

AVALIAÇÃO DA TRANSFERIBILIDADE PARA *EUTERPE PRECATORIA* DEMARCADORES MICROSSATÉLITES DESENVOLVIDOS PARA *EUTERPE EDULIS*

Hellen Sandra Freires da Silva Azevedo^[1]; Polinar Bandeira Rufino^[2]; Lídia do Nascimento Cavalcante^[3]; José Marlo Araújo de Azevedo^[4]; Lucia Helena de Oliveira Wadt^[5]; Tatiana de Campos^[6]

[1] FUNDACAO OSWALDO CRUZ - *Campus* Rondônia

[2] UNIAO EDUCACIONAL DO NORTE LTDA - *Campus* REITORIA

[3] FUNDACAO UNIVERSIDADE FEDERAL DO ACRE - *Campus* REITORIA

[4] INSTITUTO FEDERAL DO ACRE - *Campus* CRUZEIRO DO SUL

[5] EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA - *Campus* Embrapa

[6] EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA - *Campus* Embrapa Acre

Conforme ICMBio nº 03/2014: Protocolo 50570

Palavras-chave: *Arecaceae*

Licença:



Resumo

Euterpe precatoria, conhecido popularmente como açai-solteiro apresenta potencial agrônomico, tecnológico e econômico e vem ganhando destaque pela comercialização de seus frutos. A produção desse açazeiro está baseada no extrativismo e por isso práticas de manejo têm sido recomendadas para uma coleta sustentável. Para se recomendar taxas sustentáveis de coleta dos frutos, é fundamental se ter informações sobre a variabilidade genética das populações naturais. O açazeiro apresenta grande importância, devido à crescente demanda por seus frutos nos mercados consumidores: local, regional e nacional. Esta crescente procura, faz com que seja incentivado estudos de diversidade e estrutura genética de populações de açazeiros nativos, visando a conservação, uma vez que, na atualidade, a comercialização do produto é feita, quase exclusivamente do extrativismo, refletindo assim o pouco conhecimento genético das populações. O objetivo deste estudo foi avaliar a transferibilidade de locos microssatélites da espécie *Euterpe edulis* para *Euterpe precatoria* a fim de confirmar a aplicabilidade destes marcadores em estudos genéticos. Foram analisados 18 locos microssatélites desenvolvidos para *E. edulis* utilizando 20 indivíduos de duas populações naturais (Formoso e Novo Segredo) de *E. precatoria* coletados na reserva indígena Kaxinawá de Nova Olinda, Feijó-Acre. Todos os locos (100%) amplificaram e nove destes (50%) foram polimórficos. Observou-se um total de 29 alelos na população Novo Segredo e 27 alelos na população Formoso, variando de dois a cinco alelos por loco, com média de três alelos/loco. A heterozigosidade esperada na população Formoso variou entre 0,100 e 0,668, com média de 0,421. Na população Novo Segredo houve variação entre 0,100 e 0,710, com média de 0,418. Os valores de heterozigosidade observada variaram entre 0,100 e 0,800, com médias de 0,333 e 0,267 para Formoso e Novo Segredo, respectivamente. Os marcadores microssatélites relatados tornam-se ferramentas fundamentais para estudos em genética de população do açazeiro *E. precatoria*, pois desempenham um papel importante no aumento do conhecimento da variabilidade genética da espécie. Este conjunto de marcadores servirão de suporte para futuros estudos de caracterização molecular das populações naturais de *E. precatoria*, auxiliando na definição de estratégias de conservação, manejo e melhoramento genético para esta espécie. Este conjunto de marcadores servirão de suporte para futuros estudos de caracterização molecular das populações naturais de *E. precatoria*, auxiliando na recomendação de práticas de manejo sustentável e também de estratégias para a conservação e melhoramento genético desta espécie.

Introdução

Euterpe precatoria é uma espécie amplamente distribuída pela América Central e norte da América do Sul, especialmente na Amazônia Central e Ocidental (HENDERSON, 1995). Destaca-se entre os diversos recursos genéticos da região amazônica pela sua abundância e produção de frutos (STEEGE et al., 2013).

Esta espécie apresenta potencial agrônomo, tecnológico e econômico e vem ganhando destaque pela comercialização de sua polpa, o “suco de açaí”, o qual possui uma série de qualidades nutricionais (YUYAMA et al., 2011; YAMAGUCHI et al., 2015). Entretanto, a exploração de seus frutos é feita de forma extrativista, o que pode gerar declínio nas populações naturais e consequentemente à redução de variabilidade genética. Dessa maneira, a caracterização genética de populações exploradas poderá auxiliar no desenvolvimento e recomendação de práticas de manejo sustentáveis.

Devido às suas características genéticas, os microssatélites apresentam-se como marcadores ideais para estudos de variabilidade genética em populações naturais de plantas. Isso deve-se, principalmente, ao fato de serem altamente polimórficos, multialélicos e codominantes (KALIA et al., 2011; FORTES et al., 2016).

Problemática

O açaizeiro apresenta grande importância, devido à crescente demanda por seus frutos nos mercados consumidores: local, regional e nacional. Esta crescente procura, faz com que seja incentivado estudos de diversidade e estrutura genética de populações de açaizeiros nativos, visando a conservação desse recurso genético, uma vez que, na atualidade, a comercialização do produto é feita, quase exclusivamente do extrativismo ou semi-extrativismo, refletindo assim o pouco conhecimento genético das populações.

Pergunta(s)/Hipótese(s)

Locos microssatélites desenvolvido para *Euterpe edulis* são transferíveis para *Euterpe precatoria*.

Objetivos

Avaliar a transferibilidade, para *Euterpe precatoria*, de marcadores microssatélites desenvolvidos para *Euterpe edulis*.

Testar a transferibilidade de locos microssatélites de palmitreiro (*Euterpe edulis*) para o açaí-solteiro (*Euterpe precatoria*);

Verifica a aplicabilidade destes marcadores para estudos genéticos com *Euterpe precatoria*.

Justificativa

O açaizeiro é uma palmeira de origem amazônica tendo grande importância cultural, econômica e social na região Norte. Destaca-se entre os diversos recursos biológicos da Amazônia pela sua abundância e por produzir um importante alimento para a população local: “suco de açaí”.

As intensificações da exploração dos frutos do açaizeiro podem resultar efeitos negativos sobre as populações da espécie *E. precatoria*, como a perda da diversidade genética. Estudos visando avaliar os processos de exploração em termos de conhecer a distribuição da variabilidade genética tornam-se imprescindíveis. A avaliação da variabilidade genética em populações naturais de açaí-solteiro por marcadores SSR poderá auxiliar o direcionamento adequado de exploração de seus frutos, por meio de técnicas de manejo.

Referencial teórico/Estado da arte

O uso de marcadores microssatélites requer o desenvolvimento prévio de locos. Atualmente, não existem

locos microssatélites para *E. precatória*. A conservação de sítios de microssatélites entre espécies relacionadas torna possível, a transferência destes para outras espécies (GUPTA et al., 2001; GUIDUGLI et al., 2010; SANTOS et al., 2011; CARMO et al., 2015; AZÊVEDO et al., 2016; FAGUNDES et al., 2016). Até o momento, existem disponíveis 18 locos SSR desenvolvidos para *Euterpe edulis* e sete deles mostraram-se amplificáveis e polimórficos para *E. oleracea* (GAIOTTO et al., 2001; OLIVEIRA et al., 2010).

O sucesso da transferibilidade de locos SSR entre espécies têm sido observadas em outras palmeiras. Microssatélites desenvolvidos para tucumã (*Astrocaryum aculeatum*) apresentaram taxa de transferibilidade entre 50% a 93% para quatro espécies do mesmo gênero (*A. acaule*; *A. jauari*; *A. murumuru* e *A. vulgare*) e para duas de gêneros distintos (*Bactris gasipaes* e *E. precatória*) (RAMOS et al., 2012). Fortes et al. (2016) obtiveram 75% de transferibilidade quando aplicaram locos SSR desenvolvidos para as espécies de tucumã (*A. aculeatum*) e pupunheira (*B. gasipaes*) para o genoma de *A. vulgares*. No estudo utilizando locos SSR de coco (*Cocus nucifera*) para butiá (*Butia odorata*) foram observados 40% de transferibilidade (MISTURA et al., 2012).

Materiais e Métodos/Metodologia

Foram coletados folíolos maduros de 20 indivíduos de *E. precatória* de duas populações naturais: Novo Segredo e Formoso. Foram analisados 10 indivíduos por população, as populações estão situadas na reserva indígena Kaxinawá de Nova Olinda, Feijó-Acre.

O DNA genômico total foi extraído de acordo com o protocolo de Doyle e Doyle (1990) com modificações. Foi utilizado 100 mg de tecido foliar por amostra. O DNA extraído foi quantificado em gel de agarose (1%) através da comparação de padrões de DNA do fago λ , visualizados por meio de luz UV e fotografados.

Nas reações de amplificação foram testados 18 locos microssatélites desenvolvidos para *E. edulis* (GAIOTTO et al., 2001). As reações foram feitas contendo: 5 ng de DNA genômico; 10 mM Tris-HCl, 50 mM KCl; 0,25 mM de cada dNTP; 0,25 mg/mL de BSA (Albumina Sérica Bovina); 2,0 mM MgCl₂; 0,2 μ M de cada iniciador e 1 U de Taq DNA polimerase e água ultrapura estéril.

As amplificações foram realizadas em termociclador (AnalitikJena), e para verificar a temperatura específica de anelamento de cada loco foi realizada amplificação com gradiente de 12 temperaturas (45,0; 45,8; 46,8; 48,2; 50,2; 52,1; 53,6; 55,4; 57,3; 58,5; 59,4; e 60 °C) com uma amostra. Locos que não apresentaram padrão satisfatório de amplificação neste intervalo foram submetidos a testes com temperaturas de 61 e 62 °C.

Após a identificação da temperatura de anelamento específica, as amostras foram submetidas às seguintes etapas de amplificação: 94°C por 1 minuto, seguido de 30 ciclos de 94°C por 1 minuto, temperatura de anelamento definida para cada iniciador por 1 minuto e 72°C por 1 minuto, seguida de uma fase final de extensão a 72°C por 5 minutos. Para a avaliação do produto da PCR as amostras foram submetidas a eletroforese em gel de agarose (3%).

Após a amplificação, os fragmentos de DNA foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida (5%). A coloração do gel foi realizada utilizando-se nitrato de prata (CRESTE et al., 2001). A interpretação dos fragmentos amplificados foi realizada por meio de comparação com marcador de peso molecular padrão (10 pb ladder – Life Technologies).

A avaliação da transferibilidade foi feita conforme descrito por Fortes et al. (2016) com base em três critérios: amplificação dos locos, nitidez das bandas e ausência de produtos secundários (bandas inespecíficas). Os locos polimórficos foram caracterizados quanto ao número de alelos por locos (*A*), heterozigosidade esperada (*HE*) e observada (*HO*), conteúdo de polimorfismo (*PIC*) para cada loco e a média de todos os locos, utilizando o software TFPGA versão 1.3 (MILLER, 1997). Verificou-se também a presença de alelos nulos utilizando o programa MICRO-CHECKER 2.2.3 (OOSTERHOUT et al., 2004).

Resultados e Discussões

Dos 18 locos microssatélites desenvolvidos para a espécie *E. edulis* testados, 100% amplificaram nos 20

genótipos analisados de *E. precatoria* das populações Formoso e Novo Segredo (Tabela 1 e Figura 2).

Loco	TA (°C)	Tamanho dos fragmentos (pb)	Formoso (N=10)				Novo Segredo (N=10)				GenBank
			A	H _E	H _O	PIC	A	H _E	H _O	PIC	
*EE2	55,4	87-90	2	0,100	0,100	0,095	2	0,100	0,100	0,095	AF32887
*EE8	50,2	120-143	4	0,647	0,400	0,615	4	0,363	0,200	0,345	AF32887
*EE32	55,4	195-215	5	0,568	0,500	0,540	5	0,710	0,600	0,675	AF32888
*EE41	45,8	124-127	2	0,189	0,200	0,180	4	0,489	0,200	0,465	AF32888
*EE45	57,3	108-110	4	0,668	0,400	0,635	3	0,694	0,400	0,660	AF32888
*EE47	45,8	270-278	2	0,505	0,800	0,480	4	0,552	0,300	0,525	AF32887
*EE52	53,6	205-210	3	0,568	0,200	0,540	2	0,336	0,400	0,320	AF32888
*EE54	50,2	114-126	3	0,278	0,100	0,265	3	0,415	0,100	0,395	AF32887
*EE59	50,2	108-122	2	0,268	0,300	0,255	2	0,100	0,100	0,095	AF32888
EE3	50,2	190	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32888
EE5	46,8	120	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32888
EE9	62,0	120	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32888
EE15	55,4	140	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32887
EE23	57,3	110	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32887
EE25	55,4	145	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32887
EE43	46,8	110	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32888
EE48	45,8	240	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32887
EE63	46,8	90	1	-	-	-	1	-	-	-	AF32888
Total			27	-	-	-	29	-	-	-	-
Média			3,0	0,421	0,333	0,401	3,2	0,418	0,267	0,397	

Figura 1 - Características de 18 marcadores microssatélites heterólogos para *Euterpe precatoria*. **Fonte:** AZEVEDO, H.S.F.S (2018). **Nota:** *Locos polimórficos; TA (°C): Temperatura de anelamento; pb: pares de bases; A: número total de alelos por loco; H_E: heteroziguidade esperada; H_O: heteroziguidade observada; PIC: conteúdo informativo do polimorfismo.

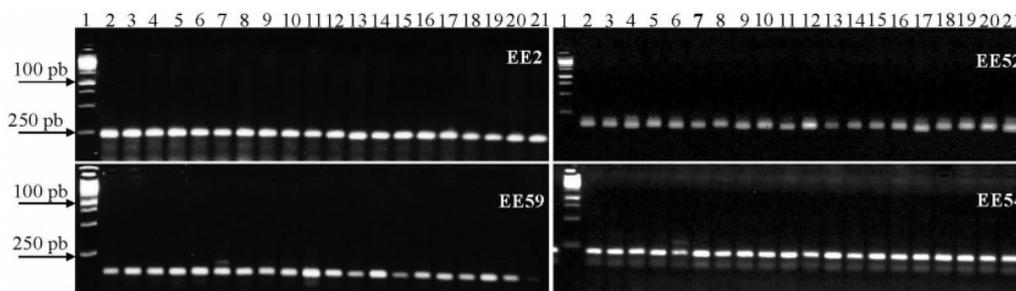


Figura 2 - Eletroforese de gel de agarose de DNA de *Euterpe precatoria* amplificado com quatro locos microssatélite (EE2; EE52; EE59 e EE54). Coluna 1: marcador (1 kb Fermentas®); Colunas 2-11: amostras de DNA da população Formoso; Colunas 12-21: amostras de DNA da p. **Fonte:** AZEVEDO, H.S.F.S (2018).

Este resultado foi superior ao obtido por Gaiotto et al. (2001) que ao utilizarem os mesmos locos na espécie *E. oleracea*, obtiveram sucesso de amplificação de apenas sete locos dos 18 locos testados. Desse conjunto de locos, apenas dez (EE3; EE8; EE9; EE23; E25; EE32; EE41; EE45; EE47 e EE48) apresentaram amplificação, com a presença de produtos secundários. Embora, os locos tenham apresentados produtos inespecíficos, todos foram analisados, afim de verificar a presença de polimorfismo.

Houve variação de temperatura de anelamento entre os locos testados (Tabela 1).

Os locos EE41 e EE48 apresentaram os menores valores de temperatura (45,8 °C) e o loco EE9 apresentou a maior temperatura de anelamento (62,0 °C). Todas as temperaturas observadas no presente estudo diferiram das temperaturas originais utilizadas por Gaiotto et al. (2001) que variaram de 48 °C a 64 °C.

Resultado similar foi obtido por Oliveira et al. (2010) ao utilizarem locos SSR da espécie *E. edulis* para caracterizar a variabilidade genética de 116 acessos de *E. oleracea* da coleção de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental. Dos sete locos utilizados, cinco necessitaram de otimizar a temperatura de anelamento. Segundo os autores consideraram-nas como baixa a divergência evolutiva entre as espécies *E.*

edulis e *E. oleracea*.

Nove locos foram polimórficos (50%), cujos tamanhos variaram de 87 a 278 pares de bases (Tabela 1 e Figura 3). Este resultado foi superior ao obtido por Gaiotto et al. (2001) e Oliveira et al. (2010) quando testaram a transferibilidade dos marcadores de *E. edulis* para *E. oleracea*.

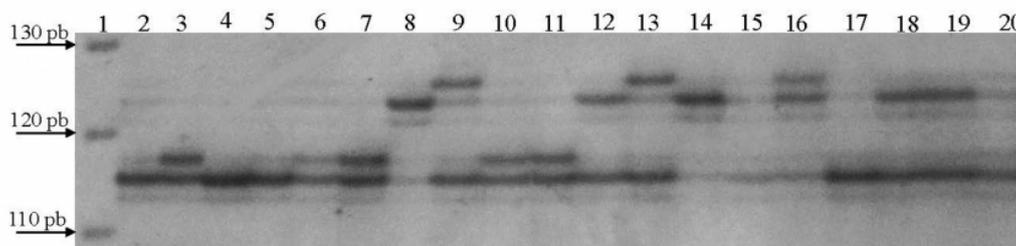


Figura 3 - Perfil do loco EE54 em gel de poliacrilamida (5%). Coluna 1: marcador (10-pb "ladder" Life Technologies). Colunas 2-11: Indivíduos da população Formoso; Colunas 12-20: amostras de DNA da população Novo Segredo. **Fonte:** AZÊVEDO, H.S.F.S (2018).

O número total de alelos observado em ambas populações foi similar, com um total de 29 alelos na população Novo Segredo e 27 alelos na população Formoso (Tabela 1). Os alelos variaram de dois a cinco alelos por loco, com média de três alelos/loco. Os locos EE8, EE45 e EE32 foram os mais polimórficos (com 4 a 5 alelos por loco) na população Formoso e os locos EE8, EE41, EE47 (com 4 a 5 alelos por loco) mais polimórficos na população Novo Segredo. Os locos com menor polimorfismo em ambas as populações foram EE2, EE59 (2 alelos por loco).

Todos os locos exibiram menor variação alélica do que observado na espécie (média=10,6) para qual foram desenvolvidos (GAIOTTO et al., 2001). Resultados similares foram observados em estudos com outras espécies quando se utilizou marcadores transferidos (GUIDUGLI et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2010).

A heterozigosidade esperada na população Formoso variou entre 0,100 e 0,668, com média de 0,421. Na população Novo Segredo houve variação entre 0,100 e 0,710, com média de 0,418. Os valores de heterozigosidade observada variaram entre 0,100 e 0,800, com médias de 0,333 e 0,267 para Formoso e Novo Segredo, respectivamente (Tabela 1). Os valores de *HO* foram maiores que *HE* em três locos na população Formoso (EE41; EE47 e EE59) e um loco na população Novo Segredo (EE52), indicando excesso de homocigotos para esses locos.

Valores intermediários de *HE* também foram observados em população de Tucumã do Amazonas, no município de Manaus, por meio de marcadores SSR (*HE* = 0,467). Os autores apontam que o baixo valor encontrado pode estar relacionado ao local de coleta, pois os materiais coletados foram provenientes de fragmento de floresta (RAMOS et al., 2012).

No caso deste estudo, pode ser que o baixo número de heterocigotos detectados nas populações analisadas esteja relacionado ao tamanho amostral, uma vez que foram analisados apenas dez indivíduos em cada população. Outro fator que pode ter influenciado na redução de heterocigotos é o baixo número de alelos, decorrente da transferibilidade dos locos. Gaiotto et al. (2001), ao utilizarem os mesmos locos que foram polimórficos no presente estudo, verificaram um valor médio de heterozigosidade observada de 0,645. No entanto, vale salientar que dentre os locos polimórficos, nenhum loco apresentou alelos nulos.

Variação no nível de polimorfismo foram encontrados entre os locos polimórficos. Na população Formoso os valores de *PIC* variaram de 0,095 a 0,635, com média de 0,401. Na população Novo Segredo os valores variaram de 0,095 a 0,675, com média de 0,397 (Tabela 1). Valores de *PIC* superiores a 0,5 foram observados em quatro locos na população Formoso e três locos na Novo Segredo. Segundo a classificação definida por Botstein et al. (1980), marcadores com valores de *PIC* superiores a 0,5 são considerados altamente informativos.

Os locos EE45 e EE59 foram os dois marcadores mais polimórficos e que apresentaram homologia com genes. Existe uma alta probabilidade de que estes locos estejam intimamente relacionados à expressão gênica e podem ser classificados como um marcador funcional informativo. O Loco EE45 apresentou o

maior valor de PIC na população de Formoso (0,635) e o segundo maior valor de PIC na população de Novo Segredo (0,660). O loco EE45 mostrou 87% de identidade com uma sequência de mRNA de *Phoenix dactylifera* serina / treonina-proteína quinase HT1-like (número de acesso GenBank XM 008797462.2).

O loco EE59 apresentou homologia com várias sequências do gene do fator de transcrição MADS box (AG1) e outras com espécies da família *Arecaceae*. Esta família de genes é altamente conservada na formação de órgãos sexuais no tecido reprodutivo (BOWMAN et al., 1989).

Entre os nove locos monomórficos, apenas um loco era homólogo a genes conhecidos. A ausência de polimorfismo provavelmente pode ser consequência de que sejam parte de fragmentos de genes conservados. O loco EE15 apresentou homologia com sequência de RNA de glutamate-rich WD repeat-containing protein 1-like in *Elaeis guineensis* and *Phoenix dactylifera*. Este gene codifica um papel importante na biogênese do ribossomo, outra região molecular altamente conservada. Estudos genômicos no gênero *Euterpe* ainda não possuem banco de dados lançado e apenas extremamente poucas sequências estão disponíveis no GenBank. Nossa pesquisa atual é baseada em 396 sequências de DNA e RNA (acessado em outubro de 2017).

A conservação de sítios que flanqueiam os microssatélites entre espécies relacionadas permite a transferência de locos, sendo que quanto maior o grau de parentesco entre as espécies, mais eficientes serão as taxas de transferibilidade (KALIA et al., 2011). Portanto, as taxas de transferibilidade encontradas neste estudo podem ser um indicativo de maior proximidade filogenética entre a espécie *E. edulis* e *E. precatória* do que *E. oleracea* (OLIVEIRA et al., 2016).

Considerações finais

Os marcadores microssatélites relatados tornam-se ferramentas fundamentais para estudos em genética de população do açaizeiro *E. precatória*, pois desempenham um papel importante no aumento do conhecimento da variabilidade genética da espécie. Este conjunto de marcadores servirão de suporte para futuros estudos de caracterização molecular das populações naturais de *E. precatória*, auxiliando na definição de estratégias de conservação, manejo e melhoramento genético para esta espécie

Apoio

Embrapa Acre pelo suporte financeiro

Agradecimento

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa da doutoranda HSFSA

Referências:

AZÊVEDO, H. S. F. S.; SOUSA, A. C. B.; MARTINS, K.; OLIVEIRA, J. C.; YOMURA, R. B. T.; SILVA, L. M.; VALLS, J. F. M.; ASSIS, G. M. L.; CAMPOS, T. Genetic diversity of the forage peanut in the Jequitinhonha, São Francisco, and Parana River valleys of Brazil.. **Genetics and molecular research**, 15 v. p. 1 - 11. 2016.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK M.; DAVIS, R. W. Construction of a genetic map in man using restriction fragment length polymorphism.. **The American Journal of Human Genetics**, 32 v. p. 314 - 331. 1980.

BOWMAN, J. L.; SMYTH, D. R.; MEYEROWITZ, E. M. Genes directing flower development in Arabidopsis.. **Plant Cell** , 1 v. p. 37 - 52. 1989.

CARMO, F. M. D. S.; POLO, E. M.; SILVA, M. A. D.; YAZBECK, G. D. M. Optimization of heterologous microsatellites in Piracanjuba.. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 50 v. p. 1236 - 1239. 2015.

CRESTE, S.; TUMANN, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphism in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining.. **Plant Molecular Biology** , 19 v. p. 299 - 306. 2001.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue.. **Focus**, 12 v. p. 13 - 15. 1990.

FAGUNDES, B. S.; SILVA, L. F.; GIACOMIN, R. M.; SECCO, D.; DÍAZ-CRUZ, J. A.; SILVA, P. R. Transferability of microsatellite markers among Myrtaceae species and their use to obtain population genetics data to help the conservation of the Brazilian Atlantic Forest.. **Tropical Conservation Science**, 9 v. p. 408 - 422. 2016.

FORTES, A. C. R.; OLIVEIRA, M. D. S. P.; OLIVEIRA, N. P.; SANCHES, E. D. N. M.; CUNHA, E. F. M. Transferibilidade de locos microssatélites desenvolvidos em outras espécies de palmeiras para *Astrocaryum vulgare* Mart.. **Revista de Ciências Agrária**, 59 v. p. 80 - 86. 2016.

GAIOTTO, F. A.; BRONDANI, R. P. V.; GRATTAPAGLIA, D. Microsatellite markers for heart of palm *Euterpe edulis* and *E. oleracea* Mart. (Palmae).. **Molecular Ecology Resource**, 1 v. p. 86 - 88. 2001.

GUIDUGLI, M. C.; ACCORONI, K. A. G.; MESTRINER, M. A.; CONTEL, E. P. B. Genetic characterization of 12 heterologous microsatellite markers for the giant tropical tree *Cariniana legalis* (Lecythidaceae).. **Genetics Molecular Biology** , 33 v. p. 131 - 134. 2010.

GUPTA, R. K.; GUPTA, M.; CHOUDHURY, P.; MANDAL, A. B. Transferability of Rice Microsatellite Primers (SSR) Across Six Major Crops.. **Advances in Life Sciences**, 5 v. p. 377 - 383. 2001.

HENDERSON, A. **The palms of the Amazon**.. Oxford: University Press, 1995.

KALIA, R. K.; RAI, M. K.; KALIA, S.; SINGH, R. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants.. **Euphytica**, 177 v. p. 309 - 334. 2011.

MILLER, M. P. **Tools for population genetic analyses (TFPGA): A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data, version 1.3**.. Phoenix: Northern Arizona University, 1997.

MISTURA, C. C.; BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; PRIORI, D. Transferibilidade de marcadores microssatélites de coco (*Cocos nucifera*) para butiá (*Butia odorata*).. **Magistra**, 24 v. p. 360 - 369. 2012.

OLIVEIRA, L. C.; OLIVEIRA, M. D. S. P.; DAVIDE, L. C.; TORRES, G. A. Karyotype and genome size in *Euterpe* Mart. (Arecaceae) species.. **Comparative Cytogenetics**, 10 v. p. 17 - 25. 2016.

OLIVEIRA, M. S. P.; SANTOS, J. B.; AMORIM, E. P.; FERREIRA, D. F. Variabilidade genética entre acessos de açaizeiro utilizando marcadores microssatélites.. **Ciências e Agrotecnologia**, 34 v. p. 1253 - 1260. 2010.

OOSTERHOUT, C. V.; HUTCHINSON, W. F.; WILLS, D. P. M.; SHIPLEY, P. Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data.. **Molecular Ecology Notes**, 4 v. p. 535 - 538. 2004.

RAMOS, S. L. F.; LOPES, M. T. G.; LOPES, R.; CUNHA, R. N. V. Determination of the mating system of Tucumã palm using microsatellite markers.. **Crop Breeding Applied biotechnology**, 11 v. p. 181 - 185. 2012.

RAMOS, S. L. F.; MACÊDO, J. L. V.; LOPES, M. T. G.; BATISTA, J. S. Microsatellite loci for tucumã of Amazonas (*Astrocaryum aculeatum*) and amplification in other Arecaceae.. **American Journal Botany**, 99 v. p. 508 - 510. 2012.

SANTOS, K. L.; DUCROQUET, J. P. H. J.; NODARI, R. O. Caracterização genética de populações naturais de goiabeira serrana (*Acca sellowiana*) com marcadores microssatélites heterólogos.. **Biotemas**, 24 v. p. 75 - 83. 2011.

STEEGE, T.; PITMAN, H.; SABATIER, N. C.; BARALOTO, D. C. Hyperdominance in the Amazonian tree flora.. **Science**, 342 v. p. 1243092. 2013.

YAMAGUCHI, L. K. K.; PEREIRA, L. F. R.; LAMARÃO, C. V.; LIMA, E. S.; VEIGA-JUNIOR, V. F. Amazon acai: Chemistry and biological activities: A review.. **Food Chemistry**, 179 v. p. 137 - 151. 2015.

YUYAMA, L. K. O.; AGUIAR, J. P. L.; SILVA FILHO, D. F.; YUYAMA K. Caracterização físico-química do suco de açaí de *Euterpe precatoria* Mart. oriundo de diferentes ecossistemas amazônicos.. **Acta Amazônica**, 41 v. p. 545 - 552. 2011.