGCAAATGGAGCCCTGAACTAGCTGCCGCTTGTGAAGTTTGGGAAGGAGATCA
AATTCGAATTCGAACCAGTAGATAAGCTGGATAAAATAGATAAAAATAAGCGTGCATAATTCAGTAATTCCT
GTTTGTCTTCTAATTTGATTGCAATTAACTCGGCCAATCTTTTCCATAAAAAAAGGATTGAGCCGAAC
CGAATAAAAATAAAGAAATGAGCATCCTATACTATGTATTTGCATATATCTCTCATATGTACAGACCTTACT
TATTTACTTACCTATTTTCTTATACATAAGATCTAAATACAAGATAAGATCGAAGACTAAACAACCTCAAT
ACTTCTATAACTCAATACTTCTATTGTTTATTGTTGAATCCATAATTAATCCTATGGATCTTGGGATTGT
TGGATCATTTTATATCCCGTAGTTTCAGGCTATAGATCAAGCCAAAGGAAGGGCTCTTCTACCCATCCT
GTATATTGTCTTTTCTTTCCATGTCGGAATAGAACTTATTATTTGATTATACGATACAAGATTATACGA
GAACGAATCTTTATTTATAGGAAGAAACAACCTATTTTTCTTTTCGATGAGAATTTGTAGTACATGACAT
GAGAGAAACCTGTCTTTATATTTTTTAATTGAGAAAAAGATTCTATCAATATATTGAAGTGATACTTTGG
ACCCCCCCCCAAAAAAAATCATTTCTTTCAATACTCACTTGTTACGTTATTGTTATCTTATTAGTTAA
CAATCTTAATGATTGGATTTCATATGCCTTAATTCCTGATAGGAAATAAAATAGTAAAATGATTATTCATGG
AATGACTATTCATCTATTGTATTTTCATCAAATAGGGGGCAAGAAGACTCTATGGAAAAATGGTGGTTCA
ATTTCGATGTTGTCTAACGATAAGTTAGAACATAGGTGTGGACTAAATAAATCAATGGATAGTCTTGATGC
TATTGGACATAACCAGTGGAAGTGAAGAACCATTCTAAATGGTACGGAGAAAAACATTCCTAGTCGGAGT
GATAGTGGCAGTTATAGTTTCAGAAATGTTGATTATTTATTTGATATCAGGGATATTTGGAGTTTGATCT
CTGATGACATTTTTTTAGTTAGGGATAGTAATGGTGACAGTTTTCTATA

>gi|340803779|gb|JF745639.1| Ceroxylon echinulatum voucher F.
Borchsenius 639 (AAU) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit (rbcL) and acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase
beta (accD) genes, partial cds; chloroplast
ATGATTCCGTACTACAGTTTGGCGGAGGAACTTTAGGACACCCCTGGGGAAATGCACCCGGTGCAGTAGC
TAATCGGGTGGCTTTAGAAAGCGTGTGTACAAGCTCGTAATGAAGGACGTGATCTTGCTCGTGAAGGTAAT
GAAATTATCCGTGAAGCTAGCAAATGGAGCCCTGAACTAGCTGCCGCTTGTGAAGTTTGGGAAGGAGATCA
AATTCGAATTCGAACCAGTAGATAAGCTGGATAAAATAGATAAAAATAAGCGTGCATAATTCAGTAATTCCT
GTTTGTCTTCTAATTTGATTGCAATTAACTCGGCCAATCTTTTCCATAAAAAAAGGATTGAGCCGAAC
CGAATAAAAATAAAGAAATGAGCATCCTATACTATGTATTTGCATATATCTCTCATATGTACAGACCTTACT
TATTTACTTACCTATTTTCTTATACATAAGATCTAAATACAAGATAAGATCGAAGACTAAACAACCTCAAT
ACTTCTATAACTCAATACTTCTATTGTTTATTGTTGAATCCATAATTAATCCTATGGATCTTGGGATTGT
TGGATCATTTTATATCCCGTAGTTTCAGGCTATAGATCAAGCCAAAGGAAGGGCTCTTCTACCCATCCT
GTATATTGTCTTTTCTTTCCATGTCGGAATAGAACTTATTATTTGATTATACGATACAAGATTATACGA
GAACGAATCTTTATTTATAGGAAGAAACAACCTATTTTTCTTTTCGATGAGAATTTGTAGTACATGACAT
GAGAGAAACCTGTCTTTATATTTTTTAATTGAGAAAAAGATTCTATCAATATATTGAAGTGATACTTTGG
ACCCCCCCCCAAAAAAAATCATTTCTTTCAATACTCACTTGTTACGTTATTGTTATCTTATTAGTTAA
CAATCTTAATGATTGGATTTCATATGCCTTAATTCCTGATAGGAAATAAAATAGTAAAATGATTATTCATGG
AATGACTATTCATCTATTGTATTTTCATCAAATAGGGGGCAAGAAGACTCTATGGAAAAATGGTGGTTCA
ATTTCGATGTTGTCTAACGATAAGTTAGAACATAGGTGTGGACTAAATAAATCAATGGATAGTCTTGATGC
TATTGGACATAACCAGTGGAAGTGAAGAACCATTCTAAATGGTACGGAGAAAAACATTCCTAGTCGGAGT
GATAGTGGCAGTTATAGTTTCAGAAATGTTGATTATTTATTTGATATCAGGGATATTTGGAGTTTGATCT
CTGATGACATTTTTTTAGTTAGGGATAGTAATGGTGACAGTTTTCTATA

>gi|340803782|gb|JF745640.1| Phoenix canariensis voucher S. Barrow 75
(K) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit
(rbcL) and acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase beta (accD)
genes, partial cds; chloroplast
ATGATTCCGTACTACAGTTTGGCGGAGGAACTTTAGGACACCCTTGGGGAAATGCACCCGGTGCAGTAGC
TAATCGGGTGGCTTTAGAAGCGTGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGTGATCTTGCTCGTGAAGGTAAT
GAAATTATCCGTGAAGCTAGCAAATGGAGCCCTGAACTAGCTGCCGCTTGTGAAGTATGGAAGGCGATCA
AATTGGAATTCGAACCAGTGGATAAGCTGGATAAAATAGATAAAAATAAGCGTGCATAAATTCAGTAATTCCT
GTTTGTCTTCTAATTGATTGCAATTAAACTCGGCCAATCTTTTCCATAAAAAAAGGATTGAGCCGAA
CCGAATAAAAATAAAGAATGAGCATCCTATACTATGTATTTGCATATATCTCTCATATGTACAGACCTTAC
TTATTTACTTACCTATTTTCCATACATAAGATCTAAATACAGGATAAGATCGAAGACTAAACAACCTCAA
TACTTCTATAACTCAATACTTATATTGTTTATTGTTGAATCCATAATTAATCCTATGGATCTTGGGATTG
TTGGATCATTTTATATAACCGTAGTTTCAGGCTATAGATCAAGCCAAAGGAAGGGCTCTTTCTACCCATCC
TGTATATTGTCTTTTCTTTCCATGTTCGGAATAGAACTTATTATTTGATTATACGATACAAGATTATACG
AGAACGAATTCTTTATTTATAGAAAAGAAACAACCTATTTTTCTTTTCGATGAGAATTTGTAGTACATGACA
TGAGAGAAAACCCGTCTTTATATTTTTTAATTGAGAAAAAGATTCTATCAATATATTGAAGTGATACTTTG
GACCCCCCCCCCCCCCAAAAAAAAAAATCATTTCTTTCAATACTCACTTGTACGTTATTGTATCTTTA
TTAGTTAACAATCCTAATGATTGGATTCATATGTTTAAATTCCTGATAGGAAATAAAAATAGTAAAATGATT
ATTCATGGAATGACTATTCATCTATTGTATTTTCATCAAATAGGGGGCAAGAAGACTCTATGGAAAAATG
GTGGTTCAATTCGATGTTGTCTAACGATAAGTTAGAGCATAGGTGTGGACTAAATAAATCAATGGATAGT
CTTGATGCTATTGGGCATACCAGTGGAAAGTGAAGAACCATTCTAAATGGTACGGAGAAAAACATTCCTA
GTCGGAGTGATAGTGGCAGTTATAGTTTCAGAAAATGTTGATTATTTATTTGATATCAGGGATATTTGGAG
TTTGATCTCTGATGACACTTTTTTAGTTAGGGATAGTAATGGTGACAGTTTTCCGTA

>gi|340803785|gb|JF745641.1| Phoenix dactylifera voucher S. Barrow 77
(K) ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit
(rbcL) and acetyl-CoA carboxylase carboxyl transferase beta (accD)
genes, partial cds; chloroplast
ATGATTCCGTACTACAGTTTGGCGGAGGAACTTTAGGACACCCTTGGGGAAATGCACCCGGTGCAGTAGC
TAATCGGGTGGCTTTAGAAGCGTGTGTACAAGCTCGTAATGAGGGACGTGATCTTGCTCGTGAAGGTAAT
GAAATTATCCGTGAAGCTAGCAAATGGAGCCCTGAACTAGCTGCCGCTTGTGAAGTATGGAAGGCGATCA
AATTGGAATTCGAACCAGTGGATAAGCTGGATAAAATAGATAAAAATAAGCGTGCATAAATTCAGTAATTCCT
GTTTGTCTTCTAATTGATTGCAATTAAACTCGGCCAATCTTTTCCATAAAAAAAGGATTGAGCCGAA
CCGAATAAAAATAAAGAATGAGCATCCTATACTATGTATTTGCATATATCTCTCATATGTACAGACCTTAC
TTATTTACTTACCTATTTTCCATACATAAGATCTAAATACAGGATAAGATCGAAGACTAAACAACCTCAA
TACTTCTATAACTCAATACTTATATTGTTTATTGTTGAATCCATAATTAATCCTATGGATCTTGGGATTG
TTGGATCATTTTATATAACCGTAGTTTCAGGCTATAGATCAAGCCAAAGGAAGGGCTCTTTCTACCCATCC
TGTATATTGTCTTTTCTTTCCATGTTCGGAATAGAACTTATTATTTGATTATACGATACAAGATTATACG
AGAACGAATTCTTTATTTATAGAAAAGAAACAACCTATTTTTCTTTTCGATGAGAATTTGTAGTACATGACA
TGAGAGAAAACCCGTCTTTATATTTTTTAATTGAGAAAAAGATTCTATCAATATATTGAAGTGATACTTTG
GACCCCCCCCCCCCCCAAAAAAAAAAATCATTTCTTTCAATACTCACTTGTACGTTATTGTATCTTTA
TTAACAATCCTAATGATTGGATTCATATGTTTAAATTCCTGATAGGAAATAAAAATAGTAAAATGATTATTC
ATGGAATGACTATTCATCTATTGTATTTTCATCAAATAGGGGGCAAGAAGACTCTATGGAAAAATGGTGG
TTCAATTCGATGTTGTCTAACGATAAGTTAGAGCATAGGTGTGGACTAAATAAATCAATGGATAGTCTTG
ATGCTATTGGGCATACCAGTGGAAAGTGAAGAACCATTCTAAATGGTACGGAGAAAAACATTCCTAGTTCG
GAGTGATAGTGGCAGTTATAGTTTCAGAAAATGTTGATTATTTATTTGATATCAGGGATATTTGGAGTTTG
ATCTCTGATGACACTTTTTTAGTTAGGGATAGTAATGGTGACAGTTTTCCGTA